ITEA (1996), Vol. 92A N.º 3, 75-91

PRINCIPALES ASPECTOS DEL PROGRAMA DE MEJORA GENÉTICA DE LA RAZA ASTURIANA DE LOS VALLES

J. Cañon*
J.P. Gutierrez*
S. Dunner*
P. García-Atance*
F. Goyache**
A. Villa***
L. Alonso***

* Unidad de Genética y Mejora
Facultad de Veterinaria. 28040 Madrid
** Dirección Regional de Ganadería
Consejería de Agricultura. Oviedo

*** ASEAVA
Polígono de Asipo. Calle B, parcela 51-4
Cayes. Asturias

RESUMEN

El programa de mejora genética de la raza Asturiana de los valles se basa en la selección que se puede llevar a cabo a través de la información que proporcionan las 7.000 vacas que actualmente se incluyen en el programa de control de rendimiento y que permite recoger los valores fenotípicos de una serie de caracteres de importancia económica (peso al nacimiento y destete, dificultad al parto y puntuación cular al nacimiento y destete de sus terneros, caracteres morfológicos y de conformación tanto del ternero como de la vaca), así como en la selección individual que anualmente se realiza entre los mejores 120 toros para su utilización mediante I.A. Las evaluaciones genéticas para los principales caracteres productivos se lleva a cabo mediante un modelo mixto y los valores de las componentes de varianza que se utilizan en dicho modelo son los estimados en la propia población. La importancia de la hipertrofia muscular en esta población nos ha llevado a dedicar especiales esfuerzos, tanto en lo que respecta al comportamiento de los caracteres productivos en los animales que manifiestan la hipertrofia muscular, como lo relacionado con la localización del gen. Mediante un análisis de ligamiento clásico hemos podido comprobar la estrecha relación entre una serie de marcadores moleculares y el hipotético gen responsable de la hipertrofia que asignamos al cromosoma 2 y está situado a una distancia de 3,1 cM del marcador TGLA44. Análisis de cartografiado fino aprovechando la posibilidad de utilizar la estrategia de identidad por descendencia al poder disponer de pedigrís de razas diferentes donde está segregando este gen nos permitirá seguir avanzando en su localización definitiva.

Palabras clave: Vacuno de carne, Mejora genética, Parámetros genéticos, Análisis de ligamiento.

SUMMARY

MAIN ASPECTS OF THE ASTURIANA DE LOS VALLES BREEDING PROGRAM

Control of performances in Asturiana de los Valles beef cattle breed involves, at present, calvings from 7,000 cows where traits as birth and weaning weight, calving difficulty and double muscling scoring are registered as well as morphological and conformation traits. Breeding program is based on this performance control and on the yearly selection carried out over 120 bulls to the artificial insemination center. Genetic evaluations are performed using the mixed model methodology taking into account the variance components obtained with the same model in the same population. Efforts are managed to study the muscular hypertrophy gene because its importance has greatly increased in this population. We have proved by a classical linkage analysis a close relationship between *muscular hypertrophy* gene and the chromosome 2 microsatellite markers with a maximum lodscore at 3,1 cM on the telomeric side of TGLA44. Definitive location will be possible throught the identity by descent mapping strategy assuming that a set of breeds share a common ancestral mutation to exploit fine-map gene.

Key words: Beef cattle, Breeding program, Genetic parameters, Analysis of linkage.

Introducción

Las características del programa de mejora de la raza Asturiana de los Valles tiene, como no podría ser de otra manera, muchos de los elementos comunes a todos los programas de razas bovinas de carne en el mundo: varios caracteres implicados con relaciones genéticas opuestas; segmentación de la industria, por lo tanto de objetivos, y, por ello, ausencia de aceptación de un objetivo y de un criterio de selección generales.

Es importante reconocer que el objetivo es especialmente sensible a la estructura de costes e ingresos y estos son radicalmente distintos entre los diferentes sistemas de producción de esta raza. Así, por ejemplo, los costes de alimentación fluctúan entre un 30 % en el *sistema puertos* (Somiedo) y un 62 % en el sistema de *semiestabulación regular* (Cangas del Narcea o Allande), mientras que, por ejemplo, la principal fuente de ingresos en el *sistema puertos* es consecuencia de venta de animales para vida, lo que representa casi un 55 % de los ingresos totales, en el sistema de *semiestabulación regular*, esta fuente representa sólo el 18 %, siendo los ingresos por venta de carne la fuente que representa el mayor porcentaje con un 52 %. En ambos sistemas los ingresos por subvenciones representan un porcentaje similar del 15 % (datos sin publicar tomados de RODRÍGUEZ y ALFAGEME, 1996).

El objetivo simplificado en esta raza se establece como el mérito genético directo para un único carácter: *velocidad de crecimiento*. Sin embargo, se proporciona al ganadero, que es en último lugar el elemento que decide la selección, información sobre méritos genéticos para otros caracteres de crecimiento, de reproducción y morfológicos como: 1) los caracteres recogidos en campo: peso al nacimiento, velocidad de crecimiento predestete, dificultad al parto, edad al primer parto, intervalo entre partos, porcentaje de cularidad, conformación; 2) los que se basan en información recogida en

un Centro de Selección Individual: velocidad de crecimiento postdestete, desarrollo muscular o diametro testicular.

El impacto de un programa de mejora y, por lo tanto, su justificación depende de dos factores: diferencial genético anual que se logre y, número de animales que son afectados, es decir, de las dimensiones del estrato de selección y de la posibilidad de utilización de técnicas de reproducción asistida que puedan difundir el diferencial genético a un gran número de animales. Las dimensiones de este programa, de una forma resumida, está limitado por la población base, objeto potencial del uso del diferencial genético logrado en el núcleo de selección, y por las dimensiones del núcleo de selección. La población base está constituida por unas 70.000 vacas, que pueden ser incluidas en lo que se denominaría raza pura más otras 15.000 vacas con diversos porcentajes de genes de otras razas en su genoma, pero que utilizan reproductores de raza Asturiana para tender hacia su estándar racial. La población sometida a selección está constituida por 7.000 vacas organizadas en núcleos de rendimiento (27 en la actualidad) que proporciona unos 120 toros para valoración individual en estación por año.

