ITEA (1996), Vol. 92A N.º 3, 57-74

MEJORA GENÉTICA DEL OVINO SEGUREÑO

M. Analla
J. M. Serradilla

Departamento de Producción Animal
E.T.S.I.A.M. Universidad de Córdoba

RESUMEN

Se han realizado simulaciones para comparar diferentes estrategias de valoración genética y selección de las ovejas Segureñas. En primer lugar, se simularon los pesos al destete de los corderos producidos durante 30 parideras consecutivas en un solo rebaño de 624 ovejas y 39 moruecos, a efectos de comparar los modelos de evaluación genética con y sin efectos maternos. En segundo lugar, se simularon tanto los pesos al destete de los corderos producidos como las prolificidades correspondientes a 21 parideras consecutivas de 6.000 ovejas, distribuidas en 20 rebaños, con los objetivos de establecer el número óptimo de hijas por macho en prueba de descendencia y elegir el criterio de selección para incrementar la cantidad de carne producida por oveja y parto. Los criterios empleados en las comparaciones fueron la s diferencias entre los valores medios de mejora de la primera y última generaciones simuladas y la evolución de los valores medios de consanguinidad. Los resultados obtenidos indicaron que: 1) Los modelos de valoración genética con y sin efectos maternos dan lugar a ganancias genéticas iguales y a incrementos similares de la consanguinidad media. 2) El máximo progreso genético se obtiene cuando se emplea un número próximo a 40 hijas por semental en prueba de descendencia. 3) El mejor criterio de selección a utilizar cuando se trata de incrementar la producción de carne por oveja, para su venta en las condiciones tradicionales del mercado del cordero Segureño, es el que se basa en la predicción del valor de mejora de la prolificidad de la oveja.

Palabras clave: Ovino, Valoración genética, Efectos maternos, Prueba de descendencia, Criterios de selección, Simulación.

SUMMARY

Different strategies for genetic evaluation and selection of Segureña ewes were compared through simulation. First, weaning weights of lambs in a single flock of 624 ewes and 39 rams were simulated through 30 consecutive lambings, in order to compare the simple breeding value model with the maternal effects model for lamb evaluation. Secondly, weaning weights of lambs and litter sizes of lambings of more than 6.000 ewes, distributed in 20 herds, were simulated during 21 consecutive lambings with the purpose to decide on the optimum number of daughter per sire of breeding values prediction and to asses selection criteria to use for metat production improvement. Differences of the average breeding values of first and last generations simulated was the criterion used in all comparison. Evolution of average inbreeding through generations was also considered. Results showed that: 1) The simple breeding value

model yields the same genetic progress and the same increase in inbreeding as the maternal effects model. 2) Maximum genetic progress for litter size is obtained when testing each sire with about 40 daughters each.3) The best selection criterion for metat production improvement in the traditional market of this breed is the predicted breeding value of litter size.

Key words: Sheep, Breeding values, Maternal effects, Progeny test, Selection criteria, Simulation.

Introducción

La raza ovina Segureña es una raza de producción cárnica, si bien, en los censos oficiales, estuvo unida a la raza Manchega (de la que procede) hasta 1987. Su área de distribución se ubica principalmente en la confluencia de las provincias de Albacete, Almería, Granada, Jaén y Murcia. Región semiárida, con vegetación rala, de tipo estepa, constituida fundamentalmente por bosque bajo o matorral: tomillo, romero, retama, esparto. Su censo fué estimado por FALAGÁN y HERNANDEZ (1992) en algo mas de 1.300.000 ovejas adultas.

Segun CRUZ (1988), el sistema de producción que predomina en la zona varía del extensivo al semi-intensivo asociado a la producción de cereales. El 60% de las explotaciones tienen menos de cinco hectáreas y el 54% de las parcelas son de menos de una hectárea. Solamente se cultiva un 49% de la superficie y el barbecho supone el 43% de la superficie labrada. Las ovejas suelen tener tres partos cada dos años en la mayor parte de las ganaderías, aunque en algunas siguen un sistema de un parto al año. Las épocas de cubrición suelen ser julio-agosto, noviembre, diciembre y abril-mayo. El tamaño de los rebaños oscila entre 60 y 500 ovejas, si bien el 51% de los rebaños tienen entre 100 y 250 ovejas adultas. La tasa de reposición oscila alrededor del 18%. En cuanto a los machos, el 70% son mayores de 18 meses y el resto son machos jóvenes y corderos de reposición. Los animales pastan todos los días en rastrojeras, barbechos o monte bajo. En épocas de escasez de pastos los animales suelen recibir un suplemento (paja, cereal o algún producto local como cáscara de almendra), sobretodo en épocas de cubrición, final de la gestación y principio de la lactación. Los corderos permanecen con sus madres hasta el destete, aproximadamente a los 45 días, pero no salen a pastar. Una vez destetados van a los lotes de engorde hasta los 90 días, edad aproximada en la que se llevan a matadero con un peso vivo medio de 24 K.

La Asociación Nacional de Criadores de Ovino Segureño (ANCOS), se encarga de la gestión de los controles de rendimiento y del Libro Genealógico. Desde el año 1992, en que se estableció el esquema de controles a través de un convenio entre esta Asociación y la Consejería de Agricultura, Pesca y Alimentación de la Junta de Andalucía, se viene realizando también un programa de valoración de sementales mediante I.A. En la actualidad hay 110 ganaderías con controles de genealogía y nacimientos, con un total de 35.000 ovejas. La I.A. se practicó en 21 ganaderías, sobre 2.000 ovejas con semen procedente de 15 machos. En el año 1995 se registraron los pesos de 3.362 corderas y 332 corderos en

54 ganaderías, incluyendo todas aquellas en las que se realizaron inseminaciones.

Desde que se puso en marcha el esquema de selección se planteó la cuestión de definir sus características: Número de machos jóvenes puestos a prueba, número de hijas para probar cada semental, criterios de selección y modelos de valoración. Algunas de estas características, como el número de sementales puestos a prueba, estaban condicionadas por las disponibilidades de espacio, de personal y el número de ganaderías que participaban en el esquema. Para definir las otras era necesario estudiar la información disponible hasta el momento y realizar simulaciones que permitieran estimar lo que podía ser la respuesta con diferentes opciones. Así, se plantearon los siguientes:

Objetivos

1. Comprobar si el modelo aditivo simple podría sustituir el modelo con efectos maternos para la valoración de los animales para crecimiento; pues el modelo aditivo simple es más fácil de implementar, además las valoraciones se harían en menos tiempo.

2. Averiguar el número idóneo de machos a valorar por descendencia, a más machos habrá menos hijas para la prueba de descendencia por macho, ya que el total no puede superar, en la actualidad, las 630 hijas. Se trata en definitiva de ver si el aumento del número de machos en prueba compensa la reducción de hijas por macho, ya que el porcentaje de reposición es constante.

3. Al estar la prolificidad y el peso al destete correlacionados positivamente, se trata de comprobar cuál es el mejor criterio para la selección: la prolificidad sola, el peso al destete solo, o ambos caracteres juntos. En este último caso se construyó un índice que es la suma de los valores BLUP tipificados (SCHAEFFER, 1988) de la prolificidad y del peso al destete.

