ISSN: 1130-6009

ITEA

PRODUCCIÓN ANIMAL

Asociación
Interprofesional
para el Desarrollo
Agrario

1998 – Vol. 94A N.° 3



I T E A

Información Técnica Económica Agraria
Revista de la Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario

1998 - AÑO XXIX Vol. 94 A N.º 3	**DIRECCIÓN Y REDACCIÓN** Montañana, 176 - Apartado 727 50080 ZARAGOZA (ESPAÑA) Tel.: 34-976 576311 Fax.: 34-976 575501 E-mail: alberti@mizar.csic.es notivol@mizar.csic.es joseluis@mizar.csic.es	Depósito legal: Z-577-82 ISSN: 1130-6009 INO Reproducciones. S.A. Polígono Miguel Servet. nave 13 50013 Zaragoza

COMITÉ DE REDACCIÓN

DIRECTOR: Pere Albertí Lasalle
SUBDIRECTOR: Joaquín Uriarte Abad
SECRETARIOS: Serie Producción Vegetal: Eduardo Notivol Paíno
Serie Producción Animal: José Luis Alabart Álvarez
VOCALES: José Álvarez Álvarez
Rafael Delfa Belenguer
Joaquín Gómez Aparisi
Emilio Manrique Persiva
Clara Marín Alcalá
Juan A. Marín Velázquez
Luis Pérez y Pérez
M.ª Dolores Quílez Sáez de Viteri
Carlos Zaragoza Larios

JUNTA DIRECTIVA DE A.I.D.A.

PRESIDENTE: Leonardo Plana Claver
VICEPRESIDENTES: 1.º Emilio Manrique Persiva
2.º Rafael Socias i Company
SECRETARIO: José Álvarez Álvarez
TESORERO: Joaquín Uriarte Abad
VOCALES: José Folch Pera
Miguel Cambra Álvarez
Ricardo Revilla Delgado
Joaquín Gómez Aparisi
Antonio Felipe Mansergas
Pere Albertí Lasalle
Dunixi Gabiña Iturriaga

Prohibida toda reproducción total o parcial sin autorización expresa
de la Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario, editor titular del Copyright.

ITEA no se responsabiliza necesariamente con las opiniones vertidas en los artículos firmados
que publica, cuya responsabilidad corresponde a sus autores.

Suscripciones y Distribución

Información Técnica Económica Agraria publica tres números en volumen. En 1998 se publicarán los volúmenes 94A y 94V correspondientes a las series Producción Animal y Producción Vegetal.

El precio de la suscripción para 1998 será de 4.000 ptas. para una serie y de 5.500 ptas. para las dos series.

Se acepta el intercambio con otras revistas.

ITEA. Apartado 727. 50080 Zaragoza (ESPAÑA)

EDITORIAL

CENTRO DE INFORMACIÓN SOBRE ALIMENTOS

Desde que, en 1971, la FAO creó INFIC (International Network for Feed Information Center) se ha estado intentando establecer conexión, sin mucho éxito, entre los distintos centros nacionales que, a lo largo de todo el mundo, desde Alemania, Holanda y Francia, a USA y Australia, entre otros, han estado recogiendo y organizando la información disponible sobre la composición y el valor nutritivo de los alimentos.

En 1993, desde el entorno de la Secretaría de INFIC, se presentó al programa AIR de la UE, un proyecto de armonización de las actividades llevadas a cabo en el entorno de los países de la Unión Europea en este campo. Dicho proyecto ("Animal Feed and Nutrition") fue aprobado tras obligar a que en el mismo participaran todos y cada uno de los 12 países componentes de la Unión en ese momento.

El objetivo de dicho proyecto era el de poner en funcionamiento la Red de Centros de Información sobre Alimentos en el ámbito europeo (ENFIC) de forma que se facilitara el intercambio de información sobre cuantos aspectos relacionados con la alimentación animal pudiesen ser de interés recíproco. Este objetivo lleva implícito el apoyo a la creación, en su caso, de los Centros de Información nacionales, cuyas características deberían ser:

1. Reconocidos como Oficinas Centrales de Información sobre Alimentos de un determinado país.

2. Por su actividad, deberían estar situados en una zona intermedia entre el mundo científico y el práctico.

3. Su misión principal consistiría en la recogida de los datos sobre el valor nutritivo de los alimentos y las necesidades de los animales, actualizando de forma continua dichos valores y difundirlos o jugar un papel activo en su difusión.

4. En función de su estructura, podría facilitar información para la toma de decisiones en relación con los métodos de valoración nutritiva o la fijación de líneas de investigación, así como difundir las actividades de otros organismos y servir de Red de intercomunicación dentro del sector.

Junto a esta labor de intercambio de información, se pretendía armonizar los sistemas de valoración para facilitar el uso de la información recíproca.

Para ello se han llevado a cabo trabajos para la recogida de las metodologías analíticas y los sistemas de valoración en uso en cada uno de los países participantes, así como se ha desarrollado un programa informático que pudiera servir de soporte a las bases de datos generadas en cada Centro de Información Nacional.

Dentro de los objetivos para este próximo año está el intentar llegar al establecimiento de factores de equivalencia, que permitan intercambiar de forma automática los valores energéticos y proteicos atribuidos a los alimentos en cada uno de los países, como paso previo a la posible creación de unidades de valoración en energía y en proteína de uso común en el ámbito de toda la Unión Europea, a semejanza del euro como moneda única.

La situación en el ámbito nacional ha sido abordada en el marco de la Acción Especial de la CICYT (AGF96-2612-E), en la reunión celebrada en la sede central del INIA, en Madrid, el pasado día 22 de septiembre. En ella se dio a conocer la situación y objetivos del proyecto europeo ("AFN"), así como la iniciativa del Servicio Centralizado NIRS & Banco de Muestras de la Universidad de Córdoba, el cual dispone de los medios necesarios para dar cabida a este Centro y ha venido desarrollando actividades en este campo, a la vez que colaborando en el desarrollo del proyecto europeo ("AFN").

El objetivo inmediato actualmente es el de dar a conocer todas las personas y/o entidades que puedan estar interesadas en la existencia de esta Red, así como las posibilidades de colaboración con la misma. Dicha colaboración se establece, en primer lugar, comunicando al Centro el nombre del responsable, las direcciones (correo, teléfono, fax, e-mail) y el tipo de actividad que se realiza, para que pueda crearse una red de direcciones temáticas y difundirse aquellas actividades que quieran comunicar al resto del sector.

Una segunda vía de colaboración (la fundamental) sería mediante el envío de información analítica y/o nutricional sobre los alimentos para animales. La contrapartida sería el acceso a la información acumulada en el Banco de Datos del Centro.

El Servicio desarrolla otras actividades en el campo de la valoración mediante Refractancia en el infrarrojo cercano y medio (NIRS y MIRS) y para la conservación de muestras valoradas de alimentos o productos animales.

Para obtener mayor información puede dirigirse a la página de INTERNET http://www.uco.es/servicios/nirs o comunicarse con los responsables del Servicio:

Servicio Centralizado NIRS & Banco de Muestras
ETSIAM. Avda. Menéndez Pidal s/n
Apdo. 3048, 14080 - Córdoba

– Augusto Gómez Cabrera	PA1GOCAA@UCO.ES	Tfno: 957-218436
– Víctor Fernández Cabanás	PA1FECAV@UCO.ES	Tfno: 957-218420
		Fax: 957-218563

PRÓLOGO

Este año de 1998 ha tenido lugar la IX Reunión Nacional de Mejora Genética Animal. Dicha reunión, organizada por AZTI (Instituto Vasco de Investigación y Desarrollo Agrario), se celebró los días 25 y 26 de Junio en las instalaciones de la Escuela Agraria de Arkaute, localidad próxima a Vitoria.

En la misma, se pretendía tratar aquellos temas que en ese momento se consideraron de mayor interés para el grupo de genetistas que trabaja en el campo de la mejora genética animal. La reunión se centró sobre dos grandes aspectos: nuevos caracteres en los programas de mejora genética y el uso de la metodología de Gibbs en los programas de mejora. En el primer caso se intentaron describir aquellos programas de mejora que, por ser relativamente novedosos, no han sido tratados normalmente en estos foros de discusión (mejora genética económica en vacuno de leche, mejora genética para fibras de Cachemira, mejora genética y medio ambiente, etc...). Por otro lado, con el segundo tema se pretendía dar una panorámica general del uso de la inferencia bayesiana y concretamente de la metodología de Gibbs en los programas de mejora. Se pretendía concretamente, diagnosticar los posibles problemas que puede presentar su uso y comentar la experiencia que han tenido los profesionales que trabajan dicha metodología.

En esta edición existió un aspecto novedoso. Por primera vez se abrió un pequeño espacio dedicado a la mejora genética vegetal y, concretamente, a la mejora genética forestal abordada desde dos puntos de vista con experiencias profesionales muy diferentes: la mejora genética animal y la mejora genética forestal. Ambos son campos de mejora que clásicamente se han desarrollado de forma separada y que ahora presentan un nexo de unión derivado del hecho de que ambos grupos comienzan a utilizar el mismo tipo de metodología. Ello permite el intercambio de puntos de vista que son muy dispares y por ello, enriquecedores.

Como reflexión, cabe decir que estas reuniones permiten la puesta en común y discusión conjunta de muchos aspectos que de otra forma serían difíciles de abordar ya que la dinámica del trabajo diario hace que la discusión quede limitada, en muchas ocasiones, al mismo grupo de trabajo. Esto no deja de tener, por seguir hablando en términos genéticos, cierto carácter endogámico de diferente grado según los casos.

Los temas tratados en la reunión son un reflejo de los nuevos aspectos que actualmente se abordan en la mejora genética animal tanto a nivel de caracteres como de metodología. Esto permite abrir discusiones con puntos de vista muy diferentes al ser tratados por profesionales de diferentes especies que normalmente se encuentran con una problemática diferente en cuanto a la aplicación práctica de los programas de mejora. Sin embargo, en los temas referidos a la metodología empleada la problemática derivada puede ser más común a distintos grupos de trabajo. Este conjunto de temas puede ser de interés general para profesionales e investigadores de otros campos por lo que es de agradecer a ITEA las facilidades

dadas para poder publicar en este número lo tratado en la IX Reunión de Mejora Genética Animal.

La reunión, que contó con varios invitados, se estructuró en forma de ponencias y comunicaciones en las que los profesionales explicaron su experiencia en alguno de los dos temas. Además se abrió una sesión de poster para dar cabida a todos aquellos que, aun no teniendo relación directa con los dos temas principales, consideraron que su aportación tenía interés para el resto de los compañeros.

Por último, hay que añadir que la reunión ha sido financiada por la Comisión Interministerial de Ciencia y Tecnología y por ABEREKIN, S.A. por lo que es necesario agradecerles a ambas entidades su colaboración.

Eva Ugarte
Coordinadora de las Jornadas y Secretaria asociada

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3**, 179-205

CONCEPTOS ECONÓMICOS EN UN PROGRAMA DE MEJORA GENÉTICA EN VACUNO DE LECHE

N. Charffeddine
R. Alenda*

Dpto. Producción Animal
E.T.S.I. Agrónomos
Madrid

España

RESUMEN

En una primera parte de este trabajo se hizo una revisión bibliográfica de los conceptos económicos más relevantes y de los estudios económicos más recientes en vacuno de leche. Las etapas que componen un estudio económico dentro de un programa de mejora genética son: la definición de un genotipo agregado representativo del objetivo del programa, el establecimiento de una función de beneficio apropiada de los aspectos productivos, económicos y sociales del sistema de producción, la estimación de los pesos económicos de cada uno de los caracteres que forman parte del agregado y el calculo de la expresión acumulativa de descuento correspondiente a cada uno.

En la segunda parte, se desarrolló un ejemplo práctico poniendo en manifiesto dichas etapas, haciendo uso de datos económicos y productivos procedentes de ganaderías de la Comunidad Autónoma del País Vasco y de la Cooperativa de Alta Moraña en Ávila. Los resultados muestran que los pesos económicos de los caracteres productivos y de la longevidad varían según las perspectivas de producción (libre mercado o existencia de cuota de producción), los niveles de producción y los precios a nivel del mercado. La introducción del sistema de cuota reduce la importancia económica de los caracteres de producción de leche, sobre todo los caracteres bajo restricción, producción de grasa y volumen de leche. Los niveles productivos así como el sistema de pago de la leche afectan también a los pesos económicos de los caracteres productivos. La importancia económica de la longevidad varía especialmente en función de las tasas de desecho y los gastos de recría.

Dadas dichas variaciones, el ajuste del genotipo agregado de un programa de mejora a los niveles de producción y las circunstancias de mercado de cada zona es necesario.

Palabras Clave: Función de Beneficio, Pesos Económicos, Vacuno de leche.

SUMMARY
ECONOMIC CONCEPTS IN A DAIRY CATTLE IMPROVEMENT PROGRAMME

A literature review of the high relevant and recent economic concepts related with selection in Dairy Cattle was carried out in the first part of the paper. The steps of

* Email: ralenda@pan.etsia.upm.es

an economic study of an animal breeding programme are the definition of an aggregated genotype related with the selection objectives, development of a profit equation that include incomes and cost of the production system, estimation of economic values of each trait included in the aggregated genotype and derivation of discount rate of each trait.

An example by using economic and yield data of dairy cattle herds from the Basque Country Autonomous Community and Alta Moraña Co-operative of Avila has been developed in the second part of the paper. Results show that the economic values on yield traits and longevity depend on the quota on production, level of production, milk prices and production cost. Quota on production reduce the weight on yield traits, mainly kg. of fat and kg of volume. Level of production and milk prices affect the economic value on yield traits. Economic value on longevity depends on percentage of culled cows and on the cost of rearing heifer.

It is concluded that the derivation of a selection index in dairy cattle should be done on specific production area.

Key words: Profit rquation, Economic values, Dairy cattle.

Introducción

Un programa de mejora genética busca contribuir a lograr lo que parece lógico en toda empresa: maximizar sus beneficios mediante el incremento de la eficiencia productiva de los animales que la componen. Los animales de la siguiente generación han de producir de forma más eficiente y, por lo tanto, más rentable que la generación actual, bajo condiciones económicas y sociales futuras (PIETERS *et al.*, 1997). Llevar a la práctica este objetivo está cada vez más influenciado por conceptos económicos que por consideraciones puramente empíricas.

En general, los programas de mejora realizados hasta la actualidad han buscado una simplificación tanto en la organización como en los caracteres a seleccionar. En porcino, avicultura y cunicultura, por ejemplo, los programas de mejora explotan la heterosis y/o la complementariedad de los caracteres y seleccionan las líneas paternas por crecimiento y las maternas por caracteres reproductivos y maternos. En vacuno de carne, la mejora genética se basa casi en exclusiva en la selección por el peso al destete, tanto por las influencias directas como maternas. Las especies que se seleccionan en pureza, como son el vacuno y el ovino de leche, suelen basar su mejora, principalmente, en la selección de los caracteres de producción de leche.

En la ultima década, los programas de mejora en vacuno de leche de varios países del mundo han incorporado otros criterios, algo más complejos, combinando la calidad y la cantidad de leche con caracteres funcionales en índices de selección llamados índices combinados o índices de mérito total, para buscar animales de alta producción y a su vez más longevos. La elaboración de estos índices de selección ha sido posible con métodos objetivos y métodos no objetivos (GROEN, 1992). Los métodos no objetivos definen la ponderación de cada carácter según unas respuestas genéticas deseadas y/o unas restricciones sobre la mejora de algunos caracteres (KEMPTHONE,

y NORDSKOG, 1959; BRASCAMP, 1984, CHARFFEDDINE *et al.*, 1995). Los métodos objetivos calculan los valores económicos modelizando el beneficio en función del mérito genético de los caracteres elegidos (GROEN, 1988; VAN ARENDONK, 1985, BEKMAN, y VAN ARENDONK, 1993, CHARFFEDDINE, 1998).

En cuanto a los métodos objetivos, la integración de los caracteres elegidos en el genotipo agregado depende de la contribución de cada uno de ellos al aumento del beneficio global (HAZEL, 1943). La metodología utilizada para valorar y estimar tal contribución económica es bastante variada y distinta (GROEN, 1992). Según GROEN *et al.*, (1997b) es difícil dar con la metodología ideal para realizar un estudio económico, debido a que ésta dependerá, en cada caso, de los caracteres considerados y de las circunstancias de producción y de mercado asumidas. No obstante, el método más apropiado es aquel que refleja fielmente los aspectos productivos y socioeconómicos del beneficio, tratando la mejora genética como cualquier desarrollo tecnológico. GROEN y RUYTER (1990) distinguen dos perspectivas o puntos de vista para evaluar esa importancia económica: el punto de vista positivo (Positive Approach) y el punto de vista normativo (Normative Approach) (JAMES y ELLIS, 1979). El punto de vista positivo llamado también "Data evaluation" consiste en utilizar datos económicos y técnicos reales para hacer balances económicos, de los cuales se deduce la importancia económica de cada uno de los caracteres estudiados (ANDRUS y MCGILLIARD, 1975; DIJKHUIZEN, 1983, FRANCE y THORNLEY, 1984). El punto de vista normativo, llamado también "Data Simulation", consiste en desarrollar un modelo de simulación con parámetros técnicos, económicos y niveles de producción representativos de la población estudiada (TESS *et al.*, 1983; VAN ARENDONK, 1985; GROEN, 1988).

Según GROEN (1992), el modelo desarrollado desde el punto de vista normativo requiere el establecimiento de una función de beneficio (Profit function). Aunque una función de eficiencia sería la terminología más adecuada.

Los modelos normativos ofrecen más ventajas que los modelos positivos a la hora de considerar un gran número de elementos y factores del sistema de producción y sus relaciones y reacciones ante un cambio en el mérito genético de los animales. GROEN *et al.* (1997b) afirman que el mayor inconveniente de los modelos positivos consiste en el uso de precios históricos cuando la mejora genética es una orientación hacia el futuro, mientras que, con los modelos normativos, hay mas posibilidades de usar distintos precios, distintos niveles de producción y distintos parámetros técnicos. La mayoría de los estudios económicos hoy en día están basados en una función de beneficios establecida desde el punto de vista normativo (BEKMAN y VAN ARENDONK, 1993; COLLEAU *et al.*, 1994; VISSCHER *et al.*, 1994; PIETERS *et al.*, 1997, CHARFFEDDINE, 1998).

El objetivo de este trabajo es hacer una pequeña revisión sobre los conceptos claves de los estudios económicos en mejora genética y desarrollar un ejemplo de una función de beneficio desde una perspectiva normativa que describa de forma cuantitativa las relaciones que existen entre el nivel genético, las rentas (Output) y los gastos (Input) de una ganadería de vacuno de leche.

Él articulo ha sido estructurado de la siguiente manera:

En la primera parte, se presenta una revisión bibliográfica de los conceptos claves en los cuales se basa la obtención de los pesos económicos desde un punto de vista normativo, así como los resultados de los estudios económicos más recientes en vacuno de leche.

En la segunda parte, se desarrolla un ejemplo práctico en lo cual se establece una función de beneficio desde una perspectiva normativa que describe de forma cuantitativa las relaciones que existen entre el nivel genético, los ingresos y los gastos a partir de datos reales de dos regiones, una en el centro y la otra en el norte de España. Se calculan los pesos económicos de los caracteres de producción, kg de leche, grasa y proteína a 305 días en situación de cuota y de libre mercado y la duración de la vida productiva en cada zona. El fin de calcular los pesos económicos usando datos económicos y productivos de distintas zonas es estudiar la sensibilidad de estos parámetros a las variaciones en los niveles de producción y las condiciones de mercado.

Conceptos claves en un estudio económico dentro de un programa de mejora genética

Para definir la importancia económica de los caracteres a seleccionar en un programa de mejora genética se requiere:

- La definición de un genotipo agregado.
- El establecimiento de una función de beneficio.
- La estimación de los pesos económicos.
- El cálculo de las expresiones acumulativas de descuento.

Genotipo agregado

Un programa de mejora genética definido desde una perspectiva económica se inicia con la definición de un genotipo agregado (traducción de la terminología inglesa "Aggregate genotype") llamado también valor aditivo económico o valor genético económico (BLASCO y MUÑOZ, 1994). El genotipo agregado define el objetivo del programa de mejora, expresando la eficiencia económica del mérito genético global del animal en función de caracteres que controlan o determinan dicha eficiencia (GROEN y VAN ARENDONK, 1997). Es importante distinguir, en la teoría de los índices de selección, entre el genotipo agregado y el índice que combina las distintas fuentes de información para predecir el valor genético total del animal, llamado comúnmente índice de selección. El genotipo agregado involucra a todos los caracteres que afectan o controlan la eficiencia económica del sistema de producción, mientras que el índice de selección combina todos los caracteres que han sido elegidos como criterio de selección, caracteres cuya información es disponible a nivel de cada animal y cuyos parámetros genéticos permiten alcanzar un progreso genético razonable (GIBSON, 1992).

El genotipo agregado (frecuentemente indicado en la bibliografía con la notación $\boldsymbol{H}$) se define como una ecuación que combina los valores genéticos verdaderos de los caracteres de interés ponderados según su importancia económica relativa (HAZEL, 1943) y se escribe como:

$$H = \sum_{i=1}^{n} a_i \cdot g_i$$

Donde :

g_i: Valor genético aditivo verdadero para el carácter i.

a_i : Valor económico de descuento del carácter *i*.

El valor económico de descuento del carácter ***i*** es el peso económico de dicho carácter multiplicado por su expresión acumulativa de descuento (GROEN *et al.*, 1997b). El peso económico o valor económico de un carácter ***i*** es, sencillamente, el incremento generado en el beneficio global, debido a un incremento genético de una unidad en el carácter elegido. Se define, generalmente, en la unidad monetaria en la cual ha sido expresado el beneficio por unidad de variación del carácter, por año y por animal (GROEN *et al.*, 1997b). La expresión acumulativa de descuento es un coeficiente que refleja el tiempo y la frecuencia con los cuales se manifiesta en el futuro la superioridad genetica de cada carácter en la población seleccionada (GROEN, 1990).