N° total de vacas	70.000
Vacas en el Estrato de Mejora	7.000
Toros en Selección Individual	120
% I.A en Estrato de Mejora	20

Después de 4-5 años, durante los que se ha puesto en funcionamiento la organización de los núcleos de control de rendimientos, se han analizado los diferentes caracteres recogidos, tanto en campo como en el Centro de Selección Individual, se han desarrollado los programas de clasificación genética y se ha mostrado al ganadero cómo puede ser utilizada la información sobre méritos genéticos, estamos diseñando el esquema de selección que permita, de la forma más controlada posible, la reposición de vacas y toros de manera que se logre el mayor avance genético en el sentido deseado (DUNNER *et al.*, 1993; CAÑON *et al.*, 1994; GOYACHE *et al.*, 1995a y 1995b; CAÑÓN *et al.*, 1996a y 1996b; GOYACHE *et al.*, 1996a y 1996b; GUTIERREZ *et al.*, 1995; GUTIERREZ *et al.*, 1996; GUTIERREZ y CAÑÓN, enviado a publicar).

Hasta este año ASEAVA no disponía de los fondos necesarios para 'obligar' al ganadero propietario de un ternero de interés a que se integrara en el programa. A partir de este año la situación se modifica, ASEAVA puede adquirir los animales que interesen por su velocidad de crecimiento hasta el destete. Los mejores (5-10) por velocidad de crecimiento durante el período de estación y que superen un valor umbral predeterminado de desarrollo muscular se probarán a través de la velocidad de crecimiento predestete de su descendencia.

La prueba en el centro de selección individual se intenta acortar hasta una duración de 4 meses y registrar tan sólo crecimiento y desarrollo muscular. Este acortamiento, si finalmente se lleva a cabo, permitiría incrementar casi un 30 % el número de terneros que se prueban por año.

También está prevista la utilización de todos los toros no elegidos para I.A. del Centro de Selección Individual que superen los mínimos establecidos para calficación morfológica y desarrollo muscular, cubriendose la demanda restante con los animales mejores por crecimiento predestete de los núcleos de control de rendimientos.

Las vacas madres de sementales serán las que tengan mejores méritos genéticos para crecimiento predestete con una precisión superior a 0,6 y no estén por debajo del nivel exigido para la calificación morfológica. Para la selección de vacas madres de vacas el ganadero dispondrá de su mérito genético directo para peso al destete.

Modelos empleados en la estimación de componentes de varianza y en la evaluación genética

Los mismos modelos se emplean para estimar los componentes de varianza y evaluar genéticamente a los animales.

Para caracteres de crecimiento se ajusta un modelo animal, con efectos genéticos, directo y materno asumiendo una correlación entre ambos. Los caracteres empleados son peso al nacimiento, peso al destete y ganacia diaria predestete.

Se realizan evaluaciones para dos caracteres categóricos mediante un modelo semental en el que no se tiene en cuenta ningún tipo de influencia materna, aplicando la teoría del modelo umbral. Los caracteres que se analizan de esta manera son la dificultad de parto (4 categorías) y el porcentaje de descendientes culones (3 categorías).

Los modelos empleados se detallan a continuación.

Modelo de evaluación genética empleado para carácteres de crecimiento

$$y = Xb + Za + Wm + e$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ b \\ a \\ m \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ b \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} y \\ a \\ \\ m \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZA\sigma_a^2 + WA\sigma_{am} & WA\sigma_m^2 + ZA\sigma_{am} & I\sigma_e^2 \\ & A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 \\ & & A\sigma_m^2 & 0 \\ & & & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

$V = ZA\sigma_a^2 + WAW'\sigma_m^2 + (ZAW' + WAZ')\sigma_{am} + I\sigma_e^2$
y vector de datos
X, Z y *W* matrices de incidencia
***b* vector de efectos fijos:**

- **Núcleo x Año**
- **Estación (3 niveles)**
- **N° parto (4 niveles, el cuarto engloba también los partos posteriores)**
- **Sexo del ternero**
- **(Peso al destete y Ganancia diaria predestete) Covariable lineal y cuadrática: edad al destete.**

***a* y *m* efectos aleatorios genéticos directo y materno respectivamente**
e residuo

Modelo de evaluación genética facilidad de parto y cularidad

$$\mathbf{y = Xb + Zs + e}$$

$$E \begin{bmatrix} y \\ b \\ s \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ b \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$Var \begin{bmatrix} y \\ s \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} V & ZA_s\sigma_s^2 & I\sigma_c^2 \\ & A_s\sigma_s^2 & 0 \\ & & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

$\mathbf{V = ZA_sZ'\sigma_a^2 + I\sigma_e^2}$

y vector de valores de la variable subyacente
***X* y Z matrices de incidencia**
***b* vector de efectos fijos:**
- **Núcleo x Año**
- **Estación (3 niveles)**
- **Nº parto**
- **Sexo del ternero**

***s* semental**
***e* residuo**

En la tabla 1 que se presenta en la siguiente página se resume la información disponible para los caracteres de crecimiento a fecha 1 de enero de 1996, datos que han sido utilizados en la última valoración.

Los valores que aparecen en esta tabla 2 han sido obtenidos mediante modelos univariados para cada uno de los caracteres y son los empleados en la valoración.