Material y Métodos

Las simulaciones realizadas se pueden dividir en dos partes. Una primera parte concierne a la comparación de la eficiencia del modelo aditivo simple con la del modelo con efectos maternos para la valoración de los corderos por caracteres de peso. La segunda parte está contituida por las simulaciónes hechas con el objeto de comparar criterios de selección y optimizar el esquema de selección. La primera parte se hizo considerando una sola ganadería, mientras que en la segunda se tuvieron en cuenta varias ganaderías con un mayor número de animales. A excepción del factor ganadería, tanto los modelos como los parámetros y los procedimientos de simulación fueron los mismos en los dos casos. Los caracteres simulados han sido la prolificidad y el peso al destete. Este último, porque, como se desprendió de los análisis de correlaciones genéticas realizados previamente (ANALLA *et al.*, 1995) resultó ser el criterio de selección más adecuado para mejorar el peso de venta de los corderos.

Modelos y Parámetros de simulación

Para simular la población de valores de cada carácter se utilizaron modelos con los factores fijos que resultaron significativos en el análisis de los datos del control de rendimientos, realizado durante un período de 10 años en la Granja Experimental "Los Morales", situada en Huescar (Granada) y perteneciente a la Diputación Provincial de

Granada. Estos mismos datos sirvieron para estimar los parámetros empleados en dichas simulaciones.

– Modelo de simulación del carácter prolificidad:

$$y_{subijklmn} = G_i + Aj + E_k + O_l + a_m + p_m + e_{ijklmn}$$

Dicho modelo se basa en la existencia de una variable normal subyacente ysub (WRIGHT, 1934; GIANOLA, 1979; GIANOLA, 1982) que es luego categorizada, a través de los valores umbrales calculados usando la función de densidad de una distribución normal (GIANOLA, 1979), de la siguiente manera:

Si y_{sub} es inferior al primer umbral, la prolificidad es *uno*.

Si y_{sub} es superior o igual al primer umbral pero inferior al segundo, la prolificidad es *dos*.

Si y_{sub} es superior o igual al segundo umbral pero inferior al tercero, la prolificidad es *tres*.

Si y_{sub} es superior al tercer umbral, la prolificidad es *cuatro*.

– Modelo de simulación para el carácter peso al destete:

$$p_{dijklmnop} = m + G_i + A_j + E_k + O_l + T_m + S_n + d_p + m_o + q_o + f_{ijklmnop}$$

Donde pd es el peso al destete, G es el efecto de la ganadería, A es el efecto del año, E es el efecto de la estación, O es el efecto de la edad de la oveja al parto, T es el efecto del tipo de parto y S es el efecto del sexo del cordero. Estos efectos corresponden a factores fijos estimados anteriormente, con la excepción del factor ganadería, cuyos efectos no se pudieron estimar por ser la base de datos analizada de una sola ganadería. A los efectos del factor ganadería les fueron adjudicados unos valores supuestos, tomando como referencia la magnitud de los efectos del factor año. Para la prolificidad, A es el valor aditivo, p es el valor ambiental permanente y E es el valor ambiental temporal. Para el peso al destete, d es el valor aditivo directo, m es el valor aditivo materno y q es el valor ambiental permanente materno de o (la madre de p) y f es el valor ambiental temporal. Estos valores, al ser realizaciones de variables aleatorias, se han generado a través del procedimiento de Box y Muller (JURADO e IBAÑEZ, 1982), que es el siguiente:

$$v = [-2.\text{Log}(x_1)]^{1/2}. [\text{sen}(2.\pi.x_2)]$$

Donde x_1 y x_2 son números aleatorios uniformes obtenidos por el generador de números aleatorios, que se basa en un método de generación substractivo (PRESS *et al.*, 1986). El valor v obtenido de esta forma, tiene una distribución normal de media cero y de varianza uno. Para obtener una realización de una de las variables que nos interesan (a, p, e, d, m, q y f), se multiplica v por la desviación típica de dicha variable.

Para conservar las correlaciones entre las variables aditivas, se ha simulado primero, el valor aditivo de la prolificidad, que fue escogido al azar, del cual, posteriormente, se ha obtenido el valor aditivo directo para el peso al destete (asumiendo un valor para la correlación entre los efectos aditivos del peso y los efectos aditivos de la prolificidad, estimado previamente por ANALLA *et al.* (1995), y, finalmente, se obtuvo el valor aditivo materno, asumiendo que la correlación entre los efectos aditivos maternos del peso y los efectos aditivos de la prolificidad es igual al producto de la correlación entre los efectos aditivos directos del peso al destete

y los efectos aditivos de la prolificidad, por la correlación entre los efectos aditivos directos y los efectos aditivos maternos del peso al destete. La población base fue generada extrayendo una muestra al azar de una población infinita con las medias y varianzas de la población experimental, de la siguiente manera:

$$a_i = v_1 \cdot \sigma_a$$

$$d_i = \left[v_1 \cdot \frac{\sigma_{ad}}{\sigma_a \cdot \sigma_d} + v_2 \cdot \sqrt{1 - \left(\frac{\sigma_{ad}}{\sigma_a \cdot \sigma_d} \right)^2} \right] \cdot \sigma_d$$

$$m_i = \left[\left(v_1 \cdot \frac{\sigma_{ad}}{\sigma_a \cdot \sigma_d} + v_2 \cdot \sqrt{1 - \left(\frac{\sigma_{ad}}{\sigma_a \cdot \sigma_d} \right)^2} \right) \cdot \frac{\sigma_{dm}}{\sigma_d \cdot \sigma_m} + v_3 \cdot \sqrt{1 - \left(\frac{\sigma_{dm}}{\sigma_d \cdot \sigma_m} \right)^2} \right] \cdot \sigma_m$$

$$p_i = v_4 \cdot \sigma_p$$

$$e_i = v_5 \cdot \sigma_e$$

$$q_i = v_6 \cdot \sigma_q$$

$$f_i = v_7 \cdot \sigma_f$$

Para las generaciones subsecuentes se incluyeron los valores aditivos y los coeficientes de consanguinidad de los padres para la obtención de los valores aditivos de su descendencia.