El índice de selección (frecuentemente indicado en la bibliografía con la notación *I*) trata de predecir ***H*** a partir de ***m*** caracteres medibles y se escribe como :

$$I = \sum_{i=1}^{m} b_i \cdot x_i$$

Donde,

x_i : Observación o valor genético predicho para el carácter *i*.

b_i : Coeficiente de ponderación del carácter *i* a nivel del índice de selección.

m y ***n*** pueden ser iguales o no. No todos los caracteres incluidos en el índice de selección son necesariamente incluidos en el genotipo agregado y viceversa.

Los coeficientes de ponderación b_i se calculan maximizando la correlación entre el genotipo agregado y el índice de selección (lo que resulta igual a maximizar el logaritmo de dicha correlación) o minimizando la varianza del error de predicción (estadísticamente equivalente a la minimización de la suma de los cuadrados de las desviaciones entre ***H*** e ***I***) WELLER, 1994.

Función de beneficio

Una función de beneficio es una ecuación que describe los cambios en las rentas económicas netas en función de una serie de parámetros biológicos y económicos (GIBSON, 1992). El uso de la función de beneficio en mejora genética animal se limita, principalmente, a describir en un modelo el beneficio en función del mérito genético para los caracteres incluidos en el genotipo agregado, con el fin de calcular sus pesos económicos. Realmente, el beneficio es una función de un conjunto de caracteres x_i , un conjunto de precios de los productos p_j, un conjunto de costes variables cv_k y costes fijos cf_m :

$$\beta = f(x_1, x_2, ..., x_i, p_1, p_2, ..., p_j, cv_1, cv_2, ..., cv_k, cf_1, cf_2, ..., cf_m)$$

Sin embargo, para simplificar los procedimientos de cálculo de los pesos económicos, se considera habitualmente que los precios y los gastos (tanto fijos como variables) por unidad de producto son constantes, sea cual sea el nivel de producción (GIBSON, 1992). Por lo tanto, la función de beneficio se expresa solamente de los valores genéticos aditivos de los caracteres que forman parte del genotipo agregado.

$$\beta = f(x_1, x_2, ..., x_i)$$

La función de beneficio, para que sea apropiada, ha de reunir según GIBSON (1992) las siguientes tres condiciones:

– El cambio en el beneficio debe responder únicamente a una modificación en el mérito genético y no a otro cambio ambiental como podría ser la alimentación, la sanidad, etc.

– Las condiciones de manejo han de ser representativas al momento y el lugar donde se desarrolló el cambio genético.

– Los parámetros económicos han de reflejar la situación del mercado y el sistema de producción del momento y del lugar donde se desarrolla el cambio genético.

La importancia de definir bien la función de beneficio ha sido resaltada en varios trabajos (GROEN, 1989b,c; PIETERS *et al.*, 1997; GROEN *et al.*, 1997b). La función de beneficio es decisiva en dos de las fases más importantes de un programa de mejora genética: el cálculo de los pesos económicos y la elección de los criterios de selección. Cualquier error o simplificación inadecuada podría acarrear consecuencias negativas sobre las respuestas de un programa de mejora genética.

Habitualmente, en los estudios económicos de la mejora genética animal se asume que la relación entre el beneficio y los caracteres considerados es lineal, cuando es obvio que en muchas situaciones no es así (GIBSON, 1992). La mejora genética tiene un progreso relativamente lento, sobre todo en vacuno de leche, por lo que los términos de orden superior son, normalmente, despreciables. La aproximación lineal es razonable en el momento concreto en el que se aplica y en ausencia de una situación de saturación de mercado.

La función de beneficio, como se ha dicho anteriormente, se define atendiendo a la relación entre el beneficio y el cambio del nivel genético de los caracteres elegidos. Sin embargo, en la mayoría de los estudios, este concepto básico se olvida y las ecuaciones de beneficio se establecen describiendo las relaciones entre las condiciones de manejo y alimentación, y los cambios ocasionados en los rendimientos de los animales. El ejemplo utilizado por GIBSON (1992) explica claramente esta situación. Éste ha considerado una función de beneficio que depende del valor genético para la producción de leche, donde la capacidad de ingestión determina los costes de alimentación, de forma que al aumentar la producción de leche por vaca aumentará su capacidad de ingestión. Para estimar los costes de alimentación asociados con el aumento en la producción de leche, se ha de saber la relación entre el incremento del nivel genético de producción y el incremento de la capacidad de ingestión. Sin embargo, lo que se suele utilizar en estos casos para definir dicha relación son fórmulas entre el nivel de producción a escala fenotípica y la capacidad de ingestión recomendados por NRC (National Research Council), ARC (Agricultural Research Council) y INRA (Institut National de Recherche Agricole). La mayoría de estos manuales han sido confeccionados a partir de experimentos en los cuales se asume que todos los animales manifiestan el mismo mérito genético a la hora de relacionar el nivel productivo con la capacidad de ingestión.

Por otra parte, la función de beneficio se define habitualmente igualando los caracteres considerados a la media fenotípica de la población y asumiendo que las posibles relaciones entre los distintos factores de producción y el nivel productivo son extrapolables a nivel genético (GIBSON, 1992).

La función de beneficio desde un punto de vista económico se compone de dos elementos principales: los ingresos (Revenues) y los gastos (Costs), confundidos frecuentemente en producción animal con los

productos (Output) y los factores de producción (Input), respectivamente (GIBSON, 1992). Para definir la perspectiva según la cual se combinan los gastos y los ingresos en la función de beneficio, GROEN (1989a) distingue dos importantes aspectos a fijar. Primero el objetivo de selección, y segundo, la base de evaluación, es decir, las características del sistema de producción.

HARRIS (1970) diferencia tres puntos o intereses de selección: primero, maximizar el beneficio, definido como ingresos menos gastos; Segundo, minimizar los gastos por unidad de producto, y tercero, maximizar los ingresos por unidad de gasto. En mejora genética animal, se considera principalmente el primer o el segundo punto (GROEN y RUYTER, 1990). La elección del interés de selección depende del beneficiario de tal proceso de selección o el "decision-maker" como le denomina GROEN (1988). Habitualmente, los programas de mejora genética buscan mejorar la rentabilidad económica del propio ganadero, por lo que se busca preferentemente el primer punto, dado que es el que más beneficio global genera para el ganadero. Sin embargo, se ha de utilizar con bastante precaución cuando se trata de una situación de saturación de mercado o de limitación del nivel productivo, como es el caso de la cuota aplicada sobre la producción de leche por parte de la Unión Europea. El segundo punto tiene una importancia relevante únicamente cuando el nivel productivo llega a su nivel óptimo.

GROEN (1989a) definió tres opciones para definir la situación base de evaluación: un número fijo de animales dentro del sistema de producción; un nivel fijo de productos que salen fuera del sistema y un nivel fijo de factores que entran dentro del sistema de producción. La elección de una de las tres opciones depende de las condiciones socioeconómicas en las cuales se desenvuelve el sistema de producción. Si el sistema se encuentra en una situación de libre mercado y con un tamaño que se considera suficientemente óptimo, la base de evaluación sería la primera opción, pero si se trata de un sistema de producción en un mercado con restricciones sobre los productos (p.e. cuota de leche) o sobre los factores de producción (p.e. falta de forraje, etc.) sería la segunda o la tercera opción, respectivamente.

Finalmente, hay que evitar dos errores importantes que frecuentemente se cometen a la hora de definir la función de beneficio. Primero, ocultar caracteres bajo otros caracteres, es decir, que en ocasiones un carácter es función de otros y, al no hacerlo explícito, conduce a errores en el cálculo de las derivadas y a confusiones a la hora de determinar los objetivos (BLASCO y MUÑOZ, 1994). Segundo, el "double counting", es decir, considerar un gasto o un ingreso dos veces de formas distintas en la misma función. Por ejemplo, al considerar la mamitis y la producción de leche en un genotipo agregado, la pérdida de producción debida a una infección mamaria no se debe contabilizar a la hora de calcular el peso económico de la mamitis, dado que al incluir el nivel de producción, esta pérdida será doblemente contabilizada (GROEN *et al.*, 1997b).

Los pesos económicos

El peso económico de un carácter determinado es el cambio en el beneficio debido al incremento de una unidad en el mérito genético de tal carácter. Esto se suele calcular comparando la diferencia de beneficios entre la situación actual y la situación en la que un carácter aumenta una unidad, manteniendo los demás caracteres constantes.

Los pesos económicos, definidos desde una perspectiva normativa, dependen tanto de la base de evaluación según la cual ha sido establecida la función de beneficio, como del interés de selección elegido (MOAV, 1973).

BRASCAMP *et al.*, (1985) demuestran que al definir la función de beneficio según el concepto "Beneficio Cero" (traducción de la terminología inglesa "Zero Profit"), sea cual sea la base de evaluación, el peso económico de un carácter determinado es constante.

El "Beneficio Cero" es un concepto económico que hace uso de un beneficio llamado "Beneficio Normal" (traducción de la terminología inglesa "Normal Profit") y que se contabiliza en la función de beneficio como un gasto de producción. El "Beneficio Normal" se define como un beneficio necesario para hacer frente a unas inversiones de expansión que permitan al productor permanecer largo plazo en el sector. El hecho de situarse en el momento en el cual el beneficio adquirido es igual al beneficio normal y, por lo tanto, el beneficio neto es cero, permite equiparar los distintos sistemas de producción, bajo distintas circunstancias y condiciones de mercado y, por lo tanto, hacer factible una valoración comparable de lo que podría generar un cambio genético.

GROEN y RUYTER (1990) definen el peso económico según dos tipos de interés de selección y tres bases de evaluación. En el cuadro 1 se resumen estas definiciones expresadas en función de conceptos económicos de producción.

CUADRO 1
DEFINICIÓN DE PESOS ECONÓMICOS EXPRESADOS EN FUNCIÓN DE CONCEPTOS ECONÓMICOS DE PRODUCCIÓN SEGÚN DOS TIPOS DE INTERÉS DE SELECCIÓN Y TRES SITUACIONES DE PRODUCCIÓN
(GROEN y RUYTER, 1990)

	Interés de selección	
Base de evaluación	Maximizar el beneficio $ß = (I - G)$	Minimizar los gastos por unidad de producto $ß = (G/I)$
Libre mercado	Ingresos marginales por unidad de producto menos gastos marginales de factores de producción por unidad de producto.	Media de los gastos totales por unidad de producto menos gastos variables marginales por unidad de producto.
Restricciones sobre la producción (Output)	Ingresos marginales por unidad de producto menos la media por unidad de factores de producción de la sustracción (Ingresos - gastos fijos por animal)	Media de los gastos totales por unidad de producto menos la media de los gastos fijos totales de la explotación por unidad de factores de producción.
Restricciones sobre los factores de producción (Input)	Media de los gastos variables por unidad de producto menos una unidad de gastos marginales.	Media de los gastos variables por unidad de producto menos una unidad de gastos marginales.

Las expresiones acumulativas de descuento

La expresión acumulativa de descuento (traducción de la terminología inglesa "Cumulative Discounted Expression") define el momento y la frecuencia con los cuales se manifiesta en el futuro la superioridad genética originada por el uso de un animal seleccionado en un programa de mejora genética (BRASCAMP, 1978).

Multiplicando la expresión acumulativa de descuento por el valor económico se obtiene el valor económico de descuento (traducción de la terminología inglesa "Discounted Economic Value"), que es el valor económico a considerar cuando se quiere comparar la importancia económica relativa de caracteres que se manifiestan de distintas formas y en diferentes momentos a lo largo de la vida del animal (GROEN *et al.*, 1997b).

La expresión acumulativa de descuento en un tiempo **t** para un carácter determinado (E_t) se define como

$$E_t = E_{t-1} + h' \cdot m_t \left(\frac{1}{1+r}\right)^t$$

Donde:

E_t, E_{t-1} : Expresión acumulativa de descuento en el tiempo t y $t-1$, respectivamente.

m_t : Vector de las proporciones de genes transmitidos a partir de la generación base en el tiempo t.

r : tasa de descuento.

h : Vector de incidencia con $(n+q)$ elementos, describe la frecuencia relativa de los animales en la población que expresan el carácter dentro de cada clase de edad y de sexo.

El calculo de la expresión acumulativa de descuento de un carácter determinado requiere la definición de dos conceptos claves:

– El factor de descuento ligado al carácter.

– El flujo de genes según el cual se transmite el carácter de una generación a la siguiente.

Factor de descuento

El concepto de descuento parte del principio económico de inversión, según el cual el valor verdadero del dinero sigue un proceso de depreciación continuo a lo largo de los años, es decir, que una suma de dinero hoy vale más que mañana y así sucesivamente a medida que transcurre el tiempo. Si un programa de mejora genética o una decisión determinada de selección (como es el caso de elegir un semental) cuesta una suma de dinero hoy y sus resultados no se pueden cosechar hasta varios años después, la evaluación de los costes o beneficios se debería hacer teniendo en cuenta el valor verdadero del dinero en cada año y, referir todos los gastos e ingresos a una época determinada para que sean comparables. Ocurre lo mismo a la hora de valorar el beneficio marginal que se podría obtener al mejorar genéticamente caracteres que se expresan de distintas formas y en diferentes momentos de la vida del animal.

Económicamente, el concepto de descuento consiste en equiparar los gastos y los ingresos producidos en años distintos y expresarlos como gastos e ingresos en un año **t**. De forma que un gasto $\mathbf{X_0}$ en el año **0** vale $\mathbf{X_0(1 + r)^t}$ en el año **t** y un gasto $\mathbf{X_i}$ en el año **i** vale $\mathbf{X_i(1 + r)^{t-i}}$ en el año **t**. Siendo **r** la tasa de descuento.

Dado que el hecho de referir los gastos y los ingresos a un año **t** podría ser algo arbitrario a la hora de fijar **t** , GIBSON (1992) ve más conveniente referirlos al momento en el cual se inició la inversión y expresarlos en función del valor inicial del citado momento. El valor inicial (***VI***) de un gasto o ingreso en el año **t** es igual a

$$VI = \frac{X_t}{(1+r)^t} = d \cdot X_t$$

$$\text{con } d = \frac{1}{(1+r)^t}$$

donde:

r : tasa de descuento.

d : factor de descuento para un valor financiero del año **t**.

La tasa de descuento ***r***, llamada en términos económicos "la tasa atractiva mínima de retribución o ganancias" (traducción de la terminología inglesa "Minimum attractive rate of return"), define la tasa anual de ganancia mínima que hay que generar al invertir en un negocio para equipararla a la depreciación del dinero (GIBSON, 1992). No obstante, GIBSON (1992) recomienda utilizar el tipo de interés real o actual (es decir, el tipo de interés corregido por la tasa de inflación) como tasa de descuento, siendo ésta la mejor opción de las utilizadas. Las tasas de descuento utilizadas en los estudios económicos de mejora genética varían del 3 al 5% (GROEN, 1990; DEKKERS, 1994; PIETERS *et al.*, 1997).

GIBSON (1992) sugiere utilizar una tasa de descuento ligeramente superior para los ingresos que para los gastos, para favorecer los caracteres que generan ingresos a edades más tempranas y que producen gastos de una forma más escalonada.

Flujo de genes

El flujo de genes estudia el proceso de transmisión de los genes a través de la población y estima en cada periodo la proporción de genes transmitida a cada grupo de animales proveniente de la generación base, sobre la cual se ha tomado la decisión de selección (GIBSON, 1992).

La transmisión de genes se puede definir en términos de una proporción de genes en un grupo de animales procedentes de la población base (HILL, 1974) o en términos de porcentaje del mérito genético aditivo de los animales de la población base transmitido a su descendencia (ELSEN, 1980).

Estimar la proporción según la cual se transmiten los genes a lo largo de los años en los distintos grupos de animales, precisa definir la población base, conocer la estructura de la población, es decir, definir los distintos grupos de animales, el período de tiempo necesario para que un animal pase de un grupo a otro y la forma según la cual se transfieren los genes entre grupos de animales (reproducción o envejecimiento) (GROEN y VAN ARENDONK, 1997).

La elección de la población base depende del objetivo de selección y del beneficiario de la decisión de selección tomada, por lo que puede estar formada únicamente por sementales, por hembras o por los dos juntos. El número de grupos de animales que estructura la población se determina según los cambios del estado fisiológico de cada sexo. El periodo de tiempo según el cual se rige el cambio de un grupo a otro depende de la especie animal considerada y del sistema de producción. Por ejemplo, en porcino los intervalos de tiempo considerados son de 6 meses mientras que en vacuno de leche son de un año (GROEN y VAN ARENDONK, 1997).

La transmisión de genes se sigue y se estima durante la vida de una generación, por lo que la estimación de la proporción de genes en cada clase o grupo de animales se hace periódicamente, siendo el intervalo de tiempo de cada periodo igual al periodo de tiempo de cada clase de edad.

Sea $\mathbf{m}_t$ un vector de elementos $m_{lt}(i)$ que define la proporción de genes de interés en la clase de sexo **l** con edad **i,** en el tiempo **t**.

Existen dos procesos que influyen en el tránsito de genes entre un grupo de animales y otro: la reproducción y el envejecimiento.

$$m'_t = \left[\underbrace{m_{1t}(1)\ m_{1t}(2)\ \ldots\ m_{1t}(n)}_{\text{n clases de edad de los machos}}\ \underbrace{m_{2t}(1)\ m_{2t}(2)\ \ldots\ m_{2t(q)}}_{\text{q clases de edad de las hembras}} \right]$$

$\boldsymbol{m_t}$ se calcula como :

$$m_t = [R + Q]m_{t-1} = P \cdot m_{t-1}$$ (GROEN y VAN ARENDONK, 1997)

Donde:

$\boldsymbol{R}$: matriz que describe la transmisión de genes por reproducción entre las distintas clases de edad (las **n** clases de machos y **q** clases de hembras).

$\boldsymbol{Q}$: matriz que describe la transmisión de genes por envejecimiento entre animales de distintas clases de edad.

$\boldsymbol{m_{t-1}}$: es la proporción de genes que hay en cada clase de edad y sexo en el momento ***t-1***.

$\boldsymbol{P}$: matriz de probabilidad de transición de genes por las dos vías (reproducción y envejecimiento) entre animales de distintas clases.

La forma general de $\boldsymbol{P}$ es la siguiente :

P = clases de edad - sexo a donde llegan los genes

Clases de edad-sexo de donde proceden los genes

$$\left[\begin{array}{cccc} p_{11} & p_{12} & \cdots & p_{1,n+q} \\ \cdot & \cdots & \cdots & \cdot \\ \cdot & \cdots & \cdots & \cdot \\ p_{n+q,1} & \cdots & \cdots & p_{n+q,n+q} \end{array} \right]$$

Donde:

$\boldsymbol{p_{ij}}$: proporción de genes en la clase de edad-sexo ***i*** en el tiempo ***t*** que procede de la clase edad-sexo ***j*** en el tiempo ***t-1***.

Los elementos de $\boldsymbol{m_t}$ en cada periodo se calculan de la siguiente forma:

$$m_1 = P \cdot m_0$$
$$m_2 = P \cdot m_1$$
$$\ldots \quad \ldots \quad \ldots\ldots$$
$$m_t = P \cdot m_{t-1}$$

$\boldsymbol{m_t}$ se define en función de la proporción de genes en la generación de base ($\boldsymbol{m_0}$) de la siguiente forma:

$$m_t = P^t \cdot m_0$$

Resumen de los estudios económicos más recientes en vacuno de leche

En este apartado se recapitulan los trabajos más recientes que han estimado los pesos económicos de los caracteres de producción y de los caracteres funcionales en vacuno de leche.

Los pesos económicos dependen de los parámetros económicos del mercado, del sistema y nivel de producción y de la metodología utilizados en cada estudio, por lo que no es adecuado comparar los valores obtenidos entre un estudio y otro (GROEN *et al.*, 1997b). Por este motivo, se va a hacer más énfasis en describir la metodología y las condiciones de cada estudio, que en comparar e intentar dar explicaciones a las divergencias entre los valores económicos de un carácter determinado en un estudio y otro.

Pesos económicos de los caracteres productivos

Numerosos estudios han estimado recientemente los pesos económicos de la producción de leche y de sus componentes en distintos sistemas de producción, condiciones de mercado y bajo diferentes perspectivas (VAN ARENDONK *et al.*, 1985; WILMINK, 1988; GIBSON, 1989; GROEN, 1989b y c; GIBSON, 1992; BEKMAN y VAN ARENDONK, 1993; HARRIS y FREEMAN, 1993; COLLEAU *et al.*, 1994; STEVERINK *et al.*, 1994; VISSCHER *et al.*, 1994; VEERKAMP, 1996; PIETERS *et al.*, 1997).

El primer trabajo que tuvo en cuenta las incidencias de la cuota sobre los objetivos de selección fue el de VAN ARENDONK *et al.* (1985). En este trabajo se ha realizado una aplicación de las consideraciones teóricas, desarrolladas por BRASCAMP *et al.*, (1985) y SMITH *et al.*, (1986), estudiando el efecto del redimensionamiento de las explotaciones lecheras en los márgenes económicos. VAN ARENDONK *et al.*, (1985) consideran dos situaciones extremas: una en la cual hay una cantidad fija de factores de producción (forraje) (si el número de animales disminuye, cada animal tendrá que consumir más factores de producción) y la otra donde la cantidad de factores de producción consumida por animal es fija y la disminución del número de animales, como consecuencia de la cuota, implica una sobreproducción de factores de producción que será vendida. La aplicación de la cuota sobre la producción en la primera situación, considerada como más verosímil, ocasionó una revalorización de la selección sobre los dos porcentajes (grasa y proteína). La pérdida económica debida a la aplicación de la cuota fue evaluada en un 18% del progreso económico ligado a la mejora genética antes de la instauración de la cuota.

WILMINK (1988) estudió la posibilidad de modificar la composición de la leche a través de un programa de mejora genética. Se estimaron los pesos económicos de la leche y de sus componentes en una situación de libre mercado y en presencia de cuota. La desviación típica del índice de selección establecido disminuyó en un 40% de su valor inicial al imponer el sistema de cuota, lo que genera una reducción en la rentabilidad de la selección por caracteres productivos y, por lo tanto, aumenta el interés relativo en los caracteres llamados secundarios.