Recientemente hemos realizado una estimación de parámetros genéticos mediante un modelo bicarácter analizando simultáneamente el peso al nacimiento y la ganancia diaria predestete con los mismos modelos univariables anteriormente expuestos a excepción de la covarianza entre efectos genéticos directos y maternos para un mismo carácter, aunque la inclusión de esta componente está en preparación y será próximamente analizada, dada la importancia que parece tener en los caracteres medidos al destete. El número de registros empleado fue de 14.078 de los cuáles 8.980 presentaban valores en ambos caracteres, 4.368 sólo tenían el peso al nacimiento y 730 presentaban únicamente la ganancia diaria predestete.

Los resultados de heredabilidades y correlaciones genéticas obtenidas para ambos efectos fueron las siguientes (en negrita el valor de las correlaciones genéticas:

	PN	VC
Directo	0,3669	**0,2446**
		0,3904
Materno	0,1076	**-0,1214**
		0,0129

TABLA 1
DATOS EMPLEADOS EN LA VALORACIÓN DEL AÑO 1996

	PN	PD	VC
N° de animales	**20.250**	**15.382**	**15.380**
* con registro	**13.347**	**9.578**	**9.577**
* Padres	852	777	776
* Madres	6.643	5.451	5.451
- con registro y descendientes	**591**	**430**	**430**
* Toros	87	84	84
* Vacas	504	346	346
Efectos Ambientales:			
- Grupo-año	216	218	218
- Epoca parto	3	3	
- Número de parto	4	4	
- Sexo ternero	2	2	
- Edad destete (covariable orden 2)		$\mu = 191$	$\sigma = 52,5$

La información genealógica junto con el número de datos estadísticos sencillos y disponibles en la valoración, se resume, asimismo, en las siguientes tablas:

	N° total animales	N° animales base	Resto animales
Peso nacimiento	20.250	4.373	15.877
Peso destete	15.382	3.568	11.814
Veloc. crecim. (g./día)	15.380	3.569	11.811
Dific. al parto	800 (machos)	117	683
Porcentaje de culones	807 (machos)	116	691

	N° terneros	Media	Desviac. Típica	Coef. Var.
Peso nacimiento	13.347	41,7	7,8	18,7
Peso destete	9.578	223,3	58,4	26,1
Veloc.crecim.(g./día)	9.577	986,0	251,0	25,5
Dific. al parto	15.416	–	–	–
% de culones	15.715	–	–	–

TABLA 2
PARÁMETROS GENÉTICOS OBTENIDOS MEDIANTE MODELOS UNICARÁCTER Y EMPLEADOS EN LA VALORACIÓN

	$h^2_a \pm$ E.S.	$h^2_m \pm$ E.S.	$h_{am} \pm$ E.S.	r_{am}
Peso nacimiento	0,34 ± 0,04	0,16 ± 0,03	-0,05 ± 0,03	-0,21
Peso Destete	0,55 ± 0,09	0,22 ± 0,07	-0,22± 0,07	-0,62
Veloc. Crecim.	0,49 ± 0,09	0,29 ± 0,07	-0,28 ± 0,07	-0,76
Dificultad de parto	0,48			
% de culones	0,50			

Llama la atención la correlación genética positiva para el efecto genético directo que contrasta con la negativa para el efecto genético materno, pero dado que se trata de un modelo incompleto este resultado debe tomarse como provisional.

Determinación genética de la cularidad y su influencia sobre los principales caracteres

Localización molecular del gen responsable

Si bien desde hace mucho tiempo no existe ninguna duda sobre la determinación genética de lo que se denomina hipertrofia muscular hereditaria, la forma precisa de herencia ha sido confusa, existiendo hipótesis monogénicas, con recesividad o dominancia parciales o completas, e hipótesis poligénica (HANSET y MICHAUX, 1985a, 1985b y revisión de ARTHUR, 1995).

Recientemente el locus *mh* ha sido asignado al cromosoma 2 mediante análisis de ligamiento en la raza Azul Belga (CHARLIER *et al.*, 1995) y otro trabajo (DUNNER *et al.*, 1996) muestra que este carácter en la raza Asturiana de los Valles es también consecuencia del mismo gen recesivo asignado a un locus del cromosoma 2. Este trabajo que demuestra, mediante análisis de ligamiento, una posición similar en ambas razas del locus *mh,* justificaría la idea de que el mismo gen es el responsable de los mismos comportamientos fenotípicos en ambas razas.

Aunque la evidencia de que se trata del mismo gen es fuerte, no existe el mismo grado de evidencia sobre si es la misma mutación la responsable de los mismos efectos en ambas razas. El fenotipo culón está asociado a diferentes alelos del marcador TGLA44, el 168 en Asturiana y el 166 en Azul Belga, posiblemente indicando que la entrada de este gen en cada una de estas razas no se produjo a través de los mismos individuos. Además en la raza Asturiana, a diferencia de la Azul Belga, se manifiesta un desequilibrio de ligamiento para otros marcadores más alejados del gen *mh* , posiblemente debido a que la introducción del gen es más reciente que en la población de

Azul Belga. El análisis de ligamiento proporciona resultados significativos (valores del *lod score* superior a 3 lo que supone un nivel de significación 0,001) para los cuatro marcadores en ambas razas, es decir, existe evidencia de asociación entre los microsatélites TGLA44, ILSTS026, INRA40 y TGLA431 con el locus *mh* del cromosoma 2.

En la tabla 3 se presenta la heterocigosis para cuatro marcadores centroméricos del cromosoma 2 en función de que se trate de un cromosoma portador del gen *mh* o de un cromosoma con el elelo original +, así mismo aparecen los valores de la Chi-cuadrado para probar la hipótesis de desequilibrio de ligamiento para cada marcador.