Mientras que, los valores p_i, e_i, q_i, f_i se simularon igual que en la población base. Donde, los subíndices p, m e i significan el padre, la madre y el individuo, respetivamente. F_i es el coeficiente de consanguinidad de un individuo i. De esta manera, se puede tener en cuenta los efectos de la consanguinidad y del desequilibrio gamético sobre la varianza aditiva (FOULLEY y CHEVALET, 1981; SORENSEN y KENNEDY, 1984). σ_a^2, σ_d^2 y $\sigma_m{}^2$ son: la varianza aditiva de la prolificidad, la varianza aditiva directa y la varianza aditiva materna para el peso al destete, respectivamente. La covarianza aditiva entre ambos caracteres es σ_{ad}, y la covarianza entre efectos aditivos directos y maternos para el peso al destete es σ_{dm} . El valor ambiental permanente es p_i, y el valor ambiental temporal es e_i para la prolificidad con las varianzas y σ_p^2 y σ_e^2, respectivamente. El valor ambiental permamente de la madre es q_i y su valor ambiental temporal es f_i para el peso al destete con las varianzas y σ_p^2 y σ_f^2, respectivamente. v_1, v_2, v_3, v_4, v_5, v_6 y v_7 son valores al azar obtenidos, como se describe anteriormente, de una distribución normal típica. No se tuvo en cuenta el efecto de la depresión consanguínea sobre las distintas producciones por no disponerse de estimas para tal efecto.

$$a_i = \frac{a_p + a_m}{2} + \sqrt{\frac{1}{2}\left(1 - \frac{F_p + F_m}{2}\right)} \cdot v_1 \cdot \sigma_a$$

$$d_i = \frac{d_p + d_m}{2} + \sqrt{\frac{1}{2}\left(1 - \frac{F_p + F_m}{2}\right)} \cdot \left[v_1 \cdot \frac{\sigma_{a,d}}{\sigma_a \cdot \sigma_d} + v_2 \cdot \sqrt{1 - \left(\frac{\sigma_{a,d}}{\sigma_a \cdot \sigma_d}\right)^2} \right] \cdot \sigma_d$$

$$m_i = \frac{m_p + m_m}{2} + \sqrt{\frac{1}{2}\left(1 - \frac{F_p + F_m}{2}\right)} \cdot \left[\left(v_1 \cdot \frac{\sigma_{a,a}}{\sigma_a \cdot \sigma_a} + v_2 \cdot \sqrt{1 - \left(\frac{\sigma_{a,d}}{\sigma_a \cdot \sigma_d}\right)^2} \right) \cdot \frac{\sigma_{d,m}}{\sigma_d \cdot \sigma_m} + v_3 \cdot \sqrt{1 - \left(\frac{\sigma_{d,m}}{\sigma_d \cdot \sigma_m}\right)^2} \right] \cdot \sigma_m$$

La Estructura de las poblaciones simuladas

La población base consta de 6.248 hembras y 318 machos de monta natural repartidos en 20 ganaderías con una reposición del 20%. Al tratarse de un núcleo de selección, la reposición de las hembras debe ser más alta que en el resto de las ganaderías, para permitir una adecuada difusión del progreso genético y, al mismo tiempo, la posibilidad de usar un número suficiente de machos en prueba de descendencia para poder aplicar una alta presión de selección. Al ser el sistema de manejo de 3 partos cada dos años, en cada época de reposición se repone el 13% de hembras y el 13% de machos, lo que arroja un número de corderas a reponer de 842 en cada cubrición, de las cuales 212 sirven para la difusión y 630 para la prueba de descendencia; ya que la mejor repartición de hijas de reposición entre el soporte de la prueba de descendencia y la difusión de progreso genético es de 75% y 25%, respectivamente (SERRADILLA, 1989; resultados no publicados). Se siguió el esquema propuesto para la raza Segureña, que puede verse en la figura 1.

Los corderos candidatos para la prueba de descendencia se eligen entre todos los corderos de una misma paridera y no sólo entre los hijos de machos probados. Esto se debe a dos razones. Primero, hay que dar la oportunidad a los corderos hijos de monta natural porque al ser nietos de machos probados pueden tener muy buenas evaluaciones BLUP. Segundo, al eligir los candidatos sólo entre los hijos de machos probados, estamos reponiendo siempre de las mismas familias lo que puede conducir a elevados niveles de consanguinidad. Además, la elección de los candidatos en esta fase es una especie de barrido para detectar los animales con valores aditivos supuestamente altos, que quedan por confirmar a través la prueba de progenie.

Las simulaciones se han hecho para responder a los tres objetivos planteados:

I- Comprobar si el modelo aditivo simple podría sustituir el modelo con efectos maternos. Para ello, se aplicaron tres métodos de valoración:

Método 1: valorar los animales por predicciones BLUP obtenidas a través de un modelo aditivo simple:

$$y = Xa + Zu + e$$

Método 2: valorar los animales por predicciones BLUP del valor directo obtenidas a través de un modelo con efectos maternos:

$$y = Xa + Z_d d + Z_m m + Z_p p + e$$

Donde y es el vector de los pesos destete, a es el vector de los factores fijos antes mencionados, u es el vector de los valores aditivos cuando no se tienen en cuenta los efectos maternos, d es el valor aditivo directo, m es el valor aditivo materno, p es el valor ambiental permanente materno sobre estas mismas producciones, y e es el efecto ambiental temporal específico para cada carácter y asociado con cada registro. X, Z, Z_d, Z_m y Z_p son matrices de incidencia conocidas.

Método 3: valorar los animales por la suma de las predicciones BLUP del valor aditivo directo y del valor aditivo materno.

II- Averiguar el número idóneo de machos a valorar por descendencia. Para ello, se han probado las siguientes alternativas:

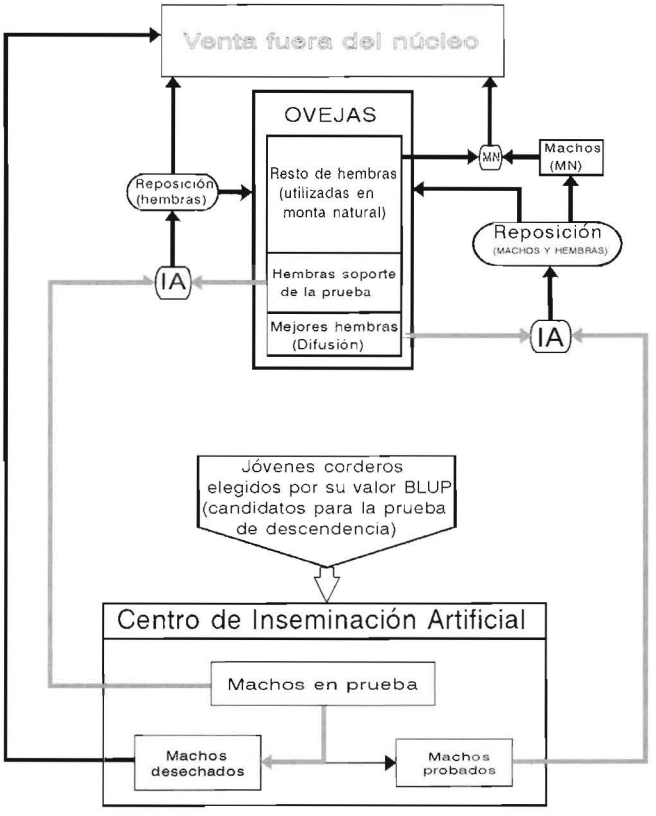


Figura 1. Esquema de selección propuesto para la raza ovina Segureña

TABLA 1
TRIPLETES DE MACHOS PARA INSEMINAR

Número del triplete	Números de los machos		
1	1	2	4
2	2	3	5
3	3	4	6
4	4	5	7
5	5	6	8
6	6	7	9
7	7	8	10
8	8	9	1
9	9	10	2
10	10	1	3

10 machos en prueba de descendencia con 63 hijas cada uno.