GIBSON (1989), con una metodología similar a la de VAN ARENDONK *et al.*, (1985), estima los pesos económicos del volumen de leche, de grasa y de proteína en ausencia y presencia de restricciones sobre la producción de leche en las condiciones económicas inglesas. Los gastos fijos fueron considerados como proporcionales al número de vacas y los gastos de alimentación suplementarios de los animales seleccionados fueron cubiertos por un suplemento de pienso. En este trabajo, el peso económico de la grasa disminuye en un 60% de su valor inicial al instaurar la cuota.

GROEN (1988, 1989b,c, 1990) estudia la incidencia de la cuota, en las condiciones holandesas, sobre el comportamiento general del beneficio de un programa de mejora genética. El peso económico de la grasa disminuye en un 62% de su valor inicial bajo un sistema de cuotas.

HARRIS y FREEMAN (1993), mediante una programación lineal, han estudiado el efecto de diferentes niveles de progreso genético para distintos caracteres (especialmente la grasa) en un rebaño de 80 vacas durante 10 años. El peso económico de los caracteres considerados ha sido calculado variando el beneficio total y cuando el progreso genético de un carácter determinado varía en una unidad, manteniendo los demás caracteres en unos niveles constantes y teniendo en cuenta una perspectiva de un número fijo de animales en el rebaño. En situación de cuota, el peso económico de la grasa disminuye en un 105% de su valor inicial y el de proteína aumenta en un 25%. Este resultado ha sido posible debido a una hipótesis poco verosímil que supone que el volumen de leche y de grasa que excede de la cuota no serán pagados, mientras que la proteína sí, por lo que el peso económico de la proteína sale favorecido en situación de cuota.

BEKMAN y VAN ARENDONK (1993) han establecido una función de beneficio para estimar la importancia económica de la producción de leche, la producción de carne, la dificultad al parto y la mortalidad de los terneros en los rebaños de vacuno de leche dentro de las circunstancias de producción y de mercado holandeses. Bajo una situación de cuota, los pesos económicos del volumen de leche, de la grasa y de la proteína disminuyen en un 300, 81,7 y 1,7% de sus valores iniciales, respectivamente.

COLLEAU *et al.*, (1994) han estudiado las modificaciones introducidas en el índice de selección (INEL) en Francia en 1993 para ajustar la importancia relativa de cada carácter a las condiciones de la cuota. Han sido consideradas distintas alternativas y condiciones de mercado para estudiar la eficiencia y la adaptabilidad del nuevo INEL a diferentes circunstancias de producción. El nuevo INEL limita drásticamente la producción de grasa, estimula el aumento del porcentaje de proteína y favorece animales con mayor cociente % proteína / % de grasa . La aplicación de la cuota reduce el peso económico de la grasa en más del 100% de su valor inicial, por lo que un incremento en el nivel genético para la producción de grasa, pasa de ser premiado a ser penalizado.

VISSCHER *et al.*, (1994) han estimado los pesos económicos de los caracteres de producción de leche (volumen de leche, de grasa y de proteína) en un sistema de producción basado en el pastoreo en Australia. Los factores de producción (alimentos) han sido considerados como constantes por lo que un aumento en las necesidades energéticas de los animales seleccionados genera una disminución del número de animales. Han sido estudiadas varias situaciones de nivel de producción, de parámetros econó-

micos, etc. La producción de leche y de grasa tienen la misma importancia económica, que es equivalente al 40% de la importancia económica de la proteína.

VEERKAMP (1996), utilizando un modelo bioeconómico, ha estimado los pesos económicos de los caracteres de producción, de la capacidad de ingestión y del peso adulto de los animales considerando dos niveles de producción. Los pesos económicos de los caracteres productivos no varían al pasar de una producción base de 5.500 kg./vaca/año a una producción de 7.700 kg./vaca/año, dado que no se ha considerado ninguna restricción sobre el nivel productivo.

PIETERS *et al.* (1997), utilizando el mismo modelo desarrollado por Bekman y VAN ARENDONK (1993), han estudiado tres sistemas de pago de la leche en distintas regiones de Italia y la incidencia de la introducción de la cuota sobre cada uno de ellos. Los valores económicos de los caracteres productivos disminuyen entre un 47 y un 52 % de sus valores iniciales con la instauración de la cuota. La diferencia de la renta económica entre un sistema de pago y otro, ambos sin cuota, varía de un 4,2 a un 16,7%. Sin embargo, al aplicar la cuota láctea, la diferencia entre los sistemas de pago asciende a un 57% en algunos casos.

Peso económico de los caracteres funcionales

Longevidad

La longevidad es un componente muy importante en la rentabilidad económica de las ganaderías de vacuno de leche. El incremento en longevidad de los animales aumenta el beneficio global de una ganadería de cuatro formas: reduce los gastos de reemplazo por vaca y por rebaño, cambia la estructura de edades en el rebaño, aumentando la proporción de las vacas adultas en máximo de producción, incrementa la intensidad de selección voluntaria generando así más progreso genético y aumenta la proporción de vacas en producción con respecto a las novillas en todo el rebaño. Para valorar la importancia económica de la longevidad, se necesita un modelo bastante extenso y técnicas de programación matemática sumamente complejas (GROEN *et al.*, 1997a).

La optimización del momento y la intensidad del reemplazo en un rebaño, así como la importancia económica de la longevidad, están estrechamente ligados con la magnitud relativa del coste de criar o comprar una novilla con respecto al coste de recuperar, y por lo tanto, no desechar una vaca (VAN ARENDONK, 1985).

Se han considerado dos enfoques para valorar la importancia económica de la longevidad. El primero valora el beneficio marginal generado por un aumento en la vida productiva de las vacas (VAN ARENDONK, 1991; ALLAIRE y GIBSON, 1992; HARRIS y FREEMAN, 1993; WEIGEL *et al.*, 1995 y PIETERS y BAGNATO, 1996) y el segundo estima el beneficio económico provocado por una reducción en el porcentaje de desecho involuntario (VAN ARENDONK, 1985; ROGERS *et al.*, 1988 y BRANDTS *et al.*, 1996).

La importancia económica de la longevidad respecto a la producción de leche en un programa de mejora genética ha sido estimada en varios trabajos. Los resultados son bastante contradictorios. ALLAIRE y GIBSON (1992), DEKKERS (1993) y VAN RADEN y WIGGANS (1995) concluyen que el beneficio generado por la producción de leche es de 2,5 a 2,7 veces más importante

que el beneficio debido a una vida productiva más larga. Sin embargo, ROGERS *et al.*, (1989) y VAN ARENDONK (1991) afirman que el peso económico de la producción lechera, respecto a la vida productiva, varía solamente de 0,8 a 1,4 veces. Los distintos planteamientos seguidos en cada uno de los estudios (considerar o no el coste de oportunidad, ajustar o no la vida productiva por la producción de leche, etc.), así como la sensibilidad de estas evaluaciones económicas a los sistemas de producción y las condiciones de mercado podrían explicar dichas diferencias (GROEN *et al.*, 1997b).

Recuento de células somáticas

La estimación de la importancia económica del recuento de células somáticas suscita dos puntos de discusión, la no linealidad del beneficio respecto a los niveles del recuento celular y la separación entre los costes debidos exclusivamente a un alto recuento celular y los costes generados por una infección mamaria.

El recuento de células somáticas a determinados niveles no tiene ninguna consecuencia sobre el beneficio global de una ganadería. Sin embargo, como consecuencia de una infección mamaria, el recuento celular supera rápidamente esos niveles y estará acompañado de una reducción en la cantidad y la calidad de producción de leche. Por ella, el recuento de células somáticas no influye de forma lineal sobre el beneficio. WELLER *et al.*, (1996) han definido una función de beneficio no lineal para el recuento de células somáticas según las condiciones de producción y de mercado en Israel. Sin embargo, concluyeron que cuando la función de beneficio no es lineal, no hay una solución uniforme y única a la hora de establecer un índice de selección que maximice el beneficio. El índice que maximiza el objetivo de selección en las siguientes generaciones depende de la intensidad de selección, sobre todo si la media de la población está cerca del óptimo económico (WELLER *et al.*, 1996).

Los costes de un alto recuento celular se confunden frecuentemente con las pérdidas y los costes de una infección subclínica mamaria (RENEAU y PACKARD, 1991, SCHEPERS y DIJKHUIZEN, 1991). El recuento de células somáticas influye negativamente en el beneficio, principalmente a través de un deterioro de la composición química y la calidad higiénica de la leche. La mayoría de los países del entorno económico español han incluido en los criterios de pago de la leche una penalización a partir de determinados niveles de recuento celular a nivel del tanque (REENTS, 1997).

KOLSTAD y DEKKERS (1994) han estimado la importancia económica del recuento celular en la primera y segunda lactación, contabilizando como único coste el deterioro de la calidad y la cantidad de los componentes de la leche relacionados con la producción de queso.

WELLER *et al.*, (1996) estimaron la importancia económica del recuento de células somáticas considerando únicamente la penalización en el sistema de pago de la leche a partir de determinados niveles de recuento celular.

El peso adulto de las vacas en producción

El peso adulto de las vacas en vacuno de leche muestra generalmente un peso económico negativo (GROEN *et al.*, 1997a). Los gastos marginales asociados al incremento de las necesidades energéticas tanto para el crecimiento de las novillas de recría como

para el mantenimiento de las vacas en producción, superan los ingresos marginales generados por un aumento en el peso de los animales desechados (GROEN, 1989b).

El peso económico del peso adulto se estima generalmente sin tener en cuenta los cambios que podrían ocurrir en la composición corporal de los animales. La magnitud de los valores económicos estimados en la bibliografía depende principalmente de los costes de alimentación y del precios de la carne asumido en cada estudio (GROEN, 1989b).

VISSCHER *et al.*, (1994) han estimado el peso económico del peso adulto en un sistema de producción basado en pastoreo en Australia concluyendo que, al limitar la cantidad de forraje disponible en cada explotación, el peso económico del peso adulto disminuye drásticamente. MORRIS y WILTON (1977) y GROEN (1989b) dedujeron que al ignorar el periodo de recría, el peso económico del peso adulto se veía poco influenciado por el sistema de producción y las condiciones de mercado.

Ejemplo práctico de un estudio económico en vacuno de leche

Datos Utilizados

En este estudio se han utilizado datos del programa de Gestión Técnico-Económica de los 3 centros provinciales (Lurgintza, Lorra y Asgafal) de la Comunidad Autónoma del País Vasco correspondientes a 239 explotaciones durante año 1995 y datos económicos y productivos correspondientes al año 1997, de 22 explotaciones pertenecientes a la Cooperativa Alta Moraña, en Ávila.

CUADRO 2
MEDIAS DE LOS PARÁMETROS PRODUCTIVOS Y ECONÓMICOS MÁS RELEVANTES CALCULADAS SOBRE LOS DATOS DE LAS GANADERÍAS DE LA COOPERATIVA ALTA MORAÑA Y DEL PAÍS VASCO

		País Vasco	Alta Moraña
Datos productivos			
Producción de leche	(kg.vaca^{-1}.año^{-1})	7.850	8.630
Producción de grasa	(kg.vaca^{-1}.año^{-1})	298	379
Producción de proteína	(kg.vaca^{-1}.año^{-1})	235	309
Longitud de la vida productiva	(años)	4,02	3,64
Intervalo entre partos	(días)	402	415
Precios y costes del mercado			
Leche	(ptas.kg^{-1})	42,4	49,01
Volumen de leche ($i_{Volumen}$)	(ptas.kg^{-1})	10,49	10,54
Grasa (i_{Grasa})	(ptas.kg^{-1})	420,49	510,54
Proteína ($i_{Proteína}$)	(ptas.kg^{-1})	550,49	710,54
Terneros	(ptas.kg de peso vivo^{-1})	850	337
Vacas de desecho	(ptas.kg de peso vivo^{-1})	194	145
Gastos globales de recría	(ptas.novilla^{-1})	218.941	256.341
Coste de una unidad forrajera			
ración de las vacas	(ptas.UFL^{-1})	27,40	31,67
ración de las novillas	(ptas.UFL^{-1})	25,90	38,40

El cuadro 2 expone las medias de los parámetros productivos y económicos más relevantes correspondientes a las ganaderías del País Vasco y la cooperativa de Alta Moraña.

Descripción de la función de beneficio utilizada

El modelo utilizado es un modelo estático, en el cual el beneficio anual de cada rebaño ha sido descrito en función del número de animales (N) y de los caracteres productivos y funcionales siguientes:

- kg. de Volumen de Leche a 305 días (V) (Volumen de leche = kg. de leche total – kg de Grasa – kg de Proteína)
- kg. de Grasa a 305 días (G)
- kg. de Proteína a 305 días (P)
- Longitud de Vida Productiva (L)

El beneficio anual se contabilizó como ingresos menos gastos. Se asume que el cambio en el mérito genético de un carácter determinado no genera cambios en los ingresos ni en los gastos que pudieran derivarse del cambio asociado en los demás caracteres y tampoco en los parámetros técnicos y económicos iniciales. El único cambio posible se refiere al número de animales. Una restricción sobre la producción, como es el caso de la cuota, se traducirá en una reducción del efectivo de cada rebaño.

La ecuación general del beneficio anual dentro de cada rebaño es similar a las desarrolladas en los trabajos de GROEN (1988, 1989b, c), GIBSON (1989), VAN ARENDONK y BRASCAMP (1990), BEKMAN y VAN ARENDONK (1993) y PIETERS *et al.*, (1997).

$$ß = N (I_a - G_a) - G_f$$

donde:

N : Número de vacas presentes en el rebaño.

I_a : Ingresos de una vaca durante un año.

G_a : Gastos de una vaca durante un año.

G_f : Gastos fijos del rebaño.

El beneficio anual de cada animal $ß_a$ es igual a : $ß_a = I_a - G_a$.

Los ingresos relacionados con la actividad de vacuno de leche considerados son de dos tipos:

- Ingresos por venta de leche.
- Ingresos por venta de carne.

Los ingresos de cada animal debidos a la venta de leche (I_{VL}) dependen de su cantidad (l) y de su calidad que es el contenido en grasa y proteína.

$$I_{VL} = l \left[p_L + p_G \cdot (G - G_0) + p_P \cdot (P - P_0) \right]$$

Donde:

l : Producción media de leche (kg.).

G : Contenido en grasa de un kg. de leche (g/kg. de leche).

P : Contenido en proteína de un kg. de leche (g/kg. de leche).

G_0 : Grasa de referencia según el criterio de pago (g/kg. de leche).

P_0 : Proteína de referencia según el criterio de pago (g/kg. de leche).

p_L : Precio de la leche (ptas/kg).

p_G : Prima de calidad de la grasa (ptas/g/kg de leche).

p_P : Prima de calidad de la proteína (ptas/g/kg de leche).

Los ingresos anuales por venta de carne (I_{VC}) proceden de la venta de vacas de desecho y terneros recién nacidos.

$$I_{VL} = [\ (p_{VD} + PV_{GD})\ (^1/_L - Mortd_V) + + (p_{tr})\ (NP\ (1 - Mortd_t))]$$

Donde:

p_{VD} : Precio de un kg. de peso vivo de las vacas de desecho (ptas.kg^{-1}).

PV_{VD} : Peso medio de las vacas desechadas (kg.).

p_{tr} : Precio medio de un ternero recién nacido (ptas.ternero^{-1})

Número de vacas de desecho = $N_{VD} = N * (1/L - Mortd_v.)$

L : Longitud de la vida productiva media de las vacas del rebaño (años).

N : Número de vacas presentes en el rebaño.

$Mortd_v$: Mortalidad de las vacas en tanto por uno.

Número de terneros vendidos = $N_{TV} = N\ (NP)\ (1 - Mortd_t.)$

NP : Número de partos por año = 365 / IP

IP : Intervalo entre partos (días).

$Mortd_t$: Mortalidad de terneros en tanto por uno.

Los gastos de cada ganadería han sido detallados tanto para vacas en producción como para novillas de reemplazo. Para cada grupo de animales se han considerado dos tipos de gastos: gastos de alimentación y gastos fijos por animal.

Los gastos de alimentación han sido definidos en términos de necesidades energéticas. Las necesidades energéticas de las vacas en producción se han calculado en energía neta de leche y se han expresado en Unidades Forrajeras Leche (UFL), distinguiendo los diferentes estados fisiológicos, conservación o mantenimiento, gestación, crecimiento y lactación.

La ecuación global de los gastos de cada animal (G_a), dentro de una ganadería durante un año, es la siguiente :

$$G_a = c_g \cdot G + c_p \cdot P + c_V \cdot V + C\left(E_{Mant_V}\right) + C\left(E_{Crec_V}\right) + C\left(E_{gest_V}\right) + GF_V + \left(^1/_L + Mortd._N\right)\left(\underbrace{C\left(E_{Mant_N}\right) + C\left(E_{Crec_N}\right) + C\left(E_{gest_N}\right) + GF_N}_{G_{recria}}\right)$$

Donde:

c_g, c_p y c_v: Costes marginales de producir un kilo de grasa, proteína y volumen de leche, respectivamente (ptas.kg^{-1}).

G, P y V: Producción media de grasa, proteína y volumen de leche (kg.vaca^{-1}.año^{-1}).

$C(E_{Mantv})$: Coste de la energía de mantenimiento de las vacas (ptas.vaca^{-1}.año^{-1}).

$C(E_{Crecv})$: Coste de la energía de crecimiento de las vacas (ptas.vaca^{-1}.año^{-1}).

$C(E_{gestv})$: Coste de la energía de gestación de las vacas (ptas.vaca^{-1}.año^{-1}).

Gf_v : Gastos fijos por vaca (ptas.vaca^{-1}.año^{-1}).

L: Longitud de la vida productiva (años).

$Mortd._N$: Mortalidad entre las novillas en el periodo de recría en tanto por uno.

$C(E_{MantN})$: Coste de la energía de mantenimiento de las novillas (ptas.novilla^{-1}).

$C(E_{CrecN})$: Coste de la energía de crecimiento de las novillas (ptas.novilla^{-1}).

$C(E_{gestN})$: Coste de la energía de la primera gestación de las novillas (ptas.novilla^{-1}).

GF_N : Gastos fijos por novilla en el periodo de recría (ptas.novilla^{-1}).

Los costes marginales c_i (i = grasa, proteína, volumen) se calculan multiplicando los gastos energéticos necesarios (GE_i) por el coste de una unidad forrajera (p_{UFL}):

$$c_i = p_{UFL} \cdot GE_i$$

Cálculo de los pesos económicos

Para calcular el peso económico de un carácter determinado se deriva parcialmente la función de beneficio (ß) con respecto a dicho carácter manteniendo los demás caracteres en sus niveles medios de producción en los rebaños del estudio.

Los pesos económicos de los caracteres de producción de leche han sido calculados considerando dos situaciones: una de libre mercado y otra en la cual opera la cuota sobre productos lácteos impuesta por la Unión Europea.

El peso económico a_{x_i} de un carácter x_i en situación de libre mercado se calcula mediante la siguiente ecuación:

$$a_{x_i} = \frac{1}{N} \cdot \frac{\partial \beta}{\partial x_i} = \frac{\partial I_a}{\partial x_i} - \frac{\partial G_a}{\partial x_i} \Bigg|_{x=\mu} \qquad (3)$$

Donde:

x_i: Valor del carácter considerado.

x: Vector de todos los caracteres.

μ: Valores medios de todos los caracteres en la población del estudio.

En el caso de una restricción sobre la producción, como es el caso de la cuota, el número de animales en el rebaño no es constante. El peso económico a_{x_i} de un carácter x_i se calcula mediante la siguiente ecuación:

$$a_{x_i} = \frac{1}{N} \cdot \frac{\partial \beta}{\partial x_i} = \frac{\partial I_a}{\partial x_i} - \frac{\partial G_a}{\partial x_i} + \\ + \frac{1}{N} (I_a - G_a) \cdot \frac{\partial N}{\partial x_i} \Bigg|_{x=\mu} \qquad (4)$$

El régimen de tasa suplementaria en el sector lácteo, más conocido como régimen de cuotas, fue impuesto por la Comunidad Europea en 1984 con el fin de mantener el equilibrio del mercado de los productos lácteos en la Unión Europea, permitiendo al mismo tiempo la evolución estructural del sector. La cuota asignada a cada ganadero está compuesta por dos elementos: una cantidad de referencia de leche a producir y un porcentaje de grasa de referencia que tiene que contener como máximo la leche producida. Según este sistema, los productores de leche deben pagar una multa de 115% del precio de la leche, llamada tasa suplementaria, por cada kg. de leche que venden a las centrales lecheras y que supere la cuota de leche equivalente asignada. La cantidad de leche equivalente, sobre la cual se aplica la tasa suplementaria, es la cantidad de leche producida después de su eventual corrección por la diferencia entre su contenido en grasa y la grasa de referencia. El volumen de leche equivalente al nivel de grasa de referencia en un rebaño se calcula mediante la siguiente ecuación:

$$Q = N \left[leche \left(1 + kg \cdot (pg - pg_{ref}) \right) \right]$$

Donde:

Q : Volumen de leche con un nivel de grasa igual a la grasa de referencia (kg).

N: Número de vacas en producción.

Leche : Producción de leche media en el rebaño (kg.vaca^{-1}).

k_g: Factor de escala que traduce las décimas de diferencia entre los niveles de grasa en kg. de leche (=18).

pg: Porcentaje de grasa medio de la leche producida en el rebaño en tanto por uno.

pg_{ref}: Porcentaje de grasa de referencia en tanto por uno (= 0,037).

Teniendo en cuenta que:

$leche = V + G + P$ y $leche \cdot pg = G$

la expresión de la cuota queda:

$$Q = N\left[\, leche\,(1 + kg \cdot (pg - pg_{ref}))\right]$$

$$= N\left[\underbrace{(1 - k_g \cdot pg_{ref})}_{q_v} \cdot V + \underbrace{(1 - k_g \cdot pg_{ref} + k_g)}_{q_g} \cdot G + \underbrace{(1 - k_g \cdot pg_{ref})}_{q_p} \cdot P\right]$$

$$= N\,[\, q_v \cdot V + q_g \cdot G + q_p \cdot G]$$

$$= N \sum_{i=1}^{3} q_i \cdot x_i$$

La derivada de la cantidad de leche equivalente en situación de cuota con respecto a la producción de leche y sus componentes es por definición igual a cero:

$$\frac{\partial Q}{\partial x_i} = \frac{\partial N}{\partial x_i} \cdot \sum_{i=1}^{3} q_i \cdot x_i + N \cdot q_i = 0$$

Por lo que,

$$\frac{\partial N}{\partial x_i} = -N \cdot \frac{q_i}{\sum_{i=1}^{3} q_i \cdot x_i}$$

Sustituyendo la derivada de N con respecto a x_i en (4), obtendremos la expresión del peso económico de la producción de leche y de cada uno de sus constituyentes bajo una situación de cuota:

Peso económico del volumen de leche:

$$a_{Volumen} = i_{Volumen} - c_{Volumen} - \frac{q_v}{\sum q_i x_i} \cdot \beta_a$$

Donde:

$i_{Volumen}$: Ingreso marginal de un kg. de volumen de leche (ptas.kg^{-1}).