En la figura 1 se presentan las curvas de los valores de *lod scores* (logaritmos decimales de los cocientes de verisimilitud) obtenidos mediante un análisis de ligamiento multipunto, así como el orden más probable entre los marcadores utilizados y su posición con respecto al gen *mh* (la posición relativa de los marcadores ha sido confirmada mediante IBRP (International Bovine Reference Panel)). Las distancias entre los genes se obtuvo mediante la función de Haldane a partir de las estimas de la fracción de recombinación obtenidas por máxima verosimilitud (DUNNER *et al.*, 1996). Los tres tipos de curvas corresponden a la raza Asturiana de los Valles (ALV) –que es la que presenta menores precisiones para los Z_{max} debido a la menor disponibilidad de información–, la raza Blanco Azul Belga (BBB) y la curva que se obtiene utilizando la información conjunta de las dos razas. Los valores máximos para los lod scores se obtienen en ambas razas en la proximidad del marcador TGLA44. Un análisis multipunto de desequilibrio de ligamiento, utili-

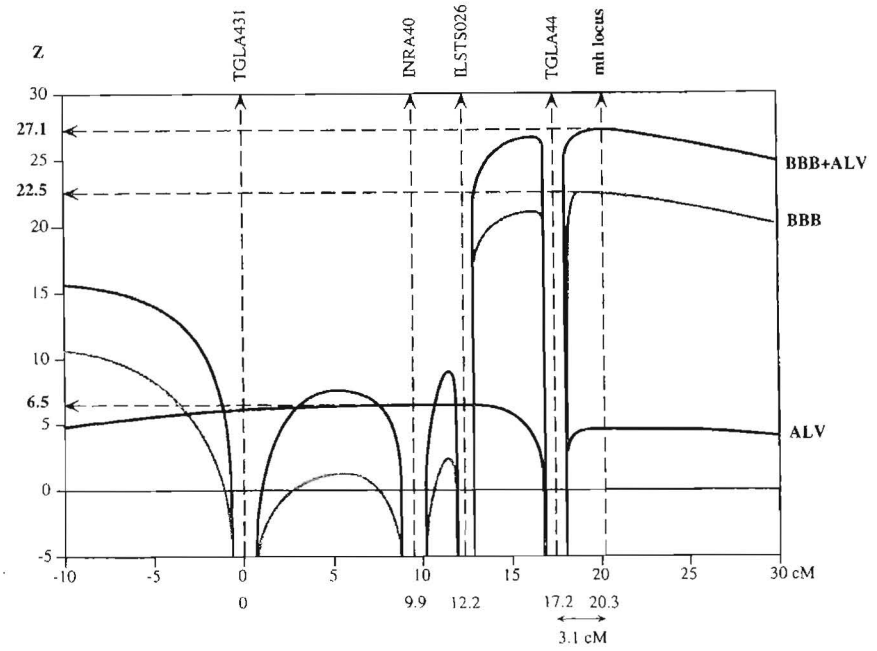


Figura 1

TABLA 3
HETEROCIGOSIS PARA 4 MARCADORES CENTROMÉRICOS DEL CROMOSOMA 2

Marcador	TGLA44		ILST026		INRA40		TGLA431	
	BBB	ALV	BBB	ALV	BBB	ALV	BBB	ALV
Cromosoma +	0,73	0,78	0,60	0,75	0.83	0,94	0,82	0,79
Cromosoma mh	0,68	0,53	0,53	0,32	0,78	0,80	0,81	0,61
Chi-Cuadrado	23	37,5	2,6	43	18,9	37,8	8,5	22,3
	(9)	(10)	(4)	(4)	(16)	(26)	(11)	(12)
$\alpha = 0,05$		*	*	NS	*	NS	NS	NS *

BBB: raza Azul Belga; ALV: raza Asturiana de los Valles

zando el procedimiento propuesto por TERWILLIGER (1995), confirmó la posición del locus putativo *mh* en la proximidad del TGLA44 en ambas razas (resultados no presentados).

Aunque estos análisis de ligamiento se han realizado más frecuentemente mediante el estudio de la cosegregación del carácter con el marcador dentro de familias (como es el análisis presentado más arriba), otra forma de detectar esta correlación es mediante el análisis de individuos, no necesariamente emparentados, a nivel de población tratando de localizar asociaciones entre determinados marcadores y el fenotipo de interés. Estos 'estudios de asociación', si no se dispone de información adicional, requieren utilizar un gran número de marcadores y carecen de suficiente potencia si el marcador está situado más allá de 1 cM del gen candidato. En nuestro caso disponemos, por un lado, de información sobre la región aproximada donde se encuentra el gen candidato y de una serie de microsatélites situados en su proximidad y, por otro, podemos trabajar con 'pooles' de ADN y marcadores tipo RAPDs con el fin de llevar a cabo un cartografiado preciso de la región próxima al locus *mh* en el cromosoma 2 (objetivo del proyecto financiado por la CICYT AGF95-0853), método ya utilizado en ratones, por ejemplo HORVAT y MEDRANO (1996), para saturar la región que rodea al locus hg (high growth).

Estamos empezando a realizar otro tipo de análisis con los datos fenotípicos, como son la estimación de la penetrancia (previa caracterización de los genotipos utilizando los marcadores conocidos) y la prevalencia. En la tabla 4 se presenta la variabilidad en la expresión de la cularidad al realizar los diferentes tipos de cruzamiento.

La frecuencia de aparición del porcentaje de culones al cruzar N x N (13) y al cruzar DM x N y N x DM (33 y 32) podría ajustarse a la hipótesis de un locus y dos

TABLA 4
FRECUENCIA DE TERNEROS NORMALES O CULONES OBTENIDOS EN LOS DIFERENTES TIPOS DE CRUZAMIENTO

	Normal	DM
DM x DM	38	62
N x N	87	13
DM x N	67	33
N x DM	68	32

alelos en el que el alelo *mh,* responsable de la hipertrofia muscular, se comportara como recesivo frente al alelo normal y la frecuencia de animales fenotípicamente normales y genotípocamente heterocigotos fuera del 66 %. Asumiendo esta hipótesis se puede analizar la segregación de las vacas supuestamente heterocigotas con dos o más descendientes y ver si el número de hijos normales y culones sigue una distribución binomial bajo la hipótesis de un gen con dos alelos.