15 machos en prueba de descendencia con 42 hijas cada uno.

21 machos en prueba de descendencia con 30 hijas cada uno.

Se ha probado el uso de la genealogía completa, padres de monta natural incluidos, o sólo la paterna vía inseminación artificial y la materna, que es como se está llevando a cabo en la actualidad.

III- Comprobar cuál es el mejor criterio para la selección: la prolificidad sola, el peso al destete solo, o ambos caracteres juntos. En este último caso se construyó un Índice que es la suma de los valores BLUP tipificados (Schaeffer, 1988) de la prolificidad y del peso al destete.

Para resolver la primera cuestión, se ha simulado una sola ganadería durante 30 generaciones. Para responder a las otras dos se ha simulado un grupo de 20 ganaderías durante 21 generaciones (en este caso no se pudieron simular 30 generaciones, debido a las limitaciones de memoria en el ordenador. En este caso, se conectaron las ganaderías a través de los machos de inseminación (probados y en prueba). Dicha conexión se logró formando grupos de tres machos para inseminar (se puede hacer con cuatro, cinco, etc; pero al aumentar el número de machos por grupo disminuye el de las hijas de un mismo macho por ganadería); en el caso de diez machos, por ejemplo y asignando un número a cada macho, los tripletes de machos obtenidos están en la tabla 1:

Cada macho está presente en tres tripletes, lo que le permite estar conectado directamente con seis machos que a su vez están conectados cada uno con cinco machos distintos de éste. Lo que prueba que todos los machos están conectados entre sí, y aun en el caso extremo de usar un triplete por ganadería, todas las ganaderías quedarían totalmente conectadas. De este modo, las inseminaciones se hacen con el triplete uno, cuando se acaban las dosis suficientes para obtener 63 hijas por triplete (en el caso de 63 hijas por macho), se pasa al triplete dos, cuando se acaba se sigue con el triplete tres, etc.

En todos los casos se simularon 20 réplicas, empezando con una semilla distinta cada vez, pero usando la misma cadena de semillas en cada caso. La valoración se hizo con un paquete de programas, escritos en Fortran77, que se basan en el paquete de programas de valoración del Grupo de Genética de Rumiantes del Departamento de Producción Animal del INIA de Madrid, desarrollados por el Dr. J.J. JURADO (1989).

Comparación de las poblaciones simuladas

Los criterios utilizados para la comparación de las poblaciones simuladas son:

1. El cambio, en los caracteres estudiados, del valor aditivo medio de la población de animales entre la primera generación y la última.

2. El aumento del coeficiente medio de consanguinidad durante el proceso de simulación. Aunque en el primer caso se empleó tambien la tasa de consanguinidad media en cada generación (FALCONER, 1981).

$$\frac{F_{t-1} - F_t}{1 - F_{t-1}}$$

Estos criterios se aplicaron a las distintas alternativas estudiadas. Para ayudar a la comparación, se representó gráficamente la tendencia tanto del valor aditivo medio como del coeficiente medio de consanguinidad en función de las generaciones.Para el cálculo del cambio genético se usaron directamente las medias generacionales de los valores aditivos reales simulados en cada caso. La consanguinidad media se obtuvo calculando la media de los coeficiente de consaguinidad de cada individuo de toda la población.

Resultados y Discusión

Comparación del modelo aditivo simple con el modelo de efectos maternos

Respecto a la media fenotípica y los valores aditivos de la última generación, el método 3 genera el valor fenotípico más alto y el valor aditivo materno más bajo. El método 2 da el valor aditivo directo más elevado. No obstante, las diferencias no son significativas. De esto se desprende que las tres estrategias de selección conducen a las mismas ganancias genéticas. La evolución de los valores aditivos se muestra en la

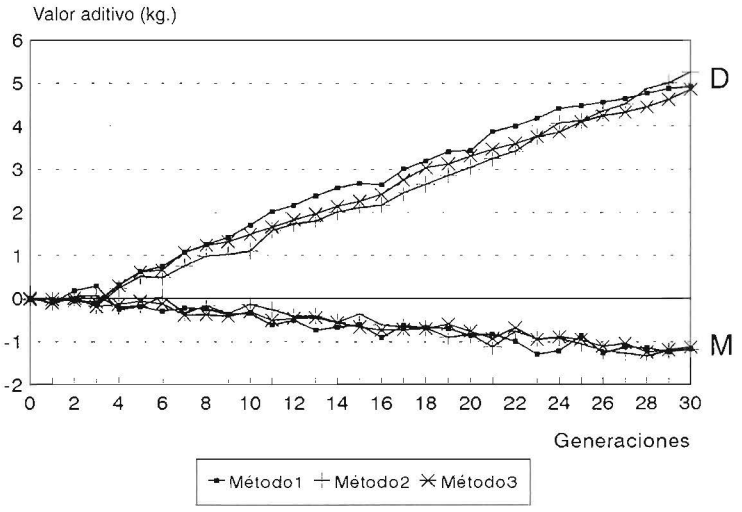


Figura 2. Evolución del valor aditivo medio (D: directo, M: materno) del peso al destete por generación, según el método de selección

figura 2. Los valores aditivos directos muestran una tendencia positiva a través de las generaciones, mientas que los valores aditivos maternos muestran una ligera tendencia negativa.

La media fenotípica alcanzada en la última generación supera los 18 kg. en los tres casos. Puesto que el valor de la primera generación fue de 14 kg., la ganancia total realizada corresponde a unos 4 kg. Esto coincide con los resultados obtenidos con los valores aditivos, donde se obtuvo una ganancia neta de cerca de 5 kg. en los valores aditivos directos, acompañada de una pérdida de alrededor de 1 kg. en los valores aditivos maternos. El método 3 da el valor aditivo directo más bajo porque tiene en cuenta los valores aditivos maternos. Pero debido a la correlación negativa existente entre estos dos efectos aditivos, un aumento en los valores maternos conduce a una disminución de los valores directos. Sin embargo, los efectos directos explican una proporción de la varianza fenotípica total 7 veces más grande que la explicada por los efectos maternos. Esto hace que la reducción de pérdida obtenida en los efectos maternos no compense la baja mejoría obtenida en los valores directos.

Hay un aumento importante de la consanguinidad mientras la selección avanza. La evolución de los coeficientes medios y las tasas de consanguinidad por generación están representados en la figura 3. El valor de 10% se ha superado en los tres casos. El método 3 sobrepasó el valor de 13% mientras que los otros métodos no superaron el valor de 12%. Aunque el coeficiente medio de consanguinidad aumenta a través de las generaciones, la tasa de consanguinidad muestra un máximo entre las generaciones 17 y 22, y después disminuye. Esto significa que la evolución de la consanguinidad media sigue una curva logarítmica y, por consiguiente, el incremento entre generaciones consecutivas es más pequeño en las últimas generaciones.