$c_{Volumen}$: Coste marginal de un kg. de volumen de leche (ptas.kg^{-1}).

Peso económico de la grasa:

$$a_{Grasa} = i_{Grasa} - c_{Grasa} - \frac{q_v}{\sum q_i x_i} \cdot \beta_a$$

Donde:

i_{Grasa}: Ingreso marginal de un kg. de grasa (ptas.kg^{-1}).

c_{Grasa} : Coste marginal de un kg. de grasa (ptas.kg^{-1}).

Peso económico de la proteína:

$$a_{proteína} = i_{proteína} - c_{proteína} - \frac{q_v}{\sum q_i x_i} \cdot \beta_a$$

Donde:

$i_{Proteína}$: Ingreso marginal de un kg. de proteína (ptas.kg^{-1}).

$c_{Proteína}$: Coste marginal de un kg. de Proteína (ptas.kg^{-1}).

Al derivar la función de beneficio **ß** con respecto a ***L***, la expresión del peso económico de la longevidad es la siguiente:

$$a_L = \frac{-P_{VD} \cdot PV_{VD} + G_{recria}}{L^2}$$

Estimación de las expresiones acumulativas de descuento para cada carácter

Las expresiones acumulativas de descuento para los caracteres kg. de leche, volumen de leche, de grasa, de proteína y longitud de la vida productiva han sido calculados mediante el programa informático denominado "geneflow" (BRASCAMP, 1978) basado en los conceptos descritos por Hill (1974) y BRASCAMP (1975).

Descomponiendo las vías de progreso genético, la población base de la cual parten los genes ha sido dividida en dos grupos:

– Sementales de inseminación artificial subdivididos en 9 clases donde cada una representa un año de edad. Se asume que los toros se ponen en prueba en el transcurso del tercer año de edad y obtienen las pruebas oficiales a los 6 años, es decir, entre el tercer y sexto año los toros no se utilizan, aunque esta última consideración no se ha cumplido en los últimos años en España.

– Vacas y novillas de recría subdivididas en 9 clases que representan un año de edad. La edad al primer parto es de 24 meses, por lo que la producción de leche se inicia en el tercer año de edad.

La matriz que describe la transición de genes entre una clase de animales a otra, tanto por envejecimiento como por reproducción, ha sido definida siguiendo los pasos de GROEN (1990), utilizando una estructura de edades acorde con la distribución de las vacas en control lechero en España. La tasa de descuento utilizada ha sido del 5% acumulada sobre un periodo de 25 años.

Los vectores de incidencia de cada carácter (cuadro 3) han sido definidos teniendo en cuenta el número proporcional de animales y la expresión del carácter en cada clase de edad dentro de cada sexo. Las expresiones de descuento han sido calcula-

CUADRO 3
VECTORES DE INCIDENCIA UTILIZADOS EN LOS CÁLCULOS DE LAS EXPRESIONES DE DESCUENTO PARA LOS CARACTERES KG. DE LECHE, VOLUMEN DE LECHE, KG. DE GRASA, KG. DE PROTEÍNA, RECUENTO DE CÉLULAS SOMÁTICAS EN PRIMERA LACTACIÓN, LONGITUD DE LA VIDA PRODUCTIVA Y PESO ADULTO

	Clases de edad y sexo																	
	Sementales									Vacas y novillas de reemplazo								
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18
Leche	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.24	0.23	0.19	0.13	0.09	0.08	0.04
Volumen de leche	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.24	0.23	0.19	0.13	0.09	0,08	0.04
Grasa	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.24	0.23	0.19	0.13	0.09	0.08	0.04
Proteína	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.24	0.23	0.19	0.13	0.09	0,08	0,04
Longitud de vida productiva	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.21	0.21	0.19	0.12	0.11	0.10	0.07

das considerando como en GROEN (1990) que las cuatro vías de progreso genético, padre-hijo, padre-hija, madre-hijo y madre-hija aportan el 43, 18, 33 y el 6% del progreso total, respectivamente.

Resultados y discusión

El cuadro 4 muestra los pesos económicos de los caracteres: volumen de leche, grasa y proteína según los parámetros económicos y niveles de producción en las dos zonas del estudio, considerando dos condiciones de producción, una de libre mercado y otra con las limitaciones de la cuota láctea.

El cuadro 5 muestra el peso económico de la longevidad según los parámetros productivos y de mercado en los cuales se envuelven las ganaderías de Alta Moraña y del País Vasco.

En situación de libre mercado, la mejora del potencial genético medio en un kg. de leche con un 3,8% de grasa y un 3% de proteína en las ganaderías del País Vasco y de Alta Moraña genera un beneficio marginal de 30,9 y 37,4 ptas.·vaca^{-1}·año^{-1}, respectivamente.

Los principales componentes de la leche (grasa y proteína) muestran pesos económicos bastante distintos que reflejan el sistema de pago de la leche en cada zona, tanto por calidad como por cantidad. El

CUADRO 4
PESOS ECONÓMICOS DE LOS COMPONENTES DE LA PRODUCCIÓN DE LECHE EN EL PAÍS VASCO Y ALTA MORAÑA, CONSIDERANDO DOS CONDICIONES DE PRODUCCIÓN: UNA DE LIBRE MERCADO Y OTRA BAJO LAS LIMITACIONES DE LA CUOTA (PTAS.KG^{-1}.VACA^{-1}.AÑO^{-1})

	Situación de libre mercado			Situación de cuota		
	Alta Moraña	País Vasco	Variación (%)	Alta Moraña	País Vasco	Variación (%)
Volumen Leche	7,05	7,5	- 6,0	2,02	3,2	- 36,9
Grasa	323,19	258,4	+ 25,1	46,75	25,5	+ 83,3
Proteína	618,92	471,2	+ 31,4	613,89	467,0	+ 31,5

CUADRO 5
PESO ECONÓMICO DE LA LONGEVIDAD EN LAS CONDICIONES DE PRODUCCIÓN Y DE MERCADO DE ALTA MORAÑA Y EL PAÍS VASCO (PTAS.DÍA^{-1}.VACA^{-1}.AÑO^{-1})

	Alta Moraña	País Vasco	Variación (%)
Longevidad	36,46	16,2	+ 125,1

volumen de leche muestra un peso económico positivo en las dos zonas en contra de lo que se puede observar en la mayoría de los trabajos realizados en países de nuestro entorno (WILMINK, 1988, GROEN, 1989c, BEKMAN y VAN ARENDONK, 1993, COLLEAU *et al.*,1994 y PIETERS *et al.*, 1997).

A pesar de que el ingreso marginal por producir un kilo de volumen de leche en el caso de Alta Moraña es superior, los altos costes de alimentación registrados en dicha zona reducen el peso económico del volumen de leche un 6%. En situación de cuota, el mayor nivel de producción con respecto a la situación del País Vasco, eleva esta reducción hasta el 36,9%.

La mayor bonificación, dada por los porcentajes de grasa y proteína por parte de la central lechera de la Cooperativa de Alta Moraña, aumenta los pesos económicos de los caracteres producción de grasa y proteína, a pesar de los altos costes de alimentación y los mayores niveles de producción en los rebaños pertenecientes a la Cooperativa.

El alto coste de alimentación y, por lo tanto el mayor coste de recría, así como una vida productiva más corta de las vacas en los rebaños de Alta Moraña con respecto a los rebaños considerados en el estudio del País Vasco, explican el considerable incremento en el peso económico de la longevidad.

El cuadro 6 muestra las expresiones acumulativas de descuento relativas a cada carácter y en cada vía de selección. Estas estimas se realizaron tendiendo en cuenta las diferencias tanto en formas como en tiempo de expresión entre los caracteres de producción y la longevidad.

Las expresiones de descuento son relativas a los animales de la población de base y expresan el efecto relativo de la mejora genética por una unidad en cada uno de los distintos caracteres con respecto al mismo hecho en la población base. Se expresan en animal·año por animal de la población base.

Las diferencias entre caracteres son debidas exclusivamente a las diferencias en las incidencias de expresión de las distintas clases de edad de cada sexo en la población. Mientras que las diferencias entre vías de selección son originadas en parte por los distintos momentos de introducción de genes, y por otra parte, por el tiempo que tarden en expresarse por primera vez los genes en la población.

CUADRO 6
EXPRESIONES ACUMULATIVAS DE DESCUENTO DE LOS DISTINTOS CARACTERES APLICADAS A CADA VÍA DE SELECCIÓN
(ANIMAL · AÑO POR ANIMAL DE BASE)

	Las distintas vías de progreso genético			
Caracteres	padre-hijo	padre-hija	madre-hijo	madre-hija
Volumen de leche	0,196	0,597	0,642	0,661
Grasa	0,196	0,597	0,642	0,661
Proteína	0,196	0,597	0,642	0,661
Longevidad	0,188	0,580	0,624	0,643

Teniendo en cuenta la participación de cada vía de selección en el progreso genético total indicadas anteriormente, las expresiones acumulativas de descuento aplicadas a los caracteres de producción de leche y a la longevidad son de 0,443 y 0,429, respectivamente.

Por lo que sí queremos seleccionar por los tres componentes de producción de leche y por longevidad en las dos regiones en situación de cuota, el genotipo agregado en cada una de ellas quedaría definido como:

País Vasco:

H= 1,41 V. leche + 11,29 Grasa + 206,88 Proteína + 6,95 Longevidad

Alta Moraña:

H= 0,89 V. leche + 20,71 Grasa + 271,95 Proteína + 15,64 Longevidad

Donde:

H: El valor genético global verdadero de un animal expresado en pesetas

V. leche: El valor genético verdadero de un animal por volumen de leche (kg).

Grasa: El valor genético verdadero de un animal por producción de grasa (kg).

Proteína: El valor genético verdadero de un animal por producción de proteína (kg).

Proteína: El valor genético verdadero de un animal por longevidad (días).

Conclusión

Los pesos económicos de los tres componentes de la producción de leche en las dos regiones han sido distintos tanto en situación de cuota como en un mercado libre. Las diferencias existentes en los costes marginales de producción (principalmente los costes de alimentación) y en el sistema de pago de leche en cada zona son en gran medida las causas de dichas diferencias.

El beneficio marginal debido a la mejora genética de la longevidad de los animales es netamente superior en las ganaderías de Alta Moraña en comparación con el País Vasco dado los altos costes de recría y los bajos ingresos por venta de animales de desecho por un lado o por otro.

La introducción del sistema de cuota láctea reduce el peso económico de los tres componentes de la producción de leche, sobre todo el de grasa y del volumen de leche.

Las variaciones en las perspectivas de producción, en el nivel productivo y en las condiciones de mercado afectan sensiblemente los pesos económicos de los caracteres estudiados. Por lo que se generan distintas definiciones del genotipo agregado correspondiente a cada situación.

Conclusión

Definir correctamente el objetivo de un programa de mejora genética requiere una estimación exacta y real de la importancia económica de cada uno de los caracteres a seleccionar. Dicha estimación nos orienta, en acuerdo con las circunstancias de producción y de mercado, sobre los niveles óptimos de mejora a realizar en cada carácter con el fin de maximizar la rentabilidad económica de los sistemas de producción.

Una estimación correcta y fiable de los pesos económicos requiere una base teórica sólida, una función de beneficio apropiada de los aspectos productivos, económicos y sociales del sistema de producción, una

situación base definida a partir de datos reales y unas suposiciones cercanas a las circunstancias futuras de producción. Sin embargo, a nivel práctico, cumplir todas estas exigencias queda todavía como un desafío a pesar de que la definición de los objetivos de mejora, sobre todo en vacuno de leche que es el sector que más de cerca hemos estudiado, está cada vez de más interés.

Agradecimientos

Los autores agradecen a IKT y a la Cooperativa de Alta Moraña su colaboración en la realización de este estudio.

Bibliografía

ALLAIRE F. R., and GIBSON J.P., 1992. Genetic value of herd life adjusted for milk production. J. Dairy Sci. 75, 1.349.

ANDRUS D. F. and MCGILLIARD L.D.,1975. Selection of dairy cattle for Overall excellence. J. Dairy Sci. 58, 1.876.

BEKMAN H. and VAN ARENDONK M., 1993. Derivation of economic values for veal, beef and milk production traits using profit equations. Livest. Prod. Sci. 34, 35.

BLASCO A. y MUÑOZ A., 1994. Algunos aspectos económicos de los programas de mejora genética. VII Reunión sobre Mejora Genetica Animal. Lleida.

BRANDTS A., CANAVESI F., and CASSANDRO M., 1996. Economic weights for longevity in the Italian Holstein breed. In Proc. of the Open Session of the INTERBULL Ann. Meeting, Veldhoven, The Netherlands. Bulletin n.° 14, 76.

BRASCAMP E.W., 1975. Model Calculations concerning economic optimization of A.I.-breeding with cattle. PhD Thesis, Dept. Animal Breeding, Wageningen Agricultural University, Wageningen.

BRASCAMP E.W., 1978. Methods on economic optimization of animal breeding plans. Report B- 134, Research Institute for animal Husbandry "Schoonoord", Zeit.

BRASCAMP E.W., 1984. Selection indices with constraints. Anim. Breed. Abstr. 52, 645.

BRASCAMP E.W., SMITH C., GUY D.R., 1985. Derivation of economic weights from profit equations. Anim. Prod. 40, 175.

COLLEAU J.J., REGALDO D. and GASTINEL, P.L., 1994. Adaptation de l'index français de sélection laitière (INEL) au contexte des quotas. INRA. Prod. Anim. 7(3), 151.

CHARFFEDDINE N., 1998. Selección por mérito económico global en el ganado vacuno frisón en España. Tesis doctoral, dpto. Producción animal, E.T.S.I. Agrónomos Madrid.

CHARFFEDDINE N., ALENDA R., CARABAÑO M.J., BÉJAR F., 1995. La selección por el mérito total en el ganado vacuno de leche. Frisona Española n.° 89, 43.

DEKKERS J.C.M., 1993. Theoretical basis for genetic parameters of Herd life and effects on response to selection. J. Dairy. Sci. 76, 1.433.

DEKKERS J.C.M., 1994. Optimal Breeding strategies for calving ease. J. Dairy Sci. 77, 3.441.

DIJKHUIZEN A.A., 1983. Economische aspecten van ziekten en ziektesbestrijding bij melkvee (with English Summary). Ph.D. Thesis, Veterinaire Faculteit, Utrecht.

ELSEN J.M., 1980. Diffusion du progrès génétique dan les populations avec générations imbriquées: quelques propriétés d'un modèle de prévision. Ann. Génét. Sél. Anim. 12, 49.

FRANCE J. and THORNLEY J.H.M., 1984. A quantitative approach to problems in agriculture and related sciences. Butterworths, London.

GIBSON J.P., 1989. Economic weights and index selection of milk production traits when multiple production quotas apply. Anim. Prod. 49, 171.

GIBSON J.P., 1992. The design and economics of animal breeding strategies. First Presented as Nordic Graduate course, Greve, Denmark.

GROEN Ab.F., 1988. Derivation of economic values in cattle breeding. A model at farm level . Agric. Systems 27, 195.

GROEN Ab.F., 1989a. Cattle breeding goals and production circumstances. PhD Thesis. Department of Farm Management and Department of Animal Breeding. Wageningen Agricultural University. Wageningen. The Netherlands.

GROEN Ab.F., 1989b. Economic values in cattle breeding. I. Influence of production circumstances in situation without output limitations. Livest. Prod. Sci., 22, 1.

GROEN Ab.F., 1989c. Economic values in cattle Breeding. II. Influence of production circumstances in situations with output limitations. Livest. Prod. Sci., 22, 17.

GROEN Ab.F., 1990. Influences of production circumstances on the economic revenue of cattle breeding programmes. Anim. Prod., 469.

GROEN Ab.F., 1992. The derivation of economic values. Workshop on advanced biometrical methods in animal breeding. October 9th - 15th. Flawill. Switzerland.

GROEN Ab.F. and RUYTER T.P.L., 1990. Derivation of economic values of milk production traits: a literature review. Proceeding 4th world congress on genetics applied to livestock production, Edimburgh. XIV, 191.

GROEN Ab.F. and VAN ARENDONK J.A.M., 1997. Breeding Programmes. Lecture notes for E250-210. Department of Animal Breeding and Genetics. Wageningen Agricultural University.

GROEN Ab.F., VAN ARENDONK J.A.M. and ANI. R. VOLLEMA., 1997a. On the use of opportunity costs in deriving the economic value of herd life. Animal Science (Submitted).

GROEN Ab.F., STEINE T., COLLEAU J.J., PEDERSEN J. PRIBYL J. and N. Reinsch, 1997b. Economic values in dairy cattle breeding, with special reference to functional traits. Report of an EAAP-working grou. Livest. Prod. Sci. 49, 1.

HARRIS D.L., 1970. Breeding for efficiency in livestock production: defining the economic obectives. J. Anim. Sci. 30, 860.

HARRIS B.L., FREEMAN A.E., 1993. Economic weights for milk yield traits and herd life under various economic conditions and production quotas. J. Dairy Sci. 76, 868.

HAZEL L.N., 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. Genetics, 28, 476.

HILL W.G., 1974. Prediction and evaluation of reponse to selection with overlapping generations. Anim. Pord. 18, 117.

JAMES A. D. and ELLIS P.R., 1979. The evaluation of production and economic effects of disease. Proceedings 2nd International Sympo. on Veterinary Epidemiology and Economics. Canberra, 363.

KEMPTHORNE O. and NORDSKOG A.W., 1959. Restricted selection indices. Biometrics, 15, 10.

KOLSTAD B. and DEKKERS J., 1994. Incorporation of Mastitis into the breeding goal. Report to the Genetic Evaluation Board of Canada, 9.

MOAV R., 1973. Economic evaluation of genetic differences. In. Agricultural Genetics. (R. Moav, ed.) wiley, New York. 319.

MORRIS C. A., and WILTON J.W., 1977. The influence of body size on the economic efficiency of cows: a review. Anim. Breed. Abstr., 45, 139.

PIETERS T. and BAGNATO A., 1996. Genetic parameters and economic values for longevity in the Italian Holstein breed. Int. Workshop on genetic improvement of functional traits in cattle. Gembloux, Belguim. Interbull. N.° 12.

PILLERS T., CANAVESI F., CASSANDRO M., DADATI E., and VAN ARENDONK J.A.M., 1997. Consequences of differences in pricing systems between regions on economic values and revenues, of a natonal dairy cattle breeding scheme in Italy. Livest. Prod. Sci. 49, 23.

REENTS R., 1997. Somatic cell count as an indicator trait for genetic selection against mastitis susceptibility. 48th Annual Meeting of EAAP. August 25-28, 1997. Vienna, Austria.

RENEAU J. K., and PACKARD V.S., 1991. Monitoring Mastitis, Milk quality and economic losses in dairy fields. Dairy, Food and Environmental Sanitation, Vol. 11(1), 4.

ROGERS G.W., VAN ARENDONK J.A.M., MCDANIEL B.T., 1988. Influence of involutary culling on optimum culling rates and annualized net revenues. J. Dairy Sci. 71, 3.463.

Rogers, G. W., McDaniel, B. T., Dentine, M. R., Funk, D. A. 1989. Genetic correlation between survival and linear type traits measured in first lactation. J. Dairy Sci. 72, 523.

SCHEPERS J. A. and DIJKHUIZEN A.A., 1991. The economics of mastitis and mastitis control in dairy cat-

tle: a critical analysis of estimates published since 1970. Prev. Vet. Med. 10, 213.

SMITH C., JAMES J. W. and BRASCAMP E.W., 1986. On the derivation of economic weight in livestock improvement. Anim. Prod. 43, 545.

STEVERINK M.H.A., GROEN Ab.F., and BERENTSEN P.B.M., 1994. The influence of environmental policies for dairy farms on dairy cattle breeding goals. Livest. Prod. Sci., 40, 251.

TESS M.W., BENNETT G.L. and DICKERSON G. E., 1983. Simulation of genetic changes in life cycle efficiency of pork production. I.A. bio-economic model. J. Anim. Sci. 56, 336.

VAN ARENDONK J.A.M., 1985. Studies on the replacement policies in dairy cattle. II Optimum policy and influence of changes in production and prices. Livest. Prod. Sci. 14, 101.

VAN ARENDONK J.A.M., 1991. Use of profit equations to determine relative econOmic value of dairy cattle herd life and production from yield field data. J. Dairy Sci. 74, 1.101.

VAN ARENDONK J.A.M. and BRASCAMP E.W. 1990. Economic considerations in dairy cattle Breeding. 4th World congress on genetics applied to livestock production, Edimburgh. XIV. 78.

VAN ARENDONK J.A.M., WILMINK J.B.M., and DIJKHUIZEN A.A., 1985. Consequences of a restriction of the herd milk production for the selection on milk, fat and protein. Adapting EEC cattle breeding programmes to market realities. Krausslich H., and A. Lutterback, Editors. Commission of the European Communities, Brussels, 211.

VAN RADEN P.M. and WIGGANS G. R., 1995. Productive life evaluations: calculation, Accuracy, and Economic value. J. Dairy Sci. 78, 631.

VEERKAMP R.F., 1996. Liveweight and feed intake in dairy cattle breeding. Proceedings of International Workshop on Genetic Improvement of Functional Traits in Cattle. Gembloux, Belgium. January. Interbul Bullet. 12, 173.

VISSCHER P.M., BOWMAN P.J. and GODDARD M.E., 1994. Breeding objectives for pasture based dairy production systems. Livest. Prod. Sci. 40, 123.