Comparación entre animales culones y normales para caracteres económicos

A pesar de las ventajas productivas de los animales con fenotipo culón, sobre todo las relacionadas con rendimiento y calidad de la canal y, eficiencia en la transformación de alimentos, algunos de los problemas asociados a este fenotipo han dado lugar a manifestaciones contradictorias sobre su ventaja relativa. Desde nuestro punto de vista no se puede generalizar sobre la ventaja relativa de la presencia de este gen al depender básicamente del sistema de producción y del diferencial de precio que se pague por la canal de estos animales. El caso del Principado de Asturias puede ser especialmente favorable para que se produzca una difusión grande de este gen, al tener sistemas de explotación intensiva desde el punto de vista de la mano de obra y al pagarse un sobreprecio por las canales de los animales culones, entre un 30 y un 45 % superior al de los animales normales, con la ventaja adicional de que la demanda de animales culones es menos elástica y sufre menos las fluctuaciones de los precios.

Una de las críticas más frecuentes a la utilización del gen de la hipertrofia muscular, además de los argumentos de rentabilidad, tiene su base en conceptos relacionados con el bienestar animal. El elevado porcentaje de partos difíciles y cesáreas que se producen en algunos sistemas de manejo y algunas razas europeas o americanas es la base de esas críticas. En la raza asturiana de los valles no existe esa extrema frecuencia de partos difíciles tal y como se puede apreciar en las tablas 5, 6 y 8.

El tipo de vaca no tiene una influencia significativa sobre la distocia, contrariamente a lo que se ha repetido muchas veces, y las vacas culonas presentan sólo un porcentaje de distocia 1,3 puntos superior a las vacas normales (Tabla 6). Son éstas, las vacas normales, las que presentan el mayor porcentaje de distocia (21,4) cuando paren

TABLA 5
FRECUENCIA (EN %) DE DIFICULTAD AL PARTO
(CATEGORÍAS DE RESPUESTA 3 Y 4) DE TERNEROS NORMALES Y CULONES
EN FUNCIÓN SEL SEXO DEL TERNERO

Tipo de ternero	DM	Normal	Media	N
Sexo del ternero				
Macho	21,6	2,8	11,8	5.185
Hembra	12,8	1,	6,0	4.671
Media	17,7	2,4		
N	4.487	5.369		9.856

TABLA 6
FRECUENCIA (EN %) DE DIFICULTAD AL PARTO (CATEGORÍAS 3 Y 4) EN VACAS NORMALES Y CULONES EN FUNCIÓN DEL TIPO DEL TERNERO

Tipo de vaca	DM	Normal	Media	N
Tipo de Ternero				
DM	12,1	21,4	17,7	3.831
Normal	1,0	2,5	2,4	5.082
Media	10,1	8,8		
N	1.307	7.606		8.913

TABLA 7
PESO AL NACIMIENTO EN FUNCIÓN DEL TIPO DE LA VACA Y DEL TIPO DE TERNERO

	Tipo de vaca	DM	Normal	Media
Tipo de ternero	DM	41,3	44,5	43,5
	Normal	36,6	39,8	39,7
	Media	40,5[a]	41,4[b]	

Tipo de ternero			
DM		Normal	
Macho	Hembra	Macho	Hembra
44,9[a]	42,0[b]	40,7[c]	38,5[d]
Media	43,5[a]	39,7[b]	

Errores estándares de las medias varían entre 0,08 y 0,18
Letras diferentes en la misma fila indica diferencias significativas para un valor de $\alpha = 0,01$

un ternero culón, seguramente debido a los mayores valores que para el peso al nacimiento tienen sus terneros 44,5 *vs* 41,3 kg. (ARTHUR *et al.*, 1988). No aparecen interacciones para dificultad al parto entre el tipo de la vaca y otros efectos principales, considerados en el modelo como el sexo, tipo de ternero o número de parto de la vaca. Sin embargo, para peso al nacimento existe una clara interacción (GOYACHE, 1995) (datos no presentados en este texto) entre el tipo de vaca y el tipo del ternero.

En la tabla 8 los valores de las diferencias entre DMxDM y NxN reflejan las diferencias debidas al conjunto de los efectos directos y maternos entre los animales culones y los animales normales. Los animales culones daban un mayor porcentaje de dificultad al parto (categorías 3 y 4) asi como un mayor crecimiento predestete que los animales normales. Los cruzamientos recíprocos NxDM y DMxN reflejan las diferencias entre las aptitudes maternas de las vacas culonas frente a las normales con el

TABLA 8
VALORES MEDIOS SIN AJUSTAR (N = 7.701 OBSERVACIONES) DE LOS PRINCIPALES CARACTERES PRODUCTIVOS PREDESTETE EN FUNCIÓN DEL TIPO DE CRUZAMIENTO DE LOS PADRES (DIFICULTAD AL PARTO INCLUYE LAS CATEGORÍAS 3 Y 4)

	Tipo de apareamiento					
	DMxDM	DMxN	NxN	NxDM	Diferencia	Diferencia
Dificultad al parto %	10,2	8,7	8,4	8,1	21	- 6,9
PN	40,6	41,7	40,3	38,3	0,5	- 8,2
PD	215	223	218	219	-1	- 1,8
PD180	209	219	205	221	2	+1,0
GMD	936	986	915	1.011	2	+2,5
CR	90,9	92,7	88,6	99,8	2,6	+7,7
Porcentaje de machos	48,7	49,9	49,3	47,7	-1,2	- 4,4