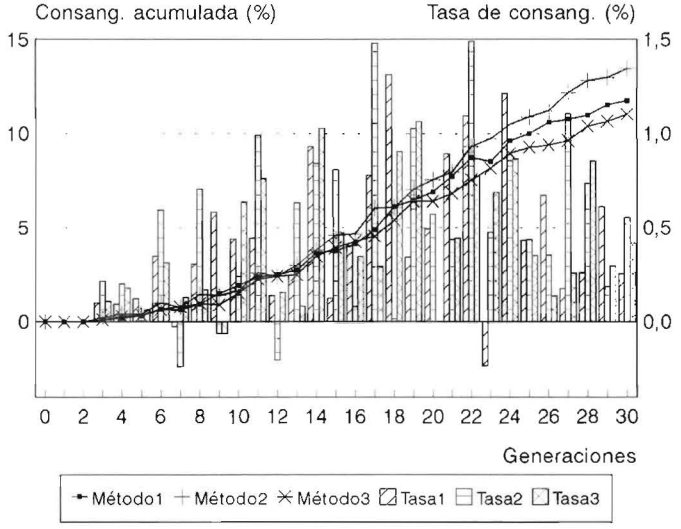


Figura 3. Evolución de la consanguinidad media y de la tasa de consangunidad por generación, según el método de selección para mejorar el peso al destete

El incremento de la consanguinidad plantea la cuestion de la magnitud de la depresión por consanguinidad, porque si ésta es grande, la selección por valores aditivos BLUP llevaría a una ganancia más pequeña que otros métodos menos precisos de selección, como la selección basada en valores fenotípicos, por ejemplo (HAGGER, 1991; LEITCH *et al.*, 1993). En este sentido, QUINTON *et al.* (1992) mostraron que los métodos de selección deben compararse para los mismos niveles de consanguinidad. Esto, aplicado a nuestros datos, se muestra en la figura 4, donde se puede comprobar que no hay diferencias entre los tres métodos para la reducción en los valores maternos, mientras que en los valores directos el método 1, seguido muy de cerca por el método 3, superan al método 2. Además, si la depresión por consanguinidad es realmente alta, quizás la valoración se debería hacer con un modelo que incluyera los efectos de dominancia, porque sería más preciso para predecir los valores aditivos que un modelo puramente aditivo, especialmente si la varianza de dominancia es mucho más alta que la varianza aditiva (UIMARI y MÄKI-TANILA, 1992; DE BOER y HOESCHELE, 1993). De hecho, la recomendación de Quinton y colaboradores no tiene en cuenta que el método 3 alcanza valores más altos que el método 2 para una misma generación, y si ese aumento compensa la depresión por consanguinidad, las conclusiones serían totalmente erróneas. Por lo tanto, cuando no se conoce el valor de la depresión debida a la consanguinidad, es mejor ignorarla que perderse en suposiciones y conjeturas. Pero esto no quita que sea de vital importancia tener una estima de dicha depresión sobre los caracteres estudiados, ya que en función del valor de ésta se podría prever tener o no en cuenta dicho efecto durante la selección (KELLER *et al.*, 1989; STRANDÉN *et al.*, 1991; ROEHE *et al.*, 1993; KLIEVE *et al.*, 1994).

En un estudio similar realizado por ROEHE y KENNEDY (1993), sobre tamaño de la camada en porcino, se concluye que el mo-

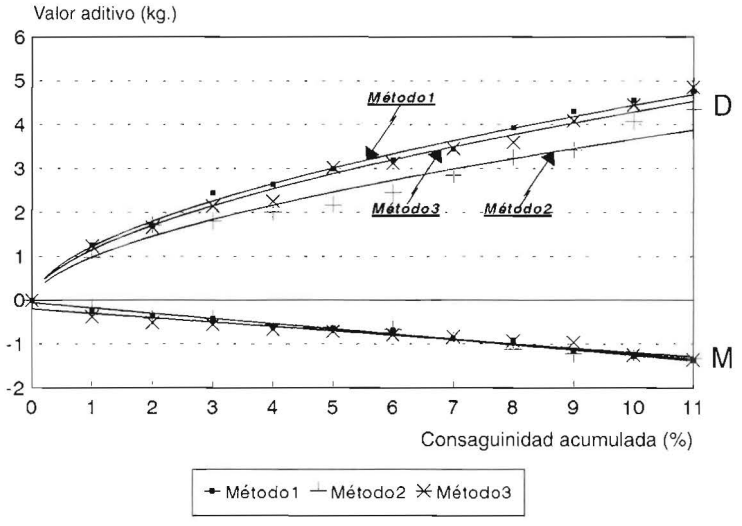


Figura 4. Evolución del valor aditivo medio (D: directo, M: materno) del peso al destete, en función del nivel medio de consanguinidad acumulada, según el método de selección

delo que incluye los efectos maternos debe usarse preferentemente cada vez que sea posible, aunque el modelo más simple (que ignora los efectos maternos) se puede considerar, a corto plazo sólamente. Sin embargo, la estructura de varianza para el carácter que ellos analizaron es muy distinta del carácter analizado aquí, en particular la varianza aditiva directa es sólo el doble de la varianza materna, mientras que en nuestro caso es siete veces mayor. Esto implica que cuando la varianza aditiva directa es mucho más grande que la varianza aditiva materna, los efectos maternos se pueden ignorar cuando se valoran los animales candidatos a la selección, sin comprometer, por tanto, el progreso genético que se pueda alcanzar. VAN WYK *et al.* (1994) tambien concluyen que los efectos maternos pueden ignorarse a la hora de valorar los animales para el peso adulto, el peso del vellón y el diámetro de la fibra en la raza Merina; aunque en su caso la varianza directa es al menos 30 veces más grande que la varianza materna, para cada uno de los tres caracteres estudiados.

Por consiguiente, la evaluación de los corderos Segureños para el peso al destete se puede hacer con un modelo aditivo simple, pues llevaría a las mismas ganancias que originaría el modelo con efectos maternos con las ventajas de ser más fácil de implementar y necesitar menos tiempo y memoria de ordenador.

Comparación de esquemas con distintos números de hijas por macho

La figura 5 representa la evolución de los valores aditivos durante el período de simulación. Se destaca el caso en el cual se prueban 15 machos con 42 hijas cada uno, teniendo en cuenta la genealogía de los padres de monta natural (MN), que alcanza el valor 0,273 corderos por oveja y parto. Pero en todos los casos se supera el valor 0,2 corderos por oveja y parto, observando