WEIGEL D.J., CASSELL B.G., HOESCHELE I., PEARSON R.E., 1995. Multiple-trait prediction of transmitting abilities for herd life and estimation of economic weights using relative net income adjusted for opportunity cost. J. Dairy Sci. 78, 639.

WELLER J.I., 1994. Economic Aspects of Animal Breeding. Chapman & Hall, London, Uk. 244.

WELLER J.I., PASTERNAK H. and GROEN A.F., 1996. Selection indices for non-linear breeding objectives, selection for optima. Proc. Int. Workshop on Genetic Improvement of functional traits in cattle, Gembloux, Belgium, January 1996. 206.

WILMINK J.B.M., 1988. Selection on fat and protein to maximize profit in dairy herds. Livest. Prod. Sci. 20, 299.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3**, 206-215

SELECCIÓN PARA UN ÓPTIMO: APLICACIÓN AL TAMAÑO DE LA CAMADA EN OVINO

M. San Cristóbal-Gaudy*
L. Bodin**
J.M. Elsen**
C. Chevalet*

* INRA - Laboratoire de Génétique Cellulaire
BP 27, 31326 Castanet-Tolosan

** INRA - Station Génétique des Animaux
BP 27, 31326 Castanet-Tolosan

France

RESUMEN

La selección para un valor óptimo y una reducción de la variabilidad presenta intereses técnicos y económicos en muchas producciones. Un modelo heteroscedástico está propuesto; éste asocia un valor genético para la media y un valor genético para el logaritmo de la varianza a un fenotypo, cuya expresión puede ser continua o discreta. A continuación, se menciona la formulación de varios objetivos de selección, y el análisis de datos del tamaño de la camada en ovino ilustra la existencia de un efecto genético sobre la variabilidad de ese carácter. Finalmente, simulaciones permiten apreciar lo que sería la repuesta de la media y de la variabilidad con una selección canalizante para incrementar el porcentaje de partos dobles en ovino.

Palabras clave: Selección, Óptimo, Heteroscedasticidad, Tamaño de la camada, Ovino.

SUMMARY

CANALISING SELECTION: APPLICATION TO LITTER SIZE IN SHEEP

Selection for an optimum value and decreasing variability is of technical and economical interest in several animal production. An heteroscedastic model is proposed. It involves a genotypic value for the mean and a genotypic value for the log variance, associated with a single phenotypic value which can be either continuous or categorical. Several selection are mentioned and analysis of sheep data evidences the existence of a genetic effect contributing to the environmental variance of litter size. Simulations are performed to determine the response on mean and variability of a selection aimed to canalise the number of twins in sheep.

Key words: Canalising selection, Heteroscedasticity, Litter size, Sheep.

Introducción

El propósito principal de la mejora genética en producción animal es aumentar (o reducir) la expresión de los caracteres para incrementar directamente o indirectamente el rendimiento económico de las ganaderías o de otros segmentos de producción. Por eso, en producción animal, la mayoría de los esquemas de selección son direccionales (aumento de la cantidad y la calidad de la leche, incremento del números de huevos; aumento de la resistencia a enfermedades etc...). Sin embargo, la homogeneidad de la producción es un factor importante de la eficiencia económica (por ejemplo, el beneficio de un ganadero depende en parte de su capacidad de mandar lotes de animales homogéneos al matadero); además, muchos caracteres presentan un óptimo que proporciona una rentabilidad máxima. Así, existe un peso óptimo para los canales de pollo, corderos o cerdos, existe también un ph óptimo de la carne de cerdo, y reducir la variabilidad del diámetro de la fibra de lana presenta un verdadero interés económico. En producción de ovino, cuando los recursos alimenticios no son demasiado escasos, las ovejas que proporcionan mayor beneficio son las que paren dos corderos puesto que un solo cordero reduce mucho el margen por oveja y criar corderos nacidos triples o más supone demasiado incremento de gastos debido al exceso de mortalidad de los corderos excesivamente ligeros al nacer, a la necesidad de recurrir a la lactancia artificial para criar los corderos supernumerarios y a los efectos negativos del modo de nacimiento sobre el crecimiento y la duración del engorde.

La estabilización de los fenotipos alrededor de una expresión dominante es conocida desde hace tiempo como decisiva para la evolución de las especies y varios autores han propuesto modelos para explicar esa estabilización natural. Algunos como FALCONER (1989) hacen intervenir directa o indirectamente genes de "fitness", otros como RENDEL (1979) recurren a genes que actúan directamente sobre la variabilidad del carácter. Cualquiera que sea su origen, la estabilización depende siempre del medio, haciendo imprescindible discriminar por una parte, la estabilización de un carácter en un medio concreto (normalising selection) y, por otra parte, la capacidad de mantener un fenotipo constante, o por lo menos con baja variabilidad, en medios variables (canalising selection).

Numerosos experimentos han sido realizados para entender los mecanismos subyacentes a la canalización natural o para medir las posibilidades de canalizar un carácter alrededor de un cierto valor. Todos se refieren a animales de laboratorio como drosophila, tribolium o incluso ratones. Casi siempre la selección era del tipo normalizante (eliminación de los extremos observados en un solo medio) y era realizada globalmente (PEINERO, 1992; CAMPO y GILL, 1993), intra familia (KAUFMAN *et al.*, 1977) o entre familias (CARDIN y MINVIELLE ,1986). La selección canalizante ha sido experimentada por WADDINGTON (1960), por SHEINER y LYMAN (1991) y GIBSON y BRADLEY (1974) quienes eliminaban animales extremos de una población criada en un medio variable (temperatura variable entre 20 y 29°C).

Con esos experimentos se llega a las siguientes conclusiones: 1) la selección estabilizante es eficaz y permite una fuerte reducción de la varianza fenotípica; 2) las estimaciones de heredabilidad hechas durante y al final de los experimentos de selección indican que generalmente la varianza genética del carácter seleccionado disminuye; 3) En muchos casos se ha podido

mostrar que la varianza residual o la sensibilidad de los individuos a fluctuaciones del medio ha sido reducida con la selección. Sin embargo, en esos diversos experimentos no hubo análisis estadísticos de parámetros genéticos que necesitan utilizar modelos en los cuales los términos de error no siguen una distribución con varianza homogénea.

FOULLEY *et al.*, (1990, 1992, 1994), SAN CRISTÓBAL *et al.*, (1993), FOULLEY y QUAAS (1995), ROBERT *et al.*, (1995a,b), han desarrollado métodos estadísticos para tener en cuenta la heterogeneidad de varianzas en mejora animal. Recientemente, SAN CRISTÓBAL *et al.*, (1998a) han extendido esos modelos para introducir efectos genéticos como factores de heterogeneidad, para estimar nuevos valores genéticos y para estudiar la eficacia de una selección canalizante basada en esos modelos. SAN CRISTÓBAL *et al.* (1998b) han adaptado esos modelos al análisis de parámetros genéticos de caracteres discretos. Aquí se presenta una síntesis corta de esos dos últimos artículos.

El modelo propuesto

El modelo propuesto por SAN CRISTÓBAL *et al.*, (1998a) corresponde a la modelización de las observaciones de RENDEL y SHELDON (1960). Ellos demuestran que la selección canalizante orienta efectivamente el promedio de la población hacia un óptimo y que la varianza residual es reducida. Algunos individuos aparecen menos sensibles que otros a las variaciones del medio, estando esa particularidad bajo control genético puesto que responde a la selección. Como en WAGNER *et al.* (1997), se puede expresar el efecto de un locus sobre la varianza residual con un factor multiplicativo de esa varianza ligado a ese locus y se puede extender ese modelo a un locus de un modelo poligénico o infinitesimal. Esos modelos se justifican también perfectamente para caracteres discretos como el tamaño de la camada si consideramos previamente como GIANOLA y FOULLEY (1983) una variable subyacente de distribución normal y un conjunto de umbrales que definen las clases de observación.

Modelo de base

Para un carácter continuo, el fenotipo y_j de un animal con medidas repetidas ($y=\{y_1, \ldots, y_j, \ldots, y_n\}$) es función de dos valores genéticos u y v que contribuyen a la media y al logaritmo de la varianza ambiental según el modelo siguiente:

$$y_j = \mu + u + e^{\left(\frac{\eta + v}{2}\right)} \varepsilon_j \quad j = 1, \ldots, n \qquad (1)$$

μ media de la población,

η media del logaritmo de la varianza,

ε_j variables normales independientes con distribución $\sim N(0, 1)$

De acuerdo al modelo infinitesimal de la genética cuantitativa las variables u y v son

$$\begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} \sim N_2\left[0, \begin{pmatrix} \sigma_u^2 & r\sigma_u\sigma_v \\ r\sigma_u\sigma_v & \sigma_v^2 \end{pmatrix}\right]$$

σ_u^2 y σ_v^2 son las varianzas genéticas aditivas y r es el coeficiente de correlación entre u y v.

El promedio y la varianza (varianza fenotípica) de la variable Y son:

$$E(Y) = \mu \qquad (2)$$

$$Var(Y) = \sigma_u^2 + e^{\left(\eta + \frac{\sigma_v^2}{2}\right)} = \sigma_p^2 \qquad (3)$$

Si los animales están medidos en distintos ambientes, podemos escribir un modelo más general:

$$y = x'\beta + z'u + \exp [\ 1/2\ (p'\beta^{*} + q'v)\ ] \quad (4)$$

β y β^{*} efectos fijos,

u y v efectos genéticos aleatorios, y

los parámetros de posición son entonces β y u

y los parámetros de dispersión son β^{*} y v

(x', z') y (p', q') matrices de incidencia respectivas

en ese caso las variables u y v son

$$\begin{pmatrix} u \\ v \end{pmatrix} \sim N_{2q}\left[0, \begin{pmatrix} \sigma_u^2 & r\,\sigma_u\sigma_v \\ r\,\sigma_u\sigma_v & \sigma_v^2 \end{pmatrix} \otimes A\right] \quad (5)$$

con A la matriz de parentesco de los animales incluidos en el análisis.

Adaptación para caracteres discontinuos

Se supone que los datos de K categorías discretas que se observan en una clase i (nivel de un efecto fijo o aleatorio) provienen de poblaciones de variables aleatorias

$$N_i = (N_{i1}, ..., N_{ik}, ..., N_{iK}) \sim$$

$$\mathcal{M}(n_{i+}\ ;\ (\Pi_{i1}, ..., \Pi_{ik}, ..., \Pi_{iK}))$$

donde n_{i+} es el número total de observaciones de la clase i ; $n_{i+} = \Sigma_k\ n_{ik}$

y Π_{ik} es la probabilidad de que una variable inobservable $Y_i \sim N(\mu_i, \sigma_i^2)$ esté entre dos umbrales τ_{k-1} y τ_k :

$$\Pi_{ik} = \Phi((\tau_k - \mu_i)/\sigma_i) - \Phi((\tau_{k-1} - \mu_i)/\sigma_i) \quad (6)$$

Objetivos de selección

En el caso continuo, si queremos que la media de la siguiente generación de una población Y_d se acerque a un cierto óptimo y_0 con una variabilidad mínima alrededor de ese óptimo, podemos fijar a priori el objetivo siguiente:

$$\min \{\ E[(Y_d - y_0)^2]\ \}$$

Para un individuo con diferentes observaciones **y** hechas sobre él o su descendencia, un criterio de selección sencillo puede escribirse:

$$I(y) = (\bar{y} - y_0)^2 + S_{\bar{y}}^2 \quad (7)$$

En el caso discontinuo, la canalización se efectúa sobre la escala subyacente, y el objetivo es función de un cierto óptimo fijado a priori

$$\Pi_o = (\Pi_{1,o}, ..., \Pi_{k,o}, ..., \Pi_{K,o})$$

Por ejemplo, pesos económicos relativos a cada categoría. En el caso del tamaño de la camada en ovino, si queremos que las ovejas paran exclusivamente dos corderos, el óptimo será: $\Pi_o = (0, 1, 0, ..., 0)$.

Hemos estudiado así, un índice muy elemental y que parece natural sobre la escala observada: la proporción de partos dobles

$$I(N) = N_2/n \quad (8)$$

Análisis del tamaño de la camada en raza Lacaune

Los datos provienen del control oficial de producción realizado en 57 ganaderías de la raza Lacaune que participan en el esquema de selección para la prolificidad. Son 11.723 primeros partos realizados en 2

épocas y a 4 edades distintas de las hijas de 157 padres. Como son padres en testaje por descendencia, cada padre tiene por lo menos 30 hijas.

La prolificidad media es 1.72 y la distribución de los partos es la siguiente:

Tamaño de la camada	1	2	3	4	5+
%	41.1	47.5	9.8	1.5	0.1

El análisis que hemos hecho consistió en modificar poco a poco un modelo clásico con umbrales hasta poder estimar los componentes de varianza y los valores genéticos de un modelo mixto heteroscedástico con umbrales.

A) Primero hemos ajustado un modelo clásico considerando los efectos año, rebaño, época y edad como efectos fijos y el efecto padre (u) como aleatorio (incluyendo la matriz de parentesco entre los padres).

$$\mu_{ijklm} = año_i + rebaño_j + estación_k + \\ + edad_l + u_m$$
$$\sigma^2_{ijklm} = \sigma^2_e$$

El proceso de estimación GF-HM de FOULLEY y MANFREDI (1991), da una estimación de la componente padre de $\sigma^2_u = 0.109$ y una heredabilidad del tamaño de la camada de $h^2_u = 0.39$

B) Después hemos ajustado un modelo heteroscedástico considerando todos los efectos como fijos para ver cuáles eran los efectos significativos sobre la variabilidad. Por eso se analizó el cociente entre los logaritmos de la verosimilitud del modelo de base

$$\mu_{ijklm} = año_i + rebaño_j + estación_k + \\ + edad_l + u_m$$
$$\log \sigma^2_{ijklm} = \eta$$

y el modelo que incluye el factor considerado (por ejemplo factor año)

$$\mu_{ijklm} = año_i + rebaño_j + estación_k + \\ + edad_l + u_m$$
$$\log \sigma^2_{ijklm} = \eta + año_i$$

Ese cociente sigue asintóticamente una distribución de χ^2 con grados de libertad iguales a la diferencia entre el número de parámetros estimados en cada modelo. El cuadro siguiente presenta la probabilidad de ese test para los distintos efectos e indica que solo el factor padre (considerado como efecto fijo) tiene un efecto significativo sobre el logaritmo de la varianza.

Efecto	Valor del test	gdl	Prob.
Año	19.82	10	0.031
Rebaño	58.52	56	0.38
Edad	3.8	2	0.15
Padre	235.06	156	0.00004

C) Finalmente, se ha ajustado un modelo mixto heteroscedástico con umbrales para estimar los valores genéticos y los componentes de varianza. En ese último modelo, se ha añadido la matriz de parentesco entre los padres y, los efectos fijos fueron los que previamente habían sido detectados significativos.

$$\mu_{ijklm} = año_i + rebaño_j + estación_k + \\ + edad_l + u_m$$

$$\log \sigma^2_{ijklm} = \eta + v_m$$

donde u_m y v_m representan los efectos padre respectivamente sobre la media y el logaritmo de la varianza del carácter.

La estimación de los componentes $\sigma^2_u = 0.64$ y $\sigma^2_v = 0.25$ permite calcular una heredabilidad de $h^2_u = 0.36$. Ese valor es ligeramente inferior a lo que da el modelo homoscedástico con umbrales e informa sobre el sesgado que puede existir en la estimación de la heredabilidad de la media si no se considera el efecto genético sobre la heterogeneidad de las varianzas. Las estimaciones son relativamente altas lo que indica una buena posibilidad para canalizar ese carácter alrededor de un óptimo. En la figura 1, se muestra una representación de $\hat{u}$ y $\hat{v}$ para los 157 machos que nos permite apreciar su capacidad de producir hijas con alta o baja prolificidad y con alta o baja variabilidad.

Simulaciones

Hemos hecho varias simulaciones para estudiar la repuesta de la media, de la varianza y del porcentaje de cada tipo de partos, cuando se realiza durante varias generaciones una selección basada sobre un índice para una variable continua (7) y cuando se considera un índice muy sencillo pero adaptado a la variable discreta (8).

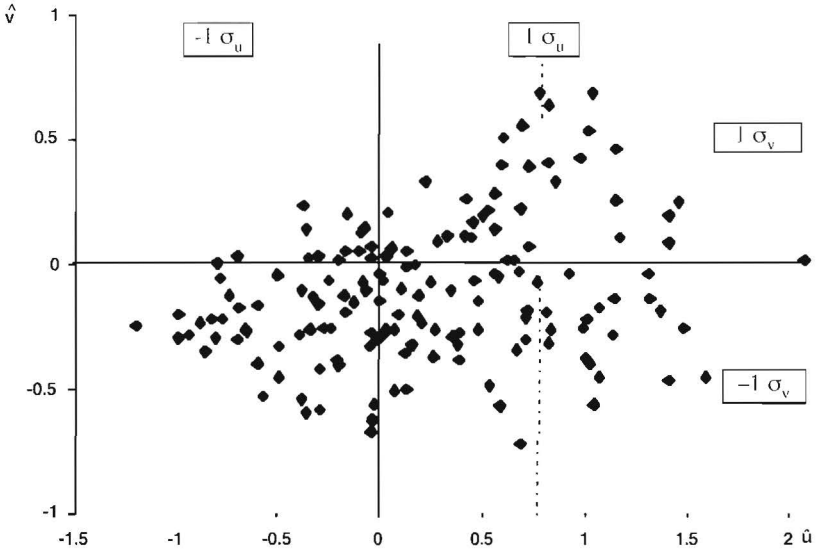


Figura 1 : Plot de los valores genéticos $\hat{u}$ y $\hat{v}$ de los 157 machos *Lacaune*

Esas simulaciones nos han permitido también, ver cómo reaccionaba la selección según varias combinaciones de los parámetros h^2_u, η y σ^2_v.

Modelización de la población

Los valores genéticos *u* y *v* de *p* machos y de *m* hembras fueron representadas por variables aleatorias que siguen una distribución conjunta (5), suponiendo A: matriz de identidad (ausencia de relaciones de parentesco) y r igual a 0.

a) Cada uno de los *p* machos está apareado al azar con *n* hembras

b) Cada pareja (i, j) produce una hija cuyo resultado en su primer parto está sobre la escala subyacente:

$$y_{ij} = \mu + 1/2\,(u_i + u_j) + \alpha_{ij} +$$
$$+ \exp\,[(\eta + 1/2\,(v_i + v_j) + \alpha^*_{ij})/2]\,\varepsilon_{ij}$$

donde el término de error ε_{ij}, y los términos α_{ij} y α^*_{ij} que representan los efectos de meiosis siguen distribuciones normales N (0, 1), N $(0, (\sigma^2_u/2))$ y N $(0, (\sigma^2_v/2))$ respectivamente.

Para las simulaciones de la variable discreta se pasa de esa escala continua subyacente a la escala observada mediante 4 umbrales que definen 5 categorías. Esos parámetros corresponden a la distribución del tamaño de la camada observada en Lacaune.

c) esos resultados de descendencia permiten estimar un índice (7 ó 8) para el macho

d) los mejores *s* machos se seleccionan. Esos padres 'elite' apareados a una muestra de las hembras de la etapa (a) producen *p* hijos

e) iterativamente, esos *p* machos se aparean al azar con las *n* hembras nacidas en la etapa (b) para producir la nueva generación de hijas de testaje.

Las etapas b, c, d y e se repiten así hasta la décima generación.

Parámetros del modelo

Hemos examinado un esquema que considera en cada generación 500 machos en testaje con 100 hijas cada uno. De esos machos, 100 padres 'elite' se seleccionan por índice para producir cada uno 5 hijos para la generación siguiente. Hemos considerado también dos valores para σ^2_u (0.033 y 0.114) que corresponden a una baja (h^2_u=0.10) o alta (h^2_u=0.35) heredabilidad; así como dos valores para σ^2_v (0.03 y 0.25) y tres valores para la media inicial (1, 1.8 y 2), teniendo un óptimo μ_0 fijado a 2. Para cada conjunto de parámetros hemos hecho 100 simulaciones y calculado el promedio y la varianza de los resultados.

Resultados de las simulaciones

La figura 2 indica, en el caso de una selección sobre una variable continua, la evolución de la media y de la varianza fenotípica en el transcurso de las generaciones. SE han considerado varias combinaciones de la media de la población al principio de la selección y de las varianzas de los efectos genéticos sobre la media (σ^2_u) y el logaritmo de la varianza ambiental (σ^2_v).

Esas simulaciones muestran que la selección es eficaz: la media se acerca al óptimo definido y la varianza fenotípica se va reduciendo poco a poco. Comparando las

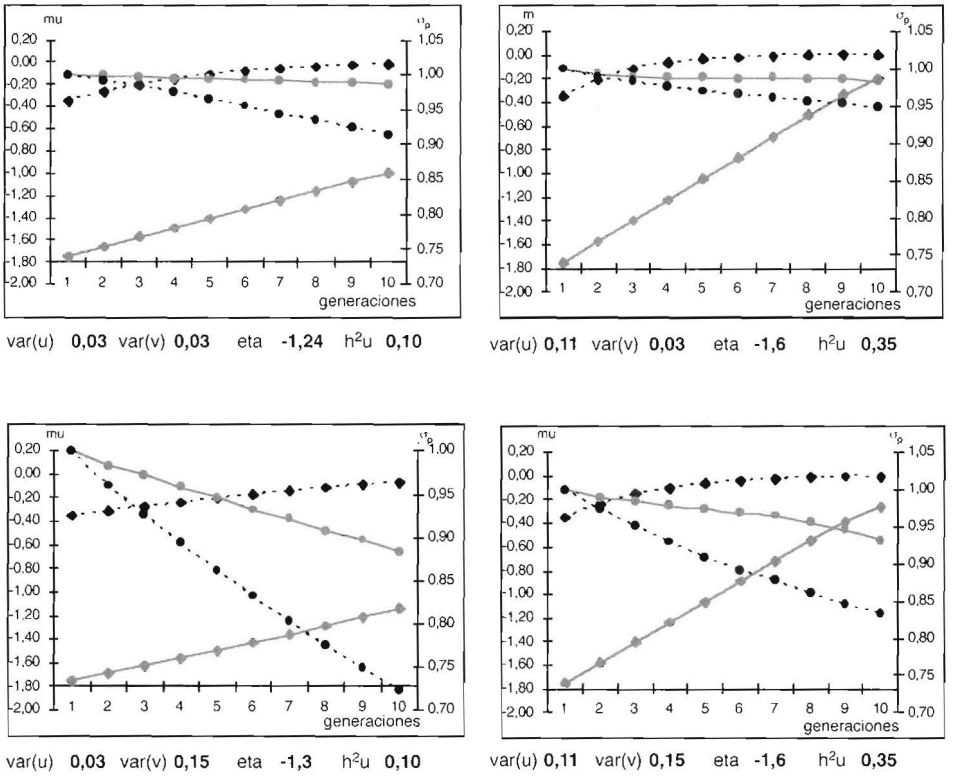


Figura 2. Evolución de la media en desviación al objetivo (rombos) y de la desviación típica (círculos) durante 10 generaciones de selección en dos poblaciones (media cerca (linea) o lejos (puntos) del óptimo y varias combinaciones de σ^2_u y σ^2_v

distintas combinaciones de parámetros se observa que;

La media de la población varía más rápidamente cuando σ^2_u es alta. Por otra parte, aunque esa media varía poco con los cambios de σ^2_v, los mayores cambios se observan cuando σ^2_v es baja y σ^2_u alta.