[a]: (DMxDM - NxN)/NxN en porcentaje
[b]: (NxDM - DMxN)/DMxN en porcentaje
PN: Peso al nacimiento; PD: Peso al destete sin ajustar para la edad; PD_{180}: Peso al destete ajustado a 180 días de edad; GMD: Ganancia media diaria predestete en g./día; CR: Crecimiento Relativo $((\ln(pd/pn))/edad)*10^4$

sorprendente resultado de que las hembras culonas tienen un menor porcentaje de partos difíciles y una mayor habilidad maternal para el crecimiento de sus terneros. Los mayores valores del crecimiento relativo (ganancia diaria por unidad de peso al nacimiento) cuando se utilizan vacas culonas se justificaría por dos vías, el menor peso al nacimiento de los terneros de estas vacas (-8,2 %) junto con la mayor ganancia media diaria (2,5 %) de los terneros de vacas culonas. Resulta también curioso en la tabla 8 el porcentaje de machos que aparece siempre reducido cuando se compara DMxDM con NxN o NxDM con DMxN contrariamente a lo que se suele citar.

El tipo de vaca influye significativamente en el peso al nacimiento pero, contrariamente a lo que aparece en la bibliografía (Vissac *et al.*, 1973), las vacas normales producen terneros más pesados que las vacas culonas seguramente causado por el inferior tamaño y peso adulto de estas últimas.

No existe una evidente superioridad para el crecimiento predestete de los terneros culones y, aunque pequeña, sí aparece una diferencia significativa de las vacas normales que destetan terneros más pesados cuando el semental que se utiliza en ambos casos manifiesta hipertrofia muscular.

El intervalo entre partos en esta raza se ve influido fundalmentalmente por el sistema de explotación y por el número de parto de la vaca y de forma menos evidente por el tipo de vaca. Tan sólo cuando un parto se resuelva mediante cesárea se produce un significativo alargamiento del intervalo entre partos. Las vacas culonas alargan el intervalo entre partos en 10 días y los terne-

TABLA 9
CARACTERES DE CRECIMIENTO PREDESTETE EN ANIMALES CULONES Y NORMALES

	Tipo de madre		Tipo de ternero	
	Normal	DM	Normal	DM
PD	220[a]	211[b]	219[a]	216[b]
PD180	218[a]	216[b]	217[a]	217[a]
GMD	983[a]	945[b]	982a	961[b]
CR	92,9[a]	92,2[a]	94,5[a]	90,2[b]

a: Las pequeñas diferencias que pueden apreciarse entre los resultados de la tabla 8 y los de la tabla 9 son debidos a que en la tabla 9 se utilizó una base de datos más reducida, al perder información por el modelo que se ajusto
PD: Peso al destete sin ajustar para la edad; PD180: Peso al destete ajustado a 180 días de edad;
GMD: Ganancia media diaria predestete en g./día; CR: Crecimiento Relativo ((ln(pd/pn))/edad)*10^4

TABLA 10
INTERVALO ENTRE PARTOS (IEP) EN FUNCIÓN DEL TIPO DE VACA Y DEL TIPO DE TERNERO

	Tipo de madre		Tipo de ternero	
	Normal	DM	Normal	DM
IEP	375[a]	385[b]	373[a]	380[b]

ros normales producen intervalos entre partos posteriores 7 días más cortos que los terneros culones.

La edad al primer parto (Tabla 11) depende fundamentalmente del sistema de explotación, existiendo un tratamiento preferencial de las novillas culonas en los sistemas de manejo no tradicionales. Por termino medio las novillas culonas retrasan 1 mes su primer parto sobre las normales.

El conjunto de estos resultados están muy lejos de otros publicados para otras razas (ver revisión de Arthur, 1995), tanto europeas (el caso más significativo es el de la raza azul belga) como americanas (en muchas ocasiones poblaciones sintéticas constituidas por diferentes porcentajes de genes de Angus a Durham). Estas diferencias son en el sentido de una reducción de los aspectos negativos que tradicionalmente se han relacionado con la presencia de la hipertrofia muscular.

TABLA 11
EDAD AL PRIMER PARTO EN VACAS NORMALES Y CULONAS

Tipo de vaca	
Normal	DM
931 (31)[a]	969 (32)[b]

Entre paréntesis la edad en meses

Así, por ejemplo, los terneros culones nacidos de cruzamiento entre vaca y toros culones con un peso medio al nacimiento superior en la raza Asturiana en un 30 % (41 vs 31) respecto a, por ejemplo, razas americanas presentan, sin embargo, un porcentaje de dificultad al parto (categorías 3 y 4) inferiores en un 50 % (12,1 vs 26,7) a las indicadas para esas mismas poblaciones. Tampoco se observa el efecto negativo de la madre con hipertrofia sobre la dificultad al parto, presentando valores inferiores que cuando la madre es normal.

Algo similar ocurre con el retraso en la edad a la pubertad que se asigna a las vacas culonas, como una de las causas de su hipotética fertilidad reducida, por ejemplo MÉNISSIER (1982) indica para la raza Charolesa que sólo el 50 % de las novillas con hipertrofia muscular tienen el primer celo a los 30 meses de edad frente al 100 % de las novillas normales. De acuerdo con los datos de la tabla 11 los resultados en la Asturiana de los Valles presentan una imagen muy diferente al tener 32 meses de edad las novillas culonas al primer parto, es decir el primer celo fértil por término medio lo han tenido, como muy tarde, a los 22,5 meses de edad. La diferencia con novillas normales es tan sólo de 38 días en la edad al primer parto, siendo además esta diferencia atribuible principalmente al efecto del sistema de explotación al darse un tratamiento preferencial a las novillas culonas en los sistemas de manejo no tradicionales. En cuanto al intervalo entre partos, otro de los efectos que tienen un gran impacto en sistemas de producción donde la tasa reproductiva es baja, las diferencias que se aprecian entre vacas culonas que paren un ternero culón y vacas normales que paren un ternero normal es de alrededor de 10 días, valor que resulta sorprendentemente bajo.