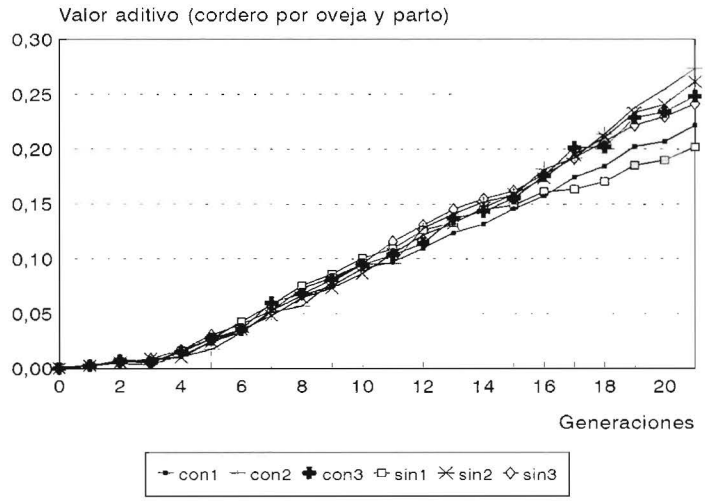


Figura 5. Evolución del valor aditivo medio de la prolificidad por generación, en función del número de hijas por macho, y la inclusión o no de la genealogía de machos de monta natural

el valor más alto en cada caso cuando se incluye la genealogía vía MN; esto significa un aumento promedio de al menos 0,01 cordero por generación. Evidentemente, al aumentar el número de hijas la información vía MN se hace menos importante, sobre todo para el caso de 63 hijas por macho en prueba. De ahí se desprende que el caso que alcanza un buen equilibrio entre número de hijas y machos en prueba es el caso de 15 machos, cada uno probado con alrededor de 40 hijas, que al faltar la genealogía vía MN reduce el valor de la última generación en 0,01 cordero por oveja y parto, lo que se puede traducir en una generación de retraso, aunque esta diferencia no es significativa. Estos valores están en conformidad con los que se obtuvieron en otra razas; por ejemplo, en la raza Lacaune de carne, POIVEY *et al.* (1994) obtienen un cambio en la media aditiva de 0,16 corderos en 8 años (de 1985 a 1993) comparable con el 0,2 en 7 años (21 generaciones) obtenido en nuestro caso.

La genealogía vía MN es importante cuando el número de hijas es bajo (en el caso de 30) pero a medida que aumenta este número las diferencias desaparecen. Las diferencias entre disponer o no de genealogía vía MN pasan de 0,02 corderos, en el caso de 30 hijas por macho, a 0,007 en el caso de 63 hijas por macho, aunque ninguna de las dos diferencias es significativa. Por otro lado, e independientemente del número de hijas, la inclusión de la genealogía vía MN mejora la precisión de la selección coincidiendo con TORO y JURADO (1986). Esto se ve claramente en los errores típicos, que muestran una tendencia a disminuir cuando se incluye dicha información. Los errores típicos se reducen a la mitad cuando se emplea la genealogía de los machos MN, excepto en el caso de 63 hijas por machos, en el cual la disminución es mucho menor. Esto indica que cuando no se incluye la genealogía vía MN, las réplicas simuladas fluctúan mucho más que cuando se incluye, sobre todo cuando el número de hijas es distinto de 63. En la figura 5 se ve que las diferencias entre los distintos casos van aumentando a medida que avanza la selección; esto quiere decir que los casos que resultaron no ser distintos en las 21 generaciones de estudio, pueden serlo al cabo de más generaciones.

En la figura 6 se observa la evolución de la consanguinidad. El valor más alto se obtiene cuando hay diez machos probados sobre 63 hijas. Evidentemente, como estas hijas sirven luego para la reposición, al estar más emparentadas aumentan más la consanguinidad de la población. Cabe destacar que la diferencia es alta entre el caso de 63 hijas y los otros dos, no siendo éstos distintos.

Comparación de los criterios de selección

Seleccionando sólo por la prolificidad se origina la mejor ganancia en el valor aditivo medio de ésta, expresado en cordero por oveja y parto (0,26), seguido por el valor obtenido con la selección por índice (0,19). El cambio genético más bajo en el valor aditivo medio de prolificidad, se obtiene como respuesta correlacionada cuando se selecciona por el peso al destete (0,11). Para el peso al destete, el cambio más alto en valores aditivos de este carácter se obtiene cuando se selecciona directamente por el mismo, el más bajo se obtiene cuando se selecciona por prolificidad, siendo el cambio alcanzado por índice de selección cercano al obtenido cuando se selecciona solamente por el peso. La ganancia neta (directa más materna) es 1,1 kg. cuando se selecciona por el peso, 1 kg. cuando se selecciona por índice y cerca de 0,2 cuando se selecciona por prolificidad. Estas diferencias son cada vez más

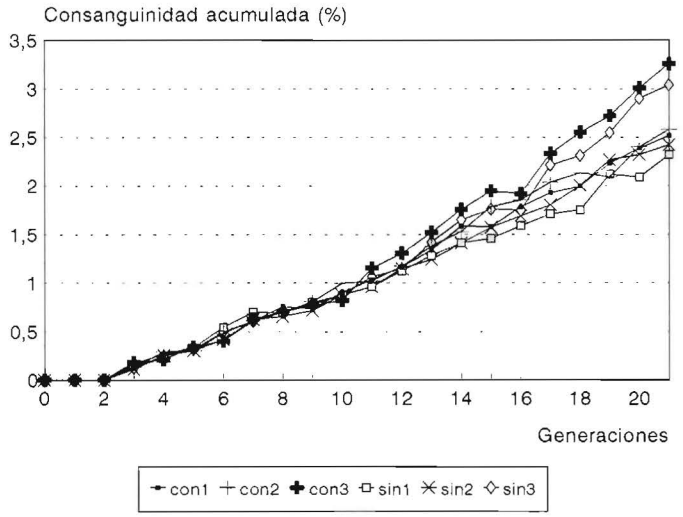


Figura 6. Evolución de la consanguinidad media por generación, en función del número de hijas por macho, y la inclusión o no de la genealogía de machos de monta natural

grandes a medida que avanza el proceso de selección, como se puede observar en las figuras 7 y 8.

Si los ganaderos están interesados en mejorar la prolificidad sola, la mejor manera de hacerlo es seleccionando directamente por los valores aditivos de ésta. Esto originaría un incremento bajo en el peso al destete, el cual no compensa la pérdida de peso debida al efecto del aumento de partos múltiples (éste se estima igual a 0,15 kg. para un aumento de prolificidad del 10%). Efectivamente, la selección por prolificidad conduce a un aumento del 0,26 de ésta y 0,244 kg. del peso al destete, lo cual supone alrededor de 0,09 kg. de ganancia en peso al destete por cada 0,1 incremento en la media de la prolificidad. Esto significa una pérdida de 0,06 kg. en la media del peso al destete para cada aumento de 0,1 en la prolificidad, teniendo en cuenta el efecto sistemático de tipo de parto. Una reducción similar se observará en el peso a los 90 días que es el peso de venta-sacrificio. Sin embargo, esta reducción en peso puede tolerarse en el mercado de la Segureña, ya que supone una pequeñísima reducción en los pesos de canal, si se asume un rendimiento al sacrificio igual al 50% (FALAGÁN, 1992). No obstante, a medida que la selección vaya progresando, el peso al destete dejará de responder a la selección, como carácter correlacionado, porque la correlación genética tenderá hacia cero bajo el efecto de la selección (ITOH, 1991; STRANDÉN *et al.*, 1993). Pero, aún así, la reducción en peso se podría soportar por el mercado tradicional. Esta opción sería además, la más adecuada si no se quiere modificar el tamaño del animal adulto; puesto que incluir el peso como objetivo de selección conllevaría a un aumento del peso del animal adulto, lo que incidiría negativamente en las características de rusticidad de la hembras Segureñas, debido a un aumento en las necesidades de mantenimiento de las ovejas que no es deseable bajo el actual sistema de manejo.