La varianza de la población disminuye en el transcurso de la selección y más rápidamente cuando σ^2_v es alta y σ^2_u baja. Existe así una relación entre el progreso sobre una variable y la variabilidad sobre la otra que traduce el hecho que cuando la presión de selección sobre una variable es mínima, la selección opera más sobre la otra.

Para una combinación de varianzas (σ^2_u y σ^2_v), se observa que la disminución de la varianza fenotípica es mayor cuando la media inicial de la población está próxima al óptimo μ_o. Eso se debe al hecho de que, cerca del óptimo, los índices varían más a causa de v que de u.

Las simulaciones para la canalización de una variable discreta muestran que es posible modificar la distribución de los partos acercándose al óptimo. En la figura 3 se puede comparar la evolución del porcentaje de partos simples, dobles, triples y cuádruples o superior cuando se selecciona con un índice sencillo y cuando se selecciona con un índice clásico que no cambia la varianza subyacente. Diez generaciones de selección para un óptimo producen una distribución con más partos dobles que lo que da la selección clásica (a prolificidad media comparable), y con menos partos triples, cuádruples y superiores. Sin embargo, maximizar el porcentaje de partos dobles no impide que el porcentaje de partos triples aumente también durante la primeras generaciones de selección lo que no cuadra con el propósito real de los ganaderos. El porcentaje de dobles es sin duda un criterio demasiado sencillo aunque se observa una disminución de los partos superior a 4 después de la generación 5. Si a largo plazo el objetivo parece adecuado, su definición no es suficiente a corto plazo.

Conclusiones

Las varianzas del tamaño de la camada en raza Lacaune presentan una heterogeneidad debida parcialmente a factores genéticos. La introducción de la matriz de parentesco en los análisis permite estimar los valores de varianza genética aditiva para la media y el logaritmo de la varianza. Con las simulaciones, se puede apreciar que buscar un óptimo reduciendo la varianza fenotípica es posible. Sin embargo, el peso relativo de cada variable (media y varianza) para conseguir el objetivo final depende de la situación en cada generación. Para un objetivo final único, existe un gran número de caminos (combinaciones de los pesos sobre u y v en cada generación) para alcanzarlo. Existe en particular un camino más rápido, y un camino más rentable; desde luego fijarse un objetivo constante (igual al objetivo final) a cada generación no dará el progreso más rápido, ni el más rentable. Estamos desarrollando otros estudios para optimizar la canalización.

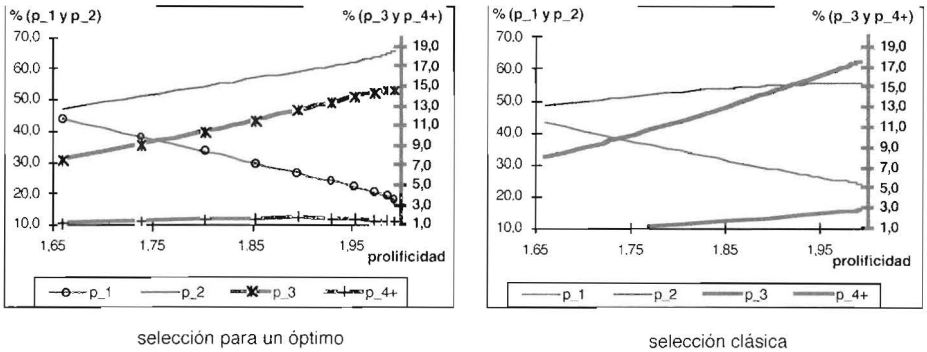


Figura 3. Evolución de los porcentajes de partos simples, dobles, triples y más cuando se selecciona con un índice sencillo que reduce la varianza y con un índice clásico

Referencias

CAMPO J.L., GARCIA GILL M., 1993. Assortative mating and directional or stabilizing selection for a non-linear function of traits in *Tribolium*. *J. Anim. Breed. Genet.* 110, 74-80.

CARDIN S., MINVIELLE F., 1986. Selection on phenotype variation of pupa weight in *Tribolium Castaneum*. *Can. J. Genet. Cytol.* 28, 856-861.

FALCONER D.S., 1989. The problem of environment and selection. *Am Natur* 86, 293-298.

FOULLEY J.L., GIANOLA D., SAN CRISTOBAL M., IM S., 1990. A method for assessing extended and sources of heterogeneity of residual variances in mixed linear models. *J Dairy Sci.* 73, 1612-1624.

FOULLEY J.L., MANFREDI E., 1991. Approches statistiques de l'évaluation genétique des reproducteurs pour des caractères binaires à senils. Gènet. Sel. Evol. 23, 309-338.

FOULLEY J.L., SAN CRISTOBAL M., GIANOLA D., IM S., 1992. Marginal likelihood and Bayesian approaches to the analysis of heterogenous residual variances in mixed linear Gaussian models. *Comput Statis Data Anal.* 13, 291-305.

FOULLEY J.L., HÉBERT D., QUASS R.L., 1994. Inferences on homogeneity of between family components of variances and covariance among environments in balanced cross-classified designs. *Genet. Sel. Evol.* 26, 117-136.

FOULLEY J.L., QUAAS R.L., 1995. Heterogenous variances in Gaussian linear mixed models. *Genet. Sel. Evol.* 27, 211-228.

GIANOLA Y FOULLEY, 1983. Sire evaluation for ordered categorial data WILH a threshold model. Genet. Sel. Evol 15, 201-224.

GIBSON J.B., BRADLEY B.P., 1974. Stabilising selection in constant and fluctuating environments. *Heredity*. 33, 293-302.

KAUFMAN P.K., ENFIELD F.D., COMSTOCK R.E., 1977. Stabilising selection for pupa weight in *Tribolium Castaneum*. *Genetics*, 87, 327-341.

PINIERO R., 1992. Selection for canalization at two dorsocentral bristles in *Drosophila Melanogaster*. *J. Heredity* .83, 49-55.

RENDEL J.M., 1979. Canalisation and selection. In: *Quantitative genetic variation*. Academic press. Inc., J.N. Thompson Jr. and J.M. Thoday ed. 139-156.

RENDEL J.M., SHELDON B.L., 1960. Selection for canalization of the scute phenotype in *Drosophilia Melanogaster*. *Austr. J. Biol. Sci.* 13, 36-47.

ROBERT C., FOULLEY J.L., DUCROCQ V., 1995a. Genetic variation of trait measured in several environments. I. Estimation and testing of homogenous genetic and intra-class correlations between environments. *Genet. Sel. Evol.* 27, 111-123.

ROBERT C., FOULLEY J.L., DUCROCQ V., 1995b. Genetic variation of trait measured in several environments. II. Inference on between-environments homogeneity of intra-class correlations. *Genet. Sel. Evol.* 27, 125-134.

SAN CRISTOBAL M., FOULLEY J.L., MANFREDI E., 1993. Inference about multiplicative heteroskedastic components of variance in a mixed linear Gaussian model with an application to beef cattle breeding. *Genet. Sel. Evol.* 25, 3-30.

SAN CRISTÓBAL-GAUDY M., ELSEN J.M., BODIN L., CHEVALET C., 1998a. Prediction of the response to a selection for canalisation of a continuous trait in animal breeding. *Genet. Sel. Evol.* (30. In press).

SAN CRISTÓBAL-GAUDY M., ELSEN J.M., BODIN L., CHEVALET C., 1998b. Genetic components of litter size variability in sheep. (in preparation).

SHLINLR S.M., LYMAN R.F., 1991. The genetics of phenitypic plasticity. II: Response to selection. *J. Evol. Biol.* 4, 23-50.

WADDINGTON C.H., 1960. Experiments on canalizing selection. *Genet. Res.* 1, 140-150.

WAGNER G.P., BOOTH G., BAGHERI-CHAICHIAN H., 1997. A population genetic theory of canalization. *Evolution*, 51, 329-347.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3,** 216-225

MEJORA GENÉTICA DE LA PRODUCCIÓN DE FIBRAS DE CACHEMIRA

C. Díaz
A. Moreno

Dpto. de Mejora Genética y Biotecnología
Ctra. de la Coruña km 7
28040 Madrid

España

RESUMEN

Se presentan distintos aspectos de la mejora genética de la producción de fibras de Cachemira. En primer lugar se describe la situación de la producción de fibras de origen animal con una referencia particular a la producción de fibra de Cachemira. Se plantean los aspectos de la fisiología de la fibra que diferencian este tipo de animales de otras especies productoras de fibra. Se describe el protocolo utilizado a la hora de muestrear la fibra sobre el animal en vivo y determinar sus características. Se definen distintos caracteres de calidad y cantidad de fibra que son de interés en este tipo de poblaciones así como la variabilidad genética descrita en estos caracteres y las correlaciones entre ellos. Se discuten distintos objetivos a la selección en función de los precios del mercado internacional de la fibra. Por último, se describen las actuaciones realizadas en la población de Cachemira española, haciendo énfasis en la implementación del BLUP con restricciones y técnicas de programación lineal empleadas para imponer restricciones.

Palabras claves: Cachemira, Objetivos de selección, Caracteres de fibra, Selección con restricciones.

SUMMARY
GENETIC IMPROVEMENT OF CASHMERE FIBRE PRODUCTION

Different aspects relative to genetic improvement of Cashmere fibre production are discussed. The world situation of animals' fibres is described together with a description of Cashmere production. Characteristics of the physiology and metrology of fibre are also presented. In addition, genetic variability associated to traits of interest as well as genetic correlations among them are presented. Three selection objectives are discussed taking into account the price of fibre in the international market. Finally, some selection criteria based on restricted BLUP and selection strategies through the use of lineal programming techniques applied to Spanish Cashmere are outlined.

Key words: Cashmere, Selection objective, Fibre traits, Restricted selection.

Introducción

El sector agropecuario español, como el del resto de los países de la Unión Europea, está bajo la creciente necesidad de diversificar sus actividades dado que las producciones tradicionales están cerca de satisfacer las demandas del mercado. Una alternativa clara son los productos no alimentarios de alto valor añadido, lo que coincide con la política agrícola de la UE.

La producción de fibras de origen animal para uso en la industria textil presenta una situación muy diversa en función del origen de la fibra (cuadro 1). De aquellos tipos de fibra cuya producción está estabilizada, la fibra de Cachemira es la de mayor valor económico.

Tradicionalmente el término de Cachemira hacía referencia a las cabras procedentes de Asia. Actualmente, la definición de Cachemira viene impuesta por razones de mercado. Se define como cabras Cachemira aquellas cabras con doble capa de abrigo que producen fibra con diámetro inferior a 18,5 μm. En las cabras de Cachemira existe una gran diversidad de genotipos con un rango muy amplio de variación tanto en diámetro como en producción de fibra. Se describen algunos tipos, tales como, Siberia (producción >500g y diámetro >20 μm), China y Mongolia (diámetro <16 μm y producción entre 100-300g). Existen algunas regiones chinas donde se dan animales de excelente calidad (diámetro entre 15-17 μm) y alto nivel de producción (500 g). Los países tradicionalmente productores de fibra Cachemira son asiáticos (China, Mongolia, Irán, Afganistán, Siberia, Pakistán e India) aunque a partir de la década de los ochenta se incorporaron Australia, Nueva Zelanda y Reino Unido, que actualmente junto con Estados Unidos, son los principales países procesadores.

En Europa existe un creciente interés por la producción de fibras textiles de origen animal, tales como Cachemira, mohair, angora y lanas de calidad (MILNE, 1997). Existen en realidad distintas iniciativas por parte de cooperativas de productores que aúnan esfuerzos para la producción de la materia prima, el procesado y la comercialización del producto elaborado. Así, al amparo de una red temática financiada por la UE, se han de constituir bases de datos que englobarán la información generada en cada país para las distintas especies.

OSORO y col. 1995, han identificado la producción de fibra de Cachemira en España como un complemento a los sistemas de producción tradicionales por el valor añadido que se puede obtener de la fibra. La Cachemira es la fibra de origen animal que presenta una mayor asociación con el lujo y la calidad. El valor de la fibra de Cachemira es una función de varias características, fundamentalmente de calidad y cantidad.

La introducción de cabras de Cachemira en España se realizó en el marco de un proyecto INIA de carácter multidisciplinar, que ha integrado aspectos relacionados con la genética, los sistemas de manejo, reproducción, enfermedades parasitarias y economía.

Fisiología y Medida de la fibra

Las cabras de Cachemira son animales de doble capa de abrigo. Sobre su piel se distinguen dos tipos de folículos pilosos; los folículos primarios que producen pelo con diámetro > 50 μm y longitud de 6-20 cm y cuyo papel biológico es la protec-

CUADRO 1
SITUACIÓN DE LA PRODUCCIÓN MUNDIAL DE FIBRAS DE ORIGEN ANIMAL

Tipo de Fibra	Animal Productor	Producción (Tm)	Tendencia
Alpaca y Llama	Camélidos	4.000	Estable
Angora	Conejo	7.000	Estable
Pelo Camello	Camélidos	1.500	Decrec.
Cashgora	Cabra Angora x Cabra salvaje	50	Decrec.
Cachemira	Cabra Cachemira	5.000	Estable
Mohair	Cabra Angora	20.800	Estable
Vicuña	Camélido	No disp.	Inaccesible
Lana de Yak	Bóvido	1.000	Decrec.

Fuente: Ho Phan. 1997. European Fine Fibre Network Workshop Report 1.

ción física y, folículos secundarios productores de fibra con diámetro de 4 -30 μm y longitud de 4-8 cm, cuya función es la de aislante térmico (LUPTON y col. 1995 citado por HERRMANN y WORTMANN, 1995).

La población de folículos, aparentemente, queda fijada entre los 3-6 meses de edad (LAMBERT y col. 1984). El folículo desarrolla un ciclo continuo de actividad de crecimiento, maduración, permanencia, y muda (CHASE, 1954). En el Hemisferio Norte la máxima actividad folicular tiene lugar entre el solsticio de verano y el solsticio de invierno. Las cabras de Cachemira presentan un patrón de crecimiento de la fibra y muda estacional. Durante el invierno presentan doble capa de abrigo. En primavera, bajo la influencia del aumento de horas de luz, se produce la muda de la fibra que se lleva a cabo durante algunas semanas. Se ha observado variación en el inicio de la muda entre animales aunque dentro de animales, los ciclos de actividad folicular están más o menos sincronizados.

Protocolo para determinar las características de fibra Cachemira

Los animales, machos y hembras, son pesados y controlados a los cinco meses de edad tomando muestra de vellón de 10 cm^2 en el punto medio del lateral del animal. Estas muestras se almacenan en una habitación en seco. Antes de iniciar el proceso de medida, las citadas muestras, se llevan a una cámara de acondicionamiento con temperatura y humedad relativa controladas (20°C ± 2°C y 65% ± 5%). En primer lugar se pesa la muestra obtenida. A continuación se procede a la separación manual de pelo y fibra y se pesan por separado. El siguiente paso es el lavado de la fibra con éter de petróleo. Posteriormente se mide la longitud de la fibra (con una regla graduada), extendiendo ésta sobre un tablero de terciopelo.

La determinación del diámetro de la fibra se realiza por microscopía de proyección y análisis de imagen (CUE.2.2) midiéndose 200 fibras por muestra.

En la actualidad se está imponiendo el analizador óptico del diámetro de la fibra (OFDA), por su rapidez y porque permite trabajar con un mayor volumen de muestra. Sin embargo, aún no está resuelta la falta de consistencia entre las determinaciones del diámetro de la fibra obtenida por diferentes métodos y/o en diferentes laboratorios (HERRMANN and WORTMANN, 1994-95). Lo cual obviamente puede presentar un problema a la hora de establecer criterios de selección en un programa de Mejora que implique la intervención de distintos países y/o laboratorios.

Definición de los caracteres de posible interés en el Programa de Mejora Genética

En el Programa de Mejora Genética que se está desarrollando actualmente los caracteres de posible interés son medidos sobre el animal joven, a los cinco meses de edad. Esto se hace con el fin de no dilatar las decisiones a la hora de seleccionar los reproductores y así disminuir el intervalo generacional. Sobre el cabrito se definen:

- Diámetro medio de la fibra (D.M.): media en μm de doscientas fibras de la muestra.

- Desviación estándar del diámetro de la fibra (DE_d).

- Peso vivo (Kg): peso del animal el día en que se toma la muestra del vellón.

- Rendimiento: definido como la razón del peso de la fibra al peso total (pelo más fibra), en porcentaje.

- Peso en gramos de fibra de Cachemira en la muestra (P_CACH): se obtiene como el producto del rendimiento por el peso total de la muestra.

- Longitud de la fibra (mm): se toman tres medidas máxima, media y mínima.

- Medulación: número de fibras meduladas sobre el total de fibras medidas. Expresado en porcentaje.

- Producción anual estimada (PAE) en gramos: obtenida utilizando la fórmula de BISHOP y RUSSEL (1994)

$$PAE = 53{,}6\ (PV)^{0{,}703}\ P_CACH / 0{,}4$$

donde, PV representa el peso vivo del animal el día que se toma la muestra y, P_CACH el peso de fibra Cachemira en la muestra. Mediante esta fórmula se extrapola la fibra producida en la superficie muestreada a la superficie corporal total.

Existen algunos trabajos que están determinando caracteres histológicos que podrían tener algún interés para ser utilizados en la selección, tales como densidad de folículos secundarios y razón de folículos secundarios a primarios (PATTIE y RESTALL, 1989). La definición de los caracteres es un tema aún abierto. Se ha observado que el PAE sobrestima la producción real y por otro lado existe la ya citada falta de consistencia entre laboratorios. A estas dificultades podemos añadir el desconocimiento que existe de los caracteres de fibra en el animal adulto ya que el muestreo siempre se hace sobre el animal joven.

Información para la venta de fibra en el animal adulto

Hay dos procedimientos para la recogida de la fibra Cachemira que son peinado y

esquilado. En España, por razones de manejo y costes de mantenimiento de los animales, se ha optado por el peinado.

El valor de la fibra en la industria textil viene determinado por el peso total del esquilado o peinado junto a una escala de apreciación visual relativa al contenido en fibra (1< 20%; 2 = 20-40%; 3 = 40-60%; 4 = 60-80%; 5 > 80%) y la calidad de fibra. Para ésta última se establecen tres categorías según la apreciación visual del diámetro: hilado con diámetro de fibra inferior a 16,5 micras; tejido para diámetro de fibra entre 16,5 y 18,5 micras; las fibras con diámetro superior a 18,5 micras no se consideran fibra de Cachemira. Otros criterios de calidad son el color (blanco, no blanco, coloreado) y la apreciación visual de la longitud de la fibra. Fibras inferiores a 3 cm o superiores a 10 cm son rechazadas.

Caracterización productiva de la población de Cachemira española

La población de Cachemira española procede de Escocia. La Cachemira escocesa representa un "pool" de genes de distintas procedencias (Islandia, Siberia, Tasmania, Nueva Zelanda y cabra autóctona) que han sido tratadas como una población única y sometida a un proceso de selección (BISHOP y RUSSEL, 1994).

En el cuadro 2 se presentan las medias fenotípicas de los caracteres que han sido medidos en la población española a los cinco meses de edad. Como puede apreciarse la fibra española es de alta calidad (comercialmente, fibras por debajo de 16,5 micras son así consideradas) con una producción de Cachemira (PAE) muy próxima a las referidas en otras poblaciones de Cachemira a estas edades.

De acuerdo a las características productivas medias de la población de Cachemira española, se ha determinado cual sería el ingreso bruto medio por animal únicamente obtenido en función del valor de la fibra. Para ello hemos recogido el sistema de precios del Mercado Europeo de 1997 (RUSSEL, 1998). En éste mercado se consideran tres categorías de precios de acuerdo al diámetro medio. Fibras por debajo de 16,5 μm

CUADRO 2
MEDIAS FENOTÍPICAS DE LOS CARACTERES CONTROLADOS EN CABRAS DE CACHEMIRA EN ESPAÑA

Carácter	N	Media	D.E.
D.M[a] (µm)	411	13,95	1,30
DE_d[a] (µm)	411	2,64	0,43
PAE[a] (g)	347	228	146
PDM[a] (kg)	401	19,1	6,1
P_CACH[a] (g)	361	0,216	0,132
LM (mm) [a]	362	31,9	12,7
Rendimiento %	362	35,4	14,2
Medulación %	362	1,2	1,4

[a] DM = diámetro medio; DE_d = desviación estandar del diámetro; PAE = producción anual estimada; PDM = peso vivo el día de la muestra; P_CACH = Peso de la fibra de la muestra en gramos; LM = longitud media de la fibra.

(17.908 pts./kg); fibras con un diámetro entre 16,5 μm y 18,5 μm (13.585 pts./kg), y fibras por encima de 18,5 μm sin precio establecido ni valor comercial en el mercado de la Cachemira. El valor comercial que se podría asignar a la fibra producida por la Cachemira española se establece siguiendo el procedimiento de PONZONI y GUIFFORD (1990). A precios de mercado de 1997, el precio medio de la Cachemira española sería de 17.799 pts. / kg o 4.058 pts. por animal.