Otra diferencia respecto a otras razas es el porcentaje de machos (cociente entre sexos) que se obtiene cuando el gen de la hipertrofia muscular está implicado. Algunos autores observan un mayor porcentaje de machos cuando la madre manifiesta la hipertrofia muscular (ARTHUR *et al.*, 1989) con independencia de que el padre sea o no portador del gen de la hipertrofia y, otros autores lo que encuentran es un mayor porcentaje de nacimientos de terneros machos que manifiestan la cularidad (HANSET, 1967). Sin embargo, con nuestros resultados no se puede rechazar la hipótesis de un cociente de sexos diferente a 1:1 ya que ni los apareamientos entre animales culones producen un porcentaje superior de machos, ni es superior el porcentaje de machos culones respecto al de hembras culonas que se obtienen de apareamientos de sementales, culones o no, con vacas culonas.

Caracteres de crecimiento postdestete

Los caracteres postdestete se han recogido de los animales que entran en el Centro de Selección Individual de Somió para ser evaluados genéticamente. Los animales entran con una edad media de 6,5 meses de edad, permanecen durante 2,4 meses en período de adaptación antes de comenzar la recogida de pesos para la valoración de crecimiento recibiendo, a partir de entonces, un concentrado de alta energía y heno y paja *ad libitum*. Los terneros se pesan a la entrada y cada mes y las medidas morfológicas se recogen aprovechando la última pesada que realizan en el Centro de Selección Individual.

Los valores medios de los principales caracteres por tipo de animal se presentan en la tabla 12.

Resulta evidente que con el sistema de manejo que se practica en el Centro de Selección Individual, con concentrado restringido en función del peso medio de la serie, los animales culones tienen un comportamiento significativamente peor que los normales en cuanto a velocidad de crecimiento. Los animales culones ponen 24 kg. menos que los normales durante los 7 meses que se pasan en el centro.

En la tabla 13 se dan los valores medios de los principales caracteres morfológicos que se miden en el Centro de Selección Individual.

Los animales culones son más cortos, bajos y estrechos de pecho.

Será necesario disponer de información adicional para contestar con precisión sobre las ventajas relativas de los animales culones. Hemos comenzado la comparación del comportamiento, en condiciones experimentales, tanto del crecimiento predestete, crecimiento postdestete y características de

TABLA 12
VALORES MEDIOS DE LOS CARACTERES DE CRECIMIENTO POSTDESTETE EN FUNCIÓN DEL TIPO DE TERNERO

	Normal	Culón
Peso de entrada	265	256 NS
Peso al comienzo de la prueba	337	320 *
Peso final	509	475 *
Edad a la entrada	203	204 NS
Duración del:		
* período de adaptación	73	72 *
* período de prueba	141	139 NS
Crecimiento adaptación	991	896 *
Crecimiento prueba	1.213	1.106 *
Crecimiento relativoa	30,5	29,3

a: Crecimiento relativo = (ln(peso final/peso entrada)/duración testaje)*104

TABLA 13
VALORES MEDIOS DE LOS CARACTERES MORFOLÓGICOS EN FUNCIÓN DEL TIPO DE TERNERO

	Normal	Culón
Alzada	122	120 *
Longitud	149	144 *
Anchura de ancas	51	52 NS
Profundidad de pecho	61	59 *
Perímtero torácico	181	179 *
Calificación morfológica	72	74 *
Puntuación cular	3,7	11,9 *
Diametro escrotal	35	32 *

los animales al sacrificio, calidad de canal y de carne de lotes de animales culones, normales, frisones y F1 culón x frisón. Estos datos, junto con el dato de mortalidad perinatal y el coste relativo de cada tipo de animales proporcionará dicha información. Para entonces estará más claro el poder de los marcadores para detectar la presencia del gen culón lo cual permitirá racionalizar cualquier gestión relacionada con la presencia de este gen.

Conclusión

Existen marcadas diferencias en el comportamiento de la mayoría de los caracteres productivos entre los animales que manifiestan la hipertrofia muscular de la raza Asturiana de los Valles y los de otras razas europeas o americanas. La mayoría de las diferencias son en el sentido favorable a aquella raza. Es necesario analizar con mayor detenimiento estos datos, pero sería convienente señalar, primero, que el número de observaciones con las que hemos trabajado es elevado y, en segundo lugar, que aunque puede existir la tentación de justificar algunos resultados por una deficiente asignación fenotípica de la cularidad, los resultados que se han obtenido en el análisis de ligamiento parecen demostrar que no existe mucho error en la detección de los animales portadores del gen de la cularidad, ya que con un número relativamente reducido se han conseguido valores de ligamiento significativos (se ha descartado que este ligamiento fuera fruto de un mal muestreo).

Si los resultados que aquí se presentan tienen confirmación posterior en términos generales, aumentaría el interés relativo de los animales portadores del gen de la cularidad que sería muy superior al que a veces se ha asignado de una forma general para otras razas por algunos investigadores. El problema del bienestar animal que a veces se ha invocado por el incremento del número de cesáreas que en algunas razas manifiestan las hembras con doble musculatura no parece que sea algo que deba asignarse al efecto del gen de la hipertrofia muscular sino a la selección para un determinado desarrollo muscular en esas razas o a una interacción del efecto raza con el gen de la hipertrofia. El efecto sobre el incremento en la frecuencia de distocias que se puede asignar a algunas de las razas europeas de carne cuando se utilizan en cruzamiento industrial sobre algunas de las razas autóctonas españolas podría ser superior al que se puede asignar al gen responsable de la cularidad.