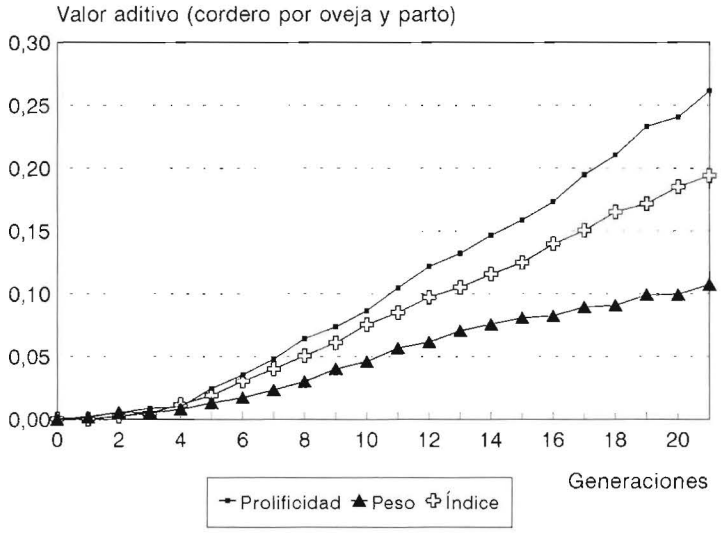


Figura 7. Evolución del valor aditivo medio de la prolificidad por generación, según el criterio de selección

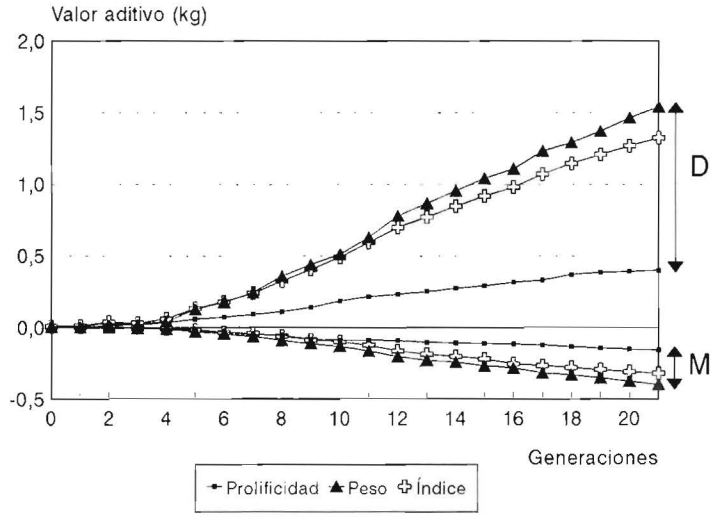


Figura 8. Evolución del valor aditivo medio del peso al destete (D: directo, M: materno) por generación, según el criterio de selección

Seleccionando solamente por peso al destete, no se mejora mucho la prolificidad. El aumento en la media de la prolificidad, que tiene lugar después de 21 generaciones de seleción, es de alrededor de 0,1 cordero, al cual corresponde un aumento neto en peso al destete de 1,1 kg. En este caso, los corderos van a llegar a su peso comercial

con una edad más temprana, con canales menos maduras. Esto, puede influir negativamente en su valor en el mercado, ya que el mercado específico de la Segureña es muy sensible a la calidad de la canal; además del efecto negativo sobre el tamaño adulto explicado en el apartado anterior. Una posible alternativa sería reorientar la producción, adecuando los sistemas de manejo, hacia otros mercados donde las canales son un poco más pesadas, (e.g. Cataluña: donde los corderos suelen tener pesos de canal más altos). Analogamente, en este caso, la prolificidad dejará de responder a la selección como carácter correlacionado en futuras generaciones, por las mismas razones expuestas anteriormente (ITOH, 1991; STRANDÉN *et al.*, 1993).

Seleccionar por índice parece ser más adecuado que seleccionar únicamente por el peso. En este caso, se obtiene un incremento en la media de los valores aditivos del peso al destete similar al que se consigue seleccionando por el peso solo, pero se produce un incremento más alto en la productividad numérica por oveja, lo cual conduciría a un aumento substancial en los ingresos de los ganaderos. No obstante, en este caso hay que tener en cuenta el efecto de la selección sobre las correlaciones genéticas, pues cuando se están seleccionado ambos caracteres, una correlación genética inicial positiva se vuelve negativa tras varias generaciones de selección (ITOH, 1991; STRANDÉN *et al.*, 1993). Entonces, se debe preveer un posible cambio del criterio de selección hacia el peso solo, antes de que la correlación entre ambos carcteres cambie a negativa, para evitar de este modo el efecto adverso que podría tener tal correlación /reducción del progreso genético en caso de seguir usando el índice, o respuesta negativa para la prolificidad, si se usa el peso al destete como criterio de selección.

Como se puede apreciar en la figura 9, la selección por peso es la que más aumenta la

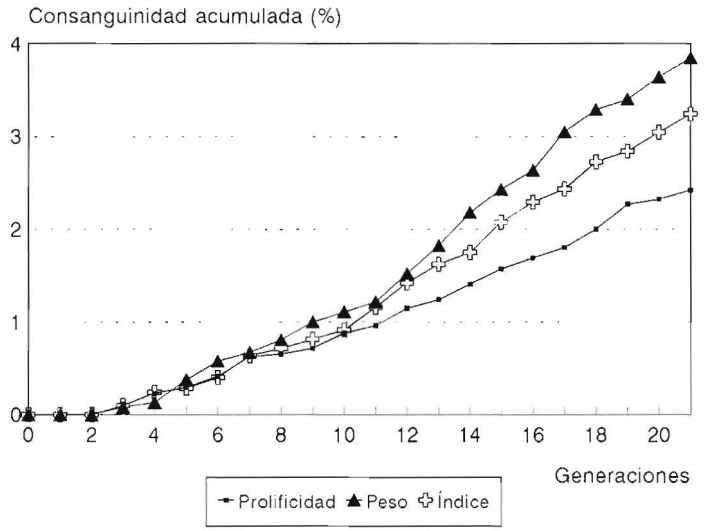


Figura 9. Evolución de la consanguinidad media por generación, según el criterio de selección

consanguinidad, mientras que la selección por la prolificidad es la que menos la aumenta, teniendo la selección por índice un valor intermedio. Esto es puramente un efecto de la precisión de la predicción de los valores aditivos base de la selección (HAGGER, 1991; QUINTON *et al.*, 1992; WRAY y GODDARD, 1994). Cuando se usa el peso solo, al tener una heredabilidad alta, las predicciones son más precisas y cada vez se eligen animales más emparentados. Teniendo la prolificidad una heredabilidad más baja, es la que menos aumenta la consanguinidad. El índice tendría un valor intermedio entre los dos casos anteriores. Esto confirma las recomendaciones hechas en el apartado anterior, ya que los aumentos de consanguinidad que acompañan la selección por prolificidad sola o por índice son los más bajos. Esto es un hecho importante a tener en cuenta, ya que como bien se sabe, la consanguinidad tiene efectos negativos tanto sobre la media de la producción como la varianza aditiva. Efectivamente, la reducción de la consanguinidad acumulada aliviaría la depresión que pudieran sufrir las producciones de los animales. Además, se podría seleccionar durante más tiempo (con más generaciones) al haber más varianza aditiva.