Parámetros genéticos

Existe un número muy limitado de referencias bibliográficas relativas a los caracteres productivos en poblaciones de Cachemira. Los caracteres involucrados en la producción de fibra presentan, en general, heredabilidades entre moderadas y altas. El rango de valores encontrados para diámetro medio de la fibra varía entre 0,47 y 0,99 (BISHOP, 1994; BISHOP y RUSSEL, 1996) para peso de la fibra de Cachemira entre 0,36 y 0,62 (BISHOP, 1994; BISHOP y RUSSEL, 1996) mientras que el peso vivo presenta heredabilidades más consistentes y similares a las encontradas en otras especies (BISHOP, 1994). Este rango de valores representa una mezcla de poblaciones y de edades.

Es a su vez de especial importancia la correlación genética existente entre todos los caracteres relacionados con la fibra. En este sentido, las estimas encontradas en la literatura son altas y positivas; siendo especialmente altas las estimas de correlaciones genéticas entre diámetro medio y cantidad de fibra que oscilan entre 0,62 y 0,83 (PATTIE y RESTALL, 1989; BIGHAM *et al.*, 1993; BISHOP y RUSSEL, 1996). Por el contrario, no parece existir una asociación clara entre las características de la fibra y peso vivo de los animales. Las correlaciones genéticas con el peso vivo, tanto para diámetro como para cantidad de fibra, citadas en la literatura no parecen ser distintas de cero (PATTIE y RESTALL, 1989; BIGHMAN y col., 1993; BISHOP y RUSSEL, 1996).

Los parámetros genéticos que han sido utilizados en la población española son los estimados por BISHOP y RUSSEL (1996), dado que la población española procede de la escocesa y la cantidad de información originada en la primera hasta la fecha es muy limitada. Por otra parte dada la relativa consistencia encontrada en la literatura de las estimas de heredabilidad (moderadas o altas) de los caracteres relacionados con la fibra, se esperaría una respuesta rápida a la selección. Sin embargo, la existencia de correlaciones genéticas (igualmente consistentes en la literatura) altas y positivas entre los distintos caracteres hacen crítico el planteamiento de los objetivos y las estrategias de selección por las posibles respuestas correlacionas indeseables. Por ejemplo, en un estudio de simulación de un núcleo realizado por DÍAZ y col. (1998) se observó que seleccionar únicamente para aumentar la producción de fibra conllevaría un incremento anual en el diámetro de 0,5 micras. Por otra parte existen evidencias experimentales que así lo indican; de la línea de selección desarrollada en el MLURI para disminuir el diámetro se obtuvo como respuesta correlacionada una reducción del 38% de la Producción Anual Estimada en cuatro años de selección (RUSSEL, 1998).

Según las estimas obtenidas por BISHOP y RUSSEL (1996), la heredabilidad del diámetro medio de la fibra (DM) es de 0,68 y 0,55 la heredabilidad asociada a la PAE. La estima de correlación genética entre ambos caracteres es de 0,83.

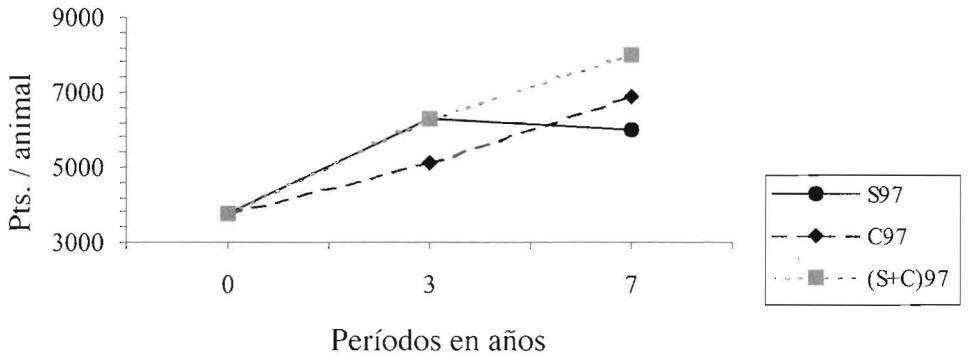
Objetivos de selección

Como ya se ha dicho anteriormente, desde un punto de vista comercial calidad y cantidad de fibra son esenciales. Por tanto, la producción de fibra y por consiguiente, la mejora genética de la fibra de Cachemira, debe abordar esos dos grupos de caracteres. Los caracteres de calidad vienen determinados por la industria textil y su principal componente es el diámetro medio de la fibra; aunque existen otras características adicionales tales como el color, la longitud, el lustre, el rizo, etc. Desde el punto de vista de la selección centraremos nuestro interés en el diámetro medio de la fibra y la Producción Anual Estimada (PAE) como caracteres de calidad y cantidad, respectivamente.

Tomando en cuenta los precios medios de mercado de 1997 que ya han sido indicados anteriormente, si la selección se orientara a la búsqueda de calidad, un decremento de una unidad en el diámetro medio produciría un incremento de 95 pts. / kg en el precio de la fibra producida. Por el contrario, si el proceso de selección resultara en el incremento de un micrómetro en el diámetro medio supondría una pérdida de valor de 397 pts. / kg a precios del mercado 1997 y con las medias de la población actual de Cachemira española (cuadro 2). Como puede observarse la relación calidad precio no es lineal, y por lo tanto la consecuencia, en términos de ingresos percibidos por el productor, dependerá en gran medida del efecto que, incrementar o disminuir una micra en el diámetro medio de la fibra, tenga sobre la cantidad de fibra producida.

Desde esta perspectiva económica discutiremos a continuación distintos objetivos de selección. Para ello, se utilizan los resultados del estudio de simulación realizado por DÍAZ y col. (1998) anteriormente mencionado. En dicho trabajo, se compararon distintas estrategias de selección con restricciones aplicado a un núcleo de cabras de Cachemira. Las distintas estrategias de selección se orientaron a mantener el diámetro de la fibra constante. Los resultados del citado estudio mostraron que la selección para incrementar la producción sin restricción en el diámetro se traduciría en un aumento de producción de 52 g anuales con un incremento de diámetro de 0,5 micras. Sin embargo, si seleccionáramos para aumentar la cantidad con restricción en el diámetro, el aumento medio de producción obtenido sería de 25 g anuales mientras que el diámetro se mantendría constante.

En la Figura 1 se presentan los efectos de tres objetivos de selección distintos, medidos en términos de ingresos brutos por animal. Dichos objetivos son: selección para aumentar cantidad sin restricción en diámetro (S), selección para aumentar cantidad con restricción en diámetro (C) y por último, una combinación de ambas que sería, selección sin restricción en diámetro los tres primeros años y restricción en los siguientes. Se observa claramente que la elección entre los distintos objetivos depende de la perspectiva en el tiempo. Al cabo de tres años de selección, S implicaría un ingreso adicional de 1.166 pts. por animal respecto a C. Por el contrario, si consideramos un periodo de siete años de selección, S supondría una pérdida de 875 pts. por animal respecto a C. Una combinación de ambos objetivos parece ser la mejor opción, puesto que a corto plazo implicaría los mismos ingresos que S y a más largo plazo supondría una ventaja con respecto a C (1.090 pts./animal). Las diferencias que serían esperadas entre los tres escenarios podrían explicarse por el efecto que el incremento del diámetro tiene sobre el pre-



S = selección para aumentar cantidad sin restricción en diámetro; C = selección para aumentar cantidad con restricción en diámetro y S+C = selección S en los tres primeros años y C en los siguientes.

Figura 1. Ingresos brutos medios por animal bajo distintos objetivos de selección

cio de la fibra y que no parece ser compensado por una mayor producción. Así por ejemplo, bajo la estrategia S, tendríamos animales de mayor producción, pero en su mayor parte estarían en el segundo tramo de precios (16,5 – 18,5 μm) y la fibra del 28 % de los animales de nuestra población no tendría valor económico. En cambio, en la combinación de S+C, el 76% de la población se mantendría en el primer nivel de precios (< 16,5 μm) y el 24% restante en el segundo tramo.

Por lo tanto, del conocimiento del mercado internacional se deduce que seleccionar para disminuir diámetro no tendría sentido dado los niveles de calidad de nuestra población en la actualidad; mientras que aumentar la producción sólo tendría sentido a corto plazo. Si además tenemos en cuenta que existen ciertas evidencias de que el diámetro medio de la fibra incrementa con la edad (PATTIE y RESTALL, 1989) se espera que restringir el diámetro medio de la fibra nos permitiría asegurar un valor comercial para todo el rebaño.

Actuaciones en la población de Cachemira española

En la población de Cachemira española, de entre todos los caracteres controlados en los animales, hemos centrado nuestro interés sobre el diámetro medio de la fibra y la Producción Anual Estimada como caracteres representativos de la calidad y cantidad de la fibra.

En un primer período, se testaron los machos importados de Escocia y los apareamientos se organizaron para evitar consanguinidad. En el año 1995 se pudieron evaluar por primera vez los animales de Cachemira. Dado que en ese momento se disponía únicamente de información sobre el diámetro medio de las muestras tomadas en los cabritos nacidos en el año 1994, se realizó una evaluación genética mediante la aplicación de un BLUP-Modelo Animal. La heredabilidad considerada fue 0,68 (BISHOP y RUSSEL, 1996). El modelo de evaluación contempló, la localización, el sexo y la edad del animal el día de la toma de la

muestra como covariable. Puesto que sólo disponíamos de información para el diámetro de la fibra los machos fueron seleccionados para disminuir dicho diámetro, es decir mejorar calidad. Para comprobar si los caracteres respondían a la selección como era esperado, se estimó la respuesta esperada para diámetro en función de los valores medios predichos para los machos padres de los individuos nacidos en el año 1996 (única información de la que se dispone actualmente en este sentido). Para obtener la respuesta esperada, se utilizaron las valoraciones genéticas de esos machos obtenidas a partir de su propia información. Asumiendo que todos los machos tenían la misma contribución a la descendencia se hubiera esperado un decremento en el diámetro de 0,16 micras, pero tomando en cuenta las contribuciones diferenciales de los machos el decremento esperado sería de 0,26 micras, coincidiendo éste último valor con la media de los individuos nacidos en 1996.

A partir de 1995, los animales fueron controlados para los otros caracteres que se citan en el cuadro 2. Para la evaluación genética se implementó un BLUP-Modelo Animal Multicarácter para diámetro medio y Producción Anual Estimada. Los animales han estado ubicados en Asturias (dos fincas) y Guadalajara. De los 17 machos que figuran como padres con hijos con datos, 10 tienen descendencia en al menos dos de las localizaciones para asegurar la conexión entre rebaño. En la evaluación realizada en el año 1997, se valoraron un total de 856 animales, 367 de los cuales poseían información propia. Vía hembras no se ha practicado selección hasta la fecha dado que uno de los objetivos era incrementar el tamaño del rebaño. Los apareamientos se verificaron para minimizar el incremento de consanguinidad.

Con posterioridad y en base a los resultados de la simulación para el manejo del núcleo de selección se ha implementado un BLUP con Restricciones (QUAAS y HENDERSON, 1976) para la selección de hembras en el núcleo, y técnicas de programación lineal aplicadas a las valoraciones BLUP multicarácter, para la selección de los machos (DÍAZ y col,, 1998). La programación lineal nos permite maximizar la respuesta en cantidad de fibra sujeta a una serie de restricciones tanto en el diámetro como en el número mínimo de machos y número máximo de hembras a cubrir por macho. Las soluciones obtenidas nos indican el número de machos a seleccionar y la proporción de hembras a cubrir por cada uno de los machos para obtener el máximo de la función sometido a las restricciones impuestas. La programación lineal es un instrumento de gran flexibilidad para imponer restricciones (DÍAZ, 1998, resultados no publicados), de manera tal que nosotros podríamos establecer el incremento en diámetro deseado (esperado) y en función de esta restricción buscar la combinación de machos que maximizan el incremento de producción.

Agradecimientos

Los resultados así como el conocimiento adquirido por los autores sobre la genética y fisiología de la fibra, metrología y la producción de cabras de Cachemira fueron obtenidos durante el desarrollo del proyecto SC93-193 del Plan Sectorial del M.A.P.A.

Bibliografía

BISHOP S., 1994. Strain comparisons and genetic parameters for cashmere goats. In: Proc. 5th WCGALP. Vol 19, 401-408.

BISHOP S.C. y RUSSEL F.J., 1994. Cashmere production from feral and imported cashmere goat kids. Anim. Prod. 58, 135-144.

BISHOP S. y RUSSEL A., 1996. The inheritance of fibre traits in a crossbred population of cashmere. Anim. Sci. 63, 429-436.

CHASE H.B., 1954. Growth of hair. Physiological Reviews, 34, 632-633.

DÍAZ C., Toro, M. y REKAYA R., 1998. Comparison of restricted selection strategies: an application to selection of Cashmere goats. Livest. Prod. (Aceptado).

HERRMANN S. y WORTMANN F.J., 1994-1995. First results of the round trial of fibre diameter testing facilities. Fine Fibre News, 4, 6-16.

HERRMANN S. y WORTMANN F.J., 1995. Developments of models for the simultaneus estimation of fibre quality and yield in raw cashmere fleeces. Fine Fibre News, 5, 6-10.

LAMBERT A., RESTALL B.J., NORTON BW. y WINTER J. D., 1984. The post-natal development of hair follicles groups in the skin of the Australian feral goat. Proc. Aust. Soc. Anim. Prod. 15, 420-423.

MANDAKH B. and ZAGDSUREN Y., 1998. Selection index for improvement on Mongolian Cashmere goat performance. In: Proc. 6thWCGALP. Vol 24, 96-98.

MILNE J., 1997. European Fine Fibre Network Workshop Report 1, 2-3.

OSORO K.; MARTÍNEZ A. y ORMAIZABAL J.J., 1995. Posibilidades de la cabra de Cachemira. ITEA. Vol. Extra. 16 (I), 204-206.

PATTIE W.A. and RESTALL B.J., 1989. The inheritance of Cashmere in Australian Goats. 2. Genetic Parameters and breeding values. Livest. Prod. Sci. 21, 251-261.

PATTIE W. A. and. RESTALL B.J., 1990. Breeding for cashmere. In. Proc. Of The Scottish Cashmere. The variable alternative. Battleby, 21st July, 1990, 13-31.

PONZONI R.W. and GIFFORD D.R., 1990. Developing breeding objectives for Australian Cashmere goats. J. Anim. Breed. Genet. 107, 35–370.

QUAAS R.L. y HENDERSON C.R., 1976. Selection criteria for altering groth curve. Dept. Anim. Sci. Cornell University. Ithaca, N.Y. Mimeo.

RESTALL B. J. and PATTIE W.A., 1989. The inheritance of Cashmere in Australian Goats. 1. Characteristics of the base population and the effects of environmental factors. Livest. Prod. Sci. 21, 157-172.

RUSSEL A. 1998. Breeding programme achieves significant gains in Cashmere production. Scotish Cashnere News, 36, 1–2.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3,** 226-235

PRIMEROS RESULTADOS DEL ESTUDIO DE LA MORFOLOGÍA MAMARIA EN GANADO OVINO MANCHEGO

M.ª E. Seldas*
J.J. Jurado**
M. García*
V. Montoro*
M.ª D. Pérez-Gúzman*

* CERSYRA
Avda. del Vino, 6
13300 Valdepeñas
Ciudad Real

** INIA
Ctra. de la Coruña, Km 7
28040 Madrid

España

RESUMEN

Se han analizado 4.706 puntuaciones morfológicas de ubres correspondientes a 3.122 ovejas que pertenecen a 12 ganaderías del núcleo de selección del programa de mejora genética de la raza Manchega. La finalidad de esta evaluación es mejorar por selección la aptitud morfológica de la ubre para el ordeño mecánico.

En cada puntuación morfológica se tomaron en cuenta los siguientes caracteres mamarios básicos: *Profundidad* e *Inserción* de la ubre, *Verticalidad* y *Tamaño* de los pezones. Se consideró además un quinto carácter global denominado *Conformación* de la ubre. Dichos parámetros se valoraron siguiendo una escala lineal de 9 puntos (del 1 al 9).

Las medias de las puntuaciones para los caracteres fueron, para la Profundidad 5,27; para la Inserción 5,07; para la Verticalidad 4,63; para el Tamaño 4.92 y para la Conformación 4,56.

En el modelo de análisis de varianza realizado, el efecto Oveja (rebaño) es el que explica el mayor porcentaje de varianza para los cinco caracteres evaluados. A continuación, los factores más significativos e influyentes son el Rebaño, el Intervalo desde el Parto hasta el Control y el Calificador.

Finalmente, se ha obtenido una correlación fenotípica positiva entre la Conformación de la ubre y la Producción Láctea. En función de los resultados que se obtengan del estudio genético, podemos confirmar si se puede mejorar la aptitud morfológica para el ordeño mecánico y al mismo tiempo incrementarse los niveles productivos.

Palabras clave: Oveja Manchega, Conformación mamaria.

SUMMARY

PRELIMINARY RESULTS FROM A MORPHOLOGYCAL STUDY OF THE UDDER IN MANCHEGA SHEEP

The aim of this paper is to apply a linear model trait appraisal of udder for sheep (Fernández, 1995) in the Manchega breed. A total of 4.706 scores have been taken from 3.122 ewes in 12 flocks. In each case five characteristics were estimated in the udder: depth, attachment, teat placement, teat size and udder shape. The linear scale has a range of nine points (1-9) for each characteristic. Mean values of those were between 4,56 for udder shape and 5,27 for udder attachment. Analysis of variance showed that sheep-flock is the principal affecting factor followed, in decreasing order, by flock, lenght parity-measure and classifier. There was found a positive correlation between udder shape and milk production. More studies are neccesary to consider if is possible include morphologycal traits in the genetic valuation of Manchega sheep.

Key words: Manchega sheep, Linear udder trait, Udder conformation.

Introducción

El futuro de la producción de leche de oveja en nuestro país y particularmente en el caso de la oveja Manchega, depende en gran medida de la mecanización de la operación del ordeño. Esto es debido a que, sobre dicho tipo de ordeño se atribuye una realización del trabajo en condiciones más adecuadas, una mejora de la eficacia de la mano de obra al aumentar los rendimientos horarios, la posibilidad de obtener leche en mejores condiciones higiénicas, la facilidad para la organización del trabajo y el control de resultados e, incluso, que permite la versatilidad de los operarios.

Las características de la ubre apta para el ordeño mecánico en las ovejas son conocidas y fueron descritas por MIKUS (1969, 1972, 1978) quien denominó "udder machine" a la ubre óptima, desde el punto de vista morfológico, para la utilización de la máquina de ordeño.

Así pues, sabiendo que los caracteres morfológicos de la ubre en el ganado ovino presentan heredabilidades entre medias a altas (MAVROGENIS *et al.*, 1988; CHARON, 1990); y conociendo las características que debe tener la ubre apta para el ordeño mecánico "udder machine", sería posible incluir dentro de los programas de selección de la raza ovina Manchega los caracteres morfológicos mamarios, con el fin de disponer lo más pronto posible de sementales valorados para dichos caracteres.

Material y métodos

Material Animal

Para la realización del presente trabajo se han utilizado ovejas de 12 rebaños pertenecientes al núcleo de selección del programa de mejora genética de la raza Manchega, llevado a cabo en el Centro Regional de Selección y Reproducción Animal (CERSYRA) de Valdepeñas.

Las ovejas de estas ganaderías están sometidas al Control Lechero Oficial. En los 12 rebaños se utiliza el ordeño mecánico.

Se han analizado y estudiado un total de 4.706 puntuaciones realizadas a 3.122 ovejas durante el año 1997.

Metodología de Valoración

Para la evaluación morfológica de la ubre se ha seguido un sistema de puntuación lineal con valores comprendidos entre 1 y 9, diseñado y desarrollado por primera vez en ganado ovino por el grupo de Genética de la Universidad de León (FERNÁNDEZ DE SIERRA, 1995). Dicho método está basado en la valoración de 5 caracteres mamarios que se describen a continuación:

Profundidad (PROF), este carácter se define como la distancia entre la inserción posterior de la ubre y la base de la misma tomando como punto de referencia el corvejón de la oveja. Se considera como puntuación óptima el valor 5, correspondiente al punto medio de la escala.

Inserción (INS), se define como la sujeción que presenta la glándula mamaria a la pared abdominal de la oveja. Este carácter está determinado por el perímetro de la base de la ubre. El valor óptimo corresponde al máximo perímetro de inserción, al que se le adjudica la máxima puntuación (9 puntos).

Verticalidad (VERT), este carácter está determinado por el ángulo de inserción de los pezones. La morfología considerada óptima (9 puntos) corresponde a la máxima verticalidad; es decir, pezones dirigidos hacia el suelo y muy poco adelantados.

Tamaño (TAM), definido por la longitud de los pezones, dada la alta correlación existente entre la longitud y la anchura de los mismos. La puntuación óptima coincide con el valor medio de la escala (5 puntos).

Conformación (CONF), considerado como un valor global de la aptitud morfológica de la ubre para el ordeño mecánico. El valor máximo de la escala (9 puntos) se corresponde con el tipo de ubre ideal para el ordeño mecánico (MIKUS, 1978).

Estos cinco parámetros son calificados por la mañana antes del ordeño.

Metodología Estadística

Los análisis estadísticos se han realizado mediante el paquete estadístico SAS (SAS Institute INC., 1988). Para ello, la información contenida en la base de datos se ha transformado a ficheros formato SAS, mediante ficheros puente DBF.

Para el estudio de las variables dependientes se han realizado análisis de varianza mediante el procedimiento GLM (Modelo Lineal General). Así mismo, se han utilizado los procedimientos MEANS, FREQ y CORR para el estudio de las distribuciones de los datos y correlaciones entre las diferentes variables.

El modelo lineal de análisis de varianza utilizado fue el siguiente:

$$Y_{ijklmn} = \mu + Ri + O_{j(i)} + P_k + NP_l + CA_m + IN_n + \varepsilon_{ijklmn}$$

Siendo:

$Y_{ijklmno}$ = Valor de cada observación (Variable Dependiente).

μ = Valor Medio.

R_i = Efecto del Rebaño (Factor Fijo). Contiene 12 clases.

$O_{j(i)}$ = Efecto de la oveja j dentro del rebaño i (Factor Jerarquizado).

P_k = Efecto de la Producción (Covariable).

Np_l = Efecto del Número de Parto (Factor Fijo). Agrupa 3 clases.

Ca_m = Efecto del Calificador (Factor Fijo). Posee 5 clases.

In_n = Efecto de Intervalo de tiempo comprendido entre la fecha de parto y la realización de la calificación (Factor Fijo). Se han establecido 3 clases.

ε_{ijklmn}= Error residual.

Resultados y discusión

Las medias aritméticas, los errores estándar y los coeficientes de variación de las puntuaciones, para cada uno de los cinco parámetros mamarios calificados, figuran en el cuadro 1.

Las medias de las puntuaciones oscilan entre un mínimo de 4,56 (CONF), y un máximo de 5,27 (PROF), siendo la mayoría muy próximas a 5 puntos y presentando una distribución de puntuaciones casi normal.

La CONF y la VERT destacan como los caracteres más dispersos, coincidiendo con los resultados obtenidos por FERNÁNDEZ DE SIERRA en 1995 para la raza Churra.

Factores de Variación sobre las puntuaciones de los caracteres mamarios

Tal y como se muestra en el cuadro 2, el modelo de análisis de varianza realizado es muy significativo ($P \leq 0.001$) para los cinco parámetros mamarios calificados.

El efecto Oveja (rebaño) es el que explica mayor porcentaje de varianza para los cinco caracteres, lo que indica la gran variabilidad que existe en la morfología de la ubre del ganado ovino de raza Manchega. Estos porcentajes se sitúan entre un máximo del 79,95% para la VERT y un mínimo del 66,94% para la INS, resultando estos valores muy interesantes para la realización de selección sobre la morfología mamaria.

En un segundo lugar, en cuanto a porcentaje de varianza explicada, se sitúa el factor Rebaño, seguido por el factor Intervalo Parto-Control para los caracteres PROF, INS y CONF y por el factor Calificador para la VERT y el TAM.

El efecto del número de parto es el menos significativo y el que menor porcentaje de varianza explica para los cinco caracteres mamarios.

A continuación se expone el efecto de los principales factores sobre los parámetros mamarios calificados.

Rebaño

El efecto Rebaño resulta altamente significativo sobre la puntuación de los 5 caracteres de la ubre evaluados (cuadro 2). El porcentaje de varianza que explica oscila entre un mínimo de 2,41 para la CONF y un máximo de 8,92 para la PROF.

El rebaño es el factor fijo que aporta el mayor porcentaje de varianza explicada para los cinco caracteres morfológicos. La importancia de este efecto se basa en las variaciones genéticas existentes entre las distintas ganaderías, debidas a la selección intrarebaño que vienen realizando los ganaderos de forma habitual.

CUADRO 1
VALORES ESTADÍSTICOS PARA LOS PARÁMETROS MAMARIOS CALIFICADOS

	PROF	INS	VERT	TAM	CONF
Media	5,27	5,07	4,63	4,92	4,56
Error	±0,81	±1,00	±1,05	±0,82	±1,04
Coef. Var.	15,39	19,80	22,55	16,59	22,73

CUADRO 2
PORCENTAJE DE VARIANZA EXPLICADA POR LOS DISTINTOS FACTORES DE VARIACIÓN SOBRE LOS CARACTERES MAMARIOS Y SIGNIFICACIÓN DEL EFECTO

	Variables dependientes									
Fte. de Variación	PROF		INS		VERT		TAM		CONF	
Rebaño	8,92	***	3,92	***	2,80	***	2,80	***	2,41	***
Oveja (rebaño)	71,40	***	66,94	***	79,95	***	76,36	***	72,16	***
Nº Parto	0,14	***	0,02	NS	0,06	NS	0,01	NS	0,04	NS
Calificador	1,27	***	0,45	***	0,34	***	0,25	***	0,31	***
Producción	0,19	***	0,54	***	0,08	**	0,10	**	0,26	***
Intervalo P-C	1,50	***	2,45	***	0,21	***	0,14	**	1,04	***
Total	83,42	***	74,32	***	83,44	***	79,66	***	76,22	***

*** = P≤0,001 ** = 0,001<P≤0,01 * = 0,01<P≤0,05 NS = P>0,05

Las máximas diferencias encontradas en las puntuaciones medias entre rebaños son: 1,43 para la Profundidad; 1,77 para la Inserción; 1,68 para la Verticalidad; 0,75 para el Tamaño y 1,57 para la Conformación.

Número de Parto

Aunque este efecto no aparece significativo en el modelo (solamente resulta significativo para el carácter PROF) (cuadro 2), si se puede observar una tendencia en las medias de las puntuaciones alcanzadas por los caracteres INS y CONF a lo largo de los sucesivos partos. Dicha tendencia que nos parece importante resaltar, queda reflejada en la Figura 1.

Se muestra en esta figura cómo la profundidad aumenta considerablemente según se incrementa el número de lactaciones. Este aumento entre los primeros partos se corresponde con el incremento de la producción de leche. A partir del sexto parto las mayores puntuaciones se deben a una pérdida en la capacidad de retracción del ligamento suspensor medio (ubres descolgadas).

La Inserción de la ubre decrece lentamente hasta el sexto parto, disminuyendo más bruscamente a partir de este momento.

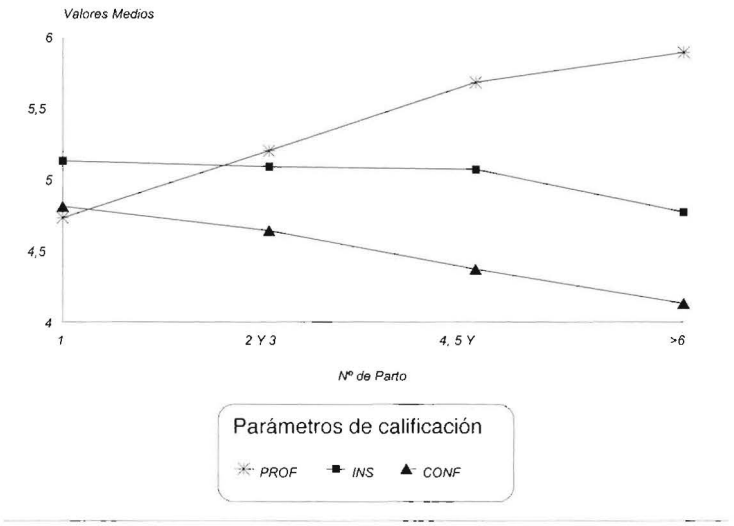


Figura 1. Efecto del Factor Nº de Parto sobre los Caracteres Mamarios

Esta disminución de la INS junto con el aumento de la PROF, muestran una evolución con la edad hacia una ubre pendulosa o descolgada.

La Conformación general de la ubre empeora cuantos más partos hayan sufrido las ovejas, como consecuencia del aumento de Profundidad, y de la disminución de la Inserción que experimenta la ubre.

Calificador

El efecto Calificador es estadísticamente muy significativo para todos los parámetros mamarios calificados. Ejerce su máxima influencia sobre los caracteres VERT y TAM.

Este hecho pone de manifiesto diferencias en la forma de evaluar de los calificadores. Por ello resultaría conveniente tratar de unificar algo más los distintos criterios de evaluación.

No obstante, la Inserción, la Profundidad y la Conformación general son los parámetros más fácilmente evaluados por los calificadores. Esto resulta interesante porque la facilidad en la puntuación de la Conformación permite valorar de forma objetiva la morfología de la ubre con respecto a su aptitud al ordeño mecánico.

Producción

La Producción es un efecto significativo para todos los caracteres mamarios evaluados. Dicho efecto ejerce mayor influencia sobre la INS (siendo el tercer efecto fijo más importante a continuación del Rebaño y del Intervalo Parto-Control) que sobre el resto de los parámetros mamarios.

En el cuadro 3 se exponen los coeficientes de regresión obtenidos entre el efecto Producción y cada uno de los parámetros calificados.

Conviene destacar como muy interesante el coeficiente de regresión positivo existente entre la Producción y la Conformación (0,39***), el cual pone de manifiesto que a las ubres más productivas les corresponde mayor puntuación del carácter CONF. Esto repercute en la posibilidad de incluir este carácter en los programas de selección, ya que estaremos seleccionando indirectamente a favor de mayores producciones lecheras.

Intervalo Parto-Control

El efecto del intervalo de tiempo transcurrido desde el parto hasta la realización del control ejerce una influencia muy significativa sobre los caracteres morfológicos mamarios. Es el segundo factor fijo más determinante sobre la Profundidad, la Inserción y la Conformación de la ubre y el tercero sobre la Verticalidad y el Tamaño de los pezones (cuadro 2).

Tal y como se muestra en la Figura 2, las puntuaciones de todos los parámetros evaluados (a excepción del carácter TAM que no presenta diferencias muy significativas) decrecen a medida que va transcurriendo la lactación.

La disminución de la Profundidad y de la Inserción está relacionada con la pérdida de productividad que se va produciendo conforme avanza la lactación.

El ligero descenso del carácter VERT indica que al final de la lactación los pezones tienden hacia la horizontalidad.

Las puntuaciones de Conformación también van disminuyendo a medida que se incrementa el periodo de tiempo transcurrido entre el parto y el control. Este empeoramiento de la Conformación es debido a la evolución negativa del resto de parámetros mamarios.

Correlaciones fenotípicas entre los caracteres puntuados linealmente y la producción láctea

Las correlaciones de las puntuaciones obtenidas entre los 5 caracteres mamarios y la producción láctea se resumen en el cuadro 4.

Podemos observar en este cuadro, que en general, todas las correlaciones son positivas y significativas, a excepción de la existente entre la PROF y la VERT (-0,07***).

Con respecto a las correlaciones entre los caracteres básicos (PROF, INS, VERT y TAM), las más importantes son las existentes entre los parámetros PROF e INS (0,27***) y entre la VERT y el TAM

CUADRO 3
COEFICIENTES DE REGRESIÓN (PUNTOS/LITRO) ENTRE LA PRODUCCIÓN LÁCTEA Y LOS PARÁMETROS MAMARIOS

	PROF	INS	VERT	TAM	CONF
Produc. Láctea	0,33***	0,57***	0,26**	0,20**	0,39***

*** = P≤0,001 ** = 0.001<P≤0.01

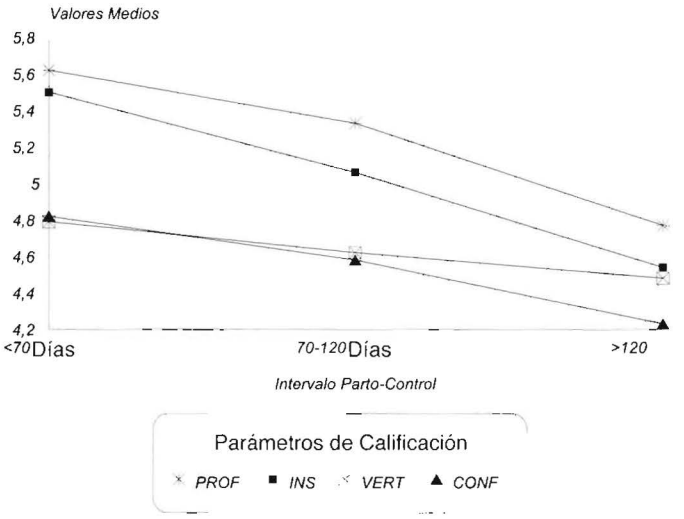


Figura 2. Efecto del Intervalo Parto-Control sobre los Caracteres Mamarios

CUADRO 4
CORRELACIONES FENOTÍPICAS ENTRE LOS CARACTERES DE LA UBRE PUNTUADOS LINEALMENTE Y LA PRODUCCIÓN LÁCTEA

	INS	VERT	TAM	CONF	PRODUC.
PROF	0,27***	-0,07***	0,15***	0,03*	0,31***
INS		0,2***	0,11***	0,65***	0,32***
VERT			0,35***	0,49***	0,07***
TAM				0,11***	0,13***
CONF					0,21***

*** = P≤0,001 * = 0,01<P≤0,05

(0,35***). La primera de ellas (PROF e INS), se debe a que generalmente un aumento en la Inserción de la ubre va acompañado de un aumento de la Profundidad (Incremento del volumen total de ubre). A su vez, las ubres más voluminosas se corresponden con las ubres más lecheras, justificándose así la correlación que se produce entre la Productividad y los caracteres PROF e INS (0,31*** y 0,32*** respectivamente).

La correlación entre los parámetros básicos VERT y TAM es debida a que los pezones ubicados verticalmente actúan como "cisternas" y aumentan por tanto su tamaño (FERNÁNDEZ DE SIERRA, 1995).

En cuanto a las correlaciones entre los caracteres básicos y la Conformación, la más importante es la correlación entre CONF e INS (0,65***), seguida de la correlación entre CONF y VERT (0,49***), siendo por tanto estos dos caracteres básí-

cos los que más peso poseen sobre la puntuación final de Conformación.

Es interesante analizar la baja y poco significativa correlación entre la CONF y la PROF (a pesar de que la Profundidad está correlacionada con la Inserción y ésta última posee una importante repercusión sobre la Conformación final), debido a la evolución que sufre dicha correlación con el transcurso de los partos. Así en el primer parto la correlación entre dichos parámetros es 0,36 (se puntúan con mayor Conformación las ubres más desarrolladas), descendiendo hasta hacerse negativa (-0,21***) a partir del sexto parto (una elevada puntuación de Profundidad equivale a una baja puntuación de Conformación, puesto que se corresponden en la mayoría de los casos, con ubres descolgadas).

Por último destacar la importancia de las correlaciones positivas obtenidas entre la Producción Láctea y los parámetros mamarios. Dichas correlaciones pondrían de manifiesto que, siempre y cuando las correlaciones genéticas de posteriores estudios resulten también positivas, una selección a favor de cualquiera de estos caracteres (sobre todo PROF, INS y CONF) contribuiría a un aumento de la productividad. Estos resultados contrastan con los estudios realizados en la raza Churra por FERNÁNDEZ DE SIERRA en 1995. Dicho autor llegaron a la conclusión de que la selección para producción de leche hace que la morfología de la ubre evolucione en contra de la "Udder Machine".

Conclusiones

• El valor medio de las puntuaciones en Conformación mamaria de las ovejas manchegas evaluadas es 4,56. Este reducido valor indica una morfología mamaria poco apta para el ordeño mecánico.

• En el modelo estadístico realizado destacan los elevados porcentajes de varianza explicada alcanzada por el efecto Oveja (rebaño). Se pone así de manifiesto la gran variabilidad existente en la morfología de la ubre del ganado ovino Manchego.

• La Inserción de la ubre y la Verticalidad de los pezones son los caracteres que más altas correlaciones poseen con la Conformación global. Dichos caracteres deben considerarse como prioritarios en los programas de selección.

• Las correlaciones fenotípicas positivas que se han obtenido entre los caracteres morfológicos de la ubre y la Producción Láctea, harían posible la selección simultánea para ambas características si el correspondiente estudio genético resultase favorable.

El presente trabajo se encuentra incluido y financiado en el Proyecto de Investigación AGF96-1408-C03-03 de la CICYT.

Bibliografía

CHARON K. M., 1990. Genetic parameters of the morphological traits of sheep udder. World Review of Animal Productions. Vol XXV, 1, 73.

FERNÁNDEZ DE SIERRA G., 1995. Valoración genética de la morfología de la ubre en ganado ovino de aptitud láctea. Aplicación al programa de selección de la raza Churra. Tesis Doctoral. Facultad de Veterinaria de la Universidad de León.

MAVROGENIS A. P.; PAPACHRISTOFOROU C.; LYSANDRIDES P. y ROUSHIAS A., 1988. Enviromental and genetics factors affecting udder characters and milk production in Chios sheep. Génét. Sel. Evol. 20 (4), 477.

MIKUS M., 1969. Manual stripping in the case of machine milking of sheep in relation to the measu-

rements of udder, to the lactation days and certain further indices. Zyvocisna Vyroba, 14(12), 827.

MIKUS M., 1972. Héritabilité des propriétes morphologiques du pis chez les brebis Cigaja en considérations avec la traite mécanique. In: Vedecke Prace VUO Trecin, 6, 89.

MIKUS M., 1978. Study of the mutual relationships between dimensions of the udder with regard to improvement of sheep for machine milking. 2me Symposium International sur le traite mécanique des petits ruminants. Alghero (Italia). INRA-ITOVIC, 102.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3,** 236-243

CONCENTRACIÓN DE CÉLULAS SOMÁTICAS EN LECHE DE OVEJA Y RESISTENCIA A LA MAMITIS: NUEVOS OBJETIVOS DE SELECCIÓN

F. San Primitivo
U.M. El-Saied
J.A. Carriedo

Dpto. Producción Animal I
Universidad de León
24071 León

España

RESUMEN

El recuento de células somáticas (RCS), en la leche del ganado ovino, se analiza como variable que puede ser objeto de mejora genética. Para el estudio se ha considerado al RCS de animales sanos, como una variable más de composición de la leche, mientras que el RCS procedente de ubres enfermas se considera como un indicador de la presencia de mamitis.

Estructuralmente el RCS puede considerarse una variable adecuada para ser utilizada como objetivo de selección. Es de fácil determinación por métodos automáticos, no sufre alteración con la adición de las sustancias conservantes normalmente utilizadas y no se modifica durante los primeros días de conservación a temperatura ambiente o refrigerada. Al ser el RCS una variable muy influenciada por el estado sanitario de la ubre, presenta una enorme variabilidad. Con objeto de que su distribución se aproxime a la normal, es precisa su transformación logarítmica.

En cuanto a las características genéticas del RCS, su heredabilidad es prácticamente nula en ubres sanas (0,03 ± 0,02) y baja cuando se considera como indicador de la mamitis. En este último caso, la heredabilidad resulta más alta (0,12 ± 0,03), cuando se utiliza una medida lactacional, que cuando se realiza la estimación sobre controles (0,09 ± 0,02). Las correlaciones genéticas resultan negativas (-0,10) con la producción láctea y prácticamente nulas (0,03) con el porcentaje de proteína. Sobre el RCS se muestran significativos los efectos del rebaño y el número de lactación. Sin embargo, el tipo de parto no detectó diferencias significativas.

Desde el punto de vista práctico, una presión de selección en contra de altos recuentos podría producir respuestas positivas aunque moderadas. Sin embargo, no parece aconsejable en las actuales circunstancias del ganado ovino en Castilla y León, ya que pueden obtenerse respuestas más rápidas y adecuadas, mejorando las condiciones sanitarias de los rebaños.

Palabras clave: Parámetros genéticos, Medidas lactacionales. RCS, Ganado ovino lechero.

SUMMARY

SOMATIC CELL COUNTS IN SHEEP MILK AND MASTITIS RESISTANCE: NEW OBJECTIVES OF SELECTION

Somatic cell count (SCC) in sheep milk is analysed as a variable to be genetically improved. SCC in healthy animals was considered as a variable of milk composition, whereas SCC from infected udders was considered as indicative of mastitis.

SCC may be considered as a variable suitable to be used as a selection objective. It is easy to determine through automatic methods and it does not change after the addition of preservatives or after a few storage days either at room temperature or refrigerated. It is influenced by the infectious status of the udder and thus it shows large variability. A logarithmic transformation is needed in order to obtain a normal distribution.

Regarding SCC genetic characteristics, its heritability is nearly zero in healthy udders (0,03 ± 0,02) and low when it is considered as a mastitis indicator. In the latter case heritability shows a higher value (0,12 ± 0,0.3), when it is used as a lactational measure than when the estimation is obtained from test day measures (0,09 ± 0,02). Genetic correlations are negative (-0,10) with milk yield and near zero (0,03) with protein percentage. Significant effects on SCC are estimated both for herd and lactation, whereas type of birth does not show significant differences.

From a practical point of view, selection against high SCC might cause positive moderate responses. However is does not seem advisable in the present situation of sheep in Castille and León since quicker responses may be obtained through the improvement of the infectious status of herds.

Key words: Genetic parameters, Lactation measure, Somatic cell counts, Dairy ewes.

Introducción

Los procesos mamíticos constituyen uno de los problemas patológicos de mayor importancia en las explotaciones lecheras. De su control depende en gran medida el rendimiento económico de las ganaderías. En consecuencia, los métodos que permiten un diagnóstico precoz y que pueden detectar incluso las mamitis subclínicas, han adquirido una importancia relevante. Entre ellos, el recuento de células somáticas en la leche se ha mostrado muy efectivo, de forma que se ha incluido entre los análisis rutinarios que se realizan para determinar los componentes bromatológicos de la leche, hace ya varios años en el ganado vacuno y más recientemente en el ovino y el caprino.

La concentración de células somáticas (RCS) está influenciada, fundamentalmente, por la higiene y las prácticas de manejo. No obstante, en el ganado vacuno se ha identificado un componente heredable apreciable para el RCS, lo que permite establecer una predicción significativa de la respuesta a la selección. En el ganado ovino este tipo de estudios son muy escasos.

El recuento de células somáticas (RCS) en la leche de animales sanos, puede considerarse como una variable más de composición de la leche, mientras que el RCS procedente de ubres enfermas, puede ser considerado como una variable diferente, indicadora de la presencia de mamitis.

Esta dualidad conceptual del RCS debe ser considerada, desde el punto de vista

genético, de forma que sería deseable realizar estimaciones de los parámetros genéticos con datos procedentes de animales sanos, independientemente de las estimaciones realizadas sobre animales enfermos o sobre la población completa.

Con objeto de diferenciar de forma fácil y rápida las ovejas sanas de las enfermas, puede utilizarse un umbral de discriminación mediante los valores del RCS. Por debajo del umbral la oveja se admite como sana y por encima se considera enferma. GONZÁLEZ y col. (1995) han establecido este umbral entre 250 y 300 células/(ml x 10^{-3}).

Las estimaciones de la heredabilidad y la repetibilidad del RCS permiten tomar decisiones sobre los programas de selección y los métodos de valoración genética. Teniendo en cuenta ambos parámetros, en el ganado vacuno