Bibliografía

ARTHUR, P.F.; MAKARECHIAN, M. y PRICE, M.A. 1988. "Incidence of dystocia and perinatal calf mortality resulting from reciprocal crossing of double-muscled and normal cattle". *Can. Veter. J.*, 29: 163-167.

ARTHUR, P.F., 1995. "Double muscling in cattle: a review". *Aust. J. Agric. Res.*, 46: 1493-1515.

CAÑON, J.; GUTIERREZ, J.P.; DUNNER, S.; GOYACHE, F.; VALLEJO, M., 1994. "Herdbook analyses of the Asturiana Beef Cattle breeds". *Genetics, Selection and Evolution*, 26:65-75.

CAÑON, J.; GOYACHE, F.; GUTIERREZ, J.P.; DUNNER, S. 1996a. "Objetivos y esquema de mejora genética en la raza asturiana de los valles". En: *El programa de Mejora Genética de la Raza Asturiana de los Valles*. BOVIS, 68: 25-38.

CAÑON, J.; GUTIERREZ, J.P.; DUNNER, S.; GOYACHE, F.; VALLEJO, M., 1996b. "Estructura genética de la población de asturiana de los valles". En: *El programa de Mejora Genética de la Raza Asturiana de los Valles*. BOVIS, 68: 39-43.

CHARLIER, C.; COPPIETERS, W.; FARNIR, F.; GROBET, L.; LEROY, P.L.; MICHAUX, C.; MINI, M.; SCHWERS, A.; VANMANSHOVEN, P.; HANSET, R.; GEORGES, M.

1995. "The mh gene causing double-muscling in cattle maps to bovine Chromosome 2". *Mamm. Genome,* 6: 788-792.

DUNNER, S.; ALONSO, L.; GOYACHE, F.; CIMA, M.; CAÑON, J.; GUTIERREZ, J.P. 1993. La race bovine de viande Asturienne des Vallées. Animal Genetic Ressources Information (AGRI) 11: 75-84.

DUNNER, S.; CHARLIER, C.; BROUWERS, B.; CANON, J., GEORGES, M. 1996. "Double-muscling in the Asturiana de los Valles breed involves the same mh locus as in the Belgian Blue breed". *XXVth International Conference on Animal Genetic.* Tours (Francia). 21-25 Julio.

GOYACHE, F.; GUTIERREZ, J.P.; DUNNER, D.; CAÑON, J. 1995a. "Principales efectos ambientales que influyen sobre el intervalo entre partos de la Asturiana de los Valles". *Archivos de Zootecnia,* 44: 317-334.

GOYACHE, F.; VILLA, A.; CAÑON, J.; GUTIERREZ, J.P.; DUNNER, S.; RODRÍGUEZ, A.A. 1995b. "Organización de los programas de mejora en la raza Asturiana de los Valles". En: *Reproducción en Porcino, Bovino. Pequeños Rumiantes, Otras especies.* Vol. XIV. Ed. CGCVE. Pgs.: 151-170.

GOYACHE, F.; VILLA, A.; DUNNER, S.; GUTIERREZ, J.P.; ALONSO, L.; VALLEJO, M.; CAÑON, J. 1996a. "Importancia de la hipertrofia muscular hereditaria en la raza asturiana de los valles". En: *El programa de Mejora Genética de la Raza Asturiana de los Valles.* BOVIS, 68: 45-61.

GOYACHE, F.; GUTIERREZ, J.P.; CAÑON, J. 1996b. "Influencia de los efectos ambientales sobre los caracteres de importancia económica". En: *El programa de Mejora Genética de la Raza Asturiana de los Valles.* BOVIS, 68: 63-69

GUTIERREZ, J.P.; CAÑON, J.; GOYACHE, F. 1995. "Estimación de parámetros genéticos para caracteres de crecimiento con influencia materna en la raza Asturiana de los Valles". *I.T.E.A.,* Vol. Extra, 16: 224-226.

GUTIERREZ, J.P.; GOYACHE, F.; CAÑON, J. 1996. "Principales parámetros genéticos de los caracteres de importancia económica". En: *El programa de Mejora Genética de la Raza Asturiana de los Valles.* BOVIS, 68: 71-90.

HANSET, R.; MICHAUX, C. 1985a. "On the genetic determinism of muscular hypertrophy in the Belgian White and Blue cattle breed. I Experimental data". *Génét. Sél. Evol.,* 17: 359-368.

HANSET, R.; MICHAUX, C. 1985b. "On the genetic determinism of muscular hypertrophy in the Belgian White and Blue cattle breed". *II Population data. Génét. Sél. Evol.,* 17: 369-386.

HANSET, R.; MICHAUX, C.; STASSE, A. 1987. "Relationships between growth rate, carcass composition, feed intake, feed conversion ratio and income in four biological types of cattle". *Génét. Sél. Evol.,* 19: 225-248.

HORVAT, S. y MEDRANO, J.F. 1996. "Fine genetic mapping of the region surrounding *the high growth (hg)* locus in mouse Chromosome 10: targeting random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers". *Mamm Genome,* 7: 312-314.

MENISSIER, F. 1982. "General survey of the effect of double muscling on cattle performance". En: *Muscle Hypertrophy of Genetic Origin and its Use to Improve Beef Production.* Ed.: J.W.B. King y F. Ménissier. *Current Topics in Veterinary Medicine and Animal Science.* Martinus Nijhoff Publs. Pgs.: 23-53.

TERWILLIGER, J.D. 1995. "A powerfull likelihood method for the analysis of linkage disequilibrium between trait loci and one or more polymorphic marker loci". *Am. J. Hum. Genet.,* 56: 777-787.

VISSAC, B.; MENISSIER, F.; PERREAU, F. 1973. "Etude du caractère culard". VII Croissance et musculature des femelles, déséquilibre morphologique au vêlage. *Ann. Génét. Sél. Anim.,* 5: 23-38.