En definitiva, si los ganaderos piensan restringir la venta de sus corderos al mercado tradicional de la Segureña, el criterio de seleción debe basarse en los valores aditivos de la prolificidad sola; ya que esto conduciría a una mayor mejora de la productividad, aumentando el número de corderos por oveja y parto, sin comprometer el valor comercial de la canal. Si por otro lado, los ganaderos desean introducirse en otros mercados, problabemente con mayor demanda, se debe usar un índice de selección que incluya los valores aditivos de la prolificidad y del peso al destete, con la previsión de cambiarlo a largo plazo a un criterio basado en el peso solo.

No obstante, para concretar más y definir los criterios de selección de forma definitiva, sería necesario conocer los efectos de depresión por consanguinidad sobre los caracteres estudiados, para poder hacer propuestas más acordes a las condiciones reales de producción de ovino Segureño, incluyendo, si procede, restricciones sobre los niveles de consanguinidad por apareamientos, durante la selección de los candidatos para mejorar la raza. Por otro lado, debido a que los datos base de este estudio pertenecen a una rebaño experimental donde las condiciones de manejo son mejores que las muchos rebaños comerciales en la zona, se impone una contrastación del buen funcionamiento del esquema de selección en las propias ganaderías. Esto quiere decir que el esquema de selección, puede comenzar basándose en los resultados obtenidos en el presente estudio, con la reserva de comprobar su buena marcha, llevando a cabo un estudio exhaustivo de las tendencias genéticas dentro de unas 9 generaciones, lo que corresponde a unos 6 años de funcionamiento.

Referencias

CRUZ, J.M. 1988. "Propuesta de una metodología para la recogida de información y la generación de estrategias de actuación en el sector ovino Segureño andaluz". *Trabajo Profesional Fin de Carrera. E.T.S.I. Agrónomos*, Universidad de Córdoba.

DE BOER, I.J.M.; HOESCHELE, I. 1993. "Genetic evaluation methods for populations with dominance and inbreeding". *Theor. Appl. Genet.* 86: 245-258.

FALAGÁN, A. 1992. "El cordero Segureño: crecimiento y características carniceras". Producción de Ovino Segureño. *Ovis* 20: 63-70.

FALAGÁN, A.; HERNÁNDEZ, J.M. 1992. "Caracterización productiva y sistemas de producción". Producción de Ovino Segureño. *Ovis* 20: 9-22.

FALCONER, D.S. 1981. "Introduction to quantitative genetics". *Longman*. 2nd edition. New York. USA.

FOULLEY, J.L.; CHEVALET, C. 1981. "Méthode de prise en compte de la consanguinité dans un modèle simple de simulación de performances". *Ann. Génét. Sél. Anim.* 13: 189-196.

GIANOLA, D. 1979. "Heritability of polychotomous characters". *Genetics* 98: 1051-1055.

HAGGER, C. 1991. "Effect of selection on phenotype, on index or on breeding values on expected response, genetic relationship and accuracy of breeding values in an experiment". *J. Anim. Breed. Genet.* 108:102.110.

ITOH, Y. 1991. "Changes in genetic correlations by index selection". *Genet. Sel. Evol.* 23: 301-308.

JURADO, J.J. 1989. "Paquete de programas para la valoración genética de los animales". Departamento de Genética Quantitativa. *INIA*. Madrid.

JURADO, J.J.; IBAÑEZ, V. 1982. "Simulación genética en computador". Vol. III: Teoría de la simulación genética en computador. *Monografías de la Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos*. Núm. 83. Universidad Politécnica de Madrid.

KELLER, D.S.; GEARHEART, W.W; SMITH, C. 1989. "A comparison of factors reducing selection response in closed nucleus breeding schemes". *J. Anim. Sci.* 68: 1553-1561.

KLIEVE, H.M.; KINGHORN, B.P.; BARWICK, S.A. 1994. "The joint regulation of genetic gain and inbreeding under selection". *J. Anim. Breed. Genet.* 111: 81-88.

LEICH, H.W.; SMITH, C.; BURNSIDE, E.B.; QUINTON, M. 1993. "Genetic response and inbreeding with different selection methods and mating for nucleus breeding programs of dairy cattle". *J. Dairy Sci.* 77: 1702-1718.

PRESS, W.H.; FLANNERY, B.P.; TEUKOLSKY, S.A.; VETTERLING, W.T. 1986. "Numerical Recipes. The art of Scientific computing". *Cambridge University* Press. New York. USA.

QUINTON, M.;, SMITH, C.; GODDARD, M.E. 1992. "Comparison of selection methods at the same level of inbreeding". *J. Anim. Sci.* 70: 1060-1067.

ROEHE, R.; KENNEDY, B.W. 1993. "Efficiency of an approximate animal model for maternal and direct genetic effect of litter size in swine". *J. Anim. Sci.* 71: 3251-3260.

ROEHE, R.; KRIETER, J.; KALM, E. 1993. "Influence of different selection strategies on selection response and inbreeding using an animal model in a closed Swine nucleus herd". *J. Anim. Breed. Genet.* 110:114-125.

SCHAEFFER, L.R. 1988." Animal breeding". Curso de Producción Animal. I. A. M. Zaragoza.

SORENSEN, D.A.; KENNEDY, B.W. 1984a. "Estimation of response to selection using least-squares and mixed model methodology". J. ANIM. SCI. 58: 1097-1106.

SORENSEN, D.A., KENNEDY B.W. 1984b. "Estimation of genetic variances from unselected and selected population". *J. Anim. Sci.* 59: 1213-1223.

STRANDÉN, I.; MÄNTYSAARI, E.A.; MÄKI-TANILA, A. 1993. "Change in genetic correlation due to selection using animal model evaluation". *J. Anim. Breed. Genet.* 110: 412-422.

TORO, M.A.; JURADO, J.J. 1986. "The selection for prolificacy in Spanish sheep breeds". *US-Spain Joint Seminar on Sheep Breeding*. Zaragoza. Spain. 76-106.

UIMARI, P.; MÄKI-TANILA, A. 1992. "Accuracy of genetic evaluations in dominnce genetic models allowing for inbreeding". *J. Anim. Breed. Genet.* 109: 401-407.

VAN WYK, J.B.; ERASMUS, G.J.; OLIVIER, J.J. 1994. "Variance components estimates and response to selection on the BLUP of breeding values in Merino sheep". Proc. 5th Wld Cong. *Genet. Appl. Livest. Prod.* 18: 31-34.

WRAY, N.R.;, GODDARD, M.E. 1994. "Increasing long-term response to selección". *Genet. Sel. Evol.* 26: 431-451.

WRIGHT, S. 1934. "An analysis of variability in number of digits in an inbreed strain of guinea pigs". *Genetics*. 19: 506-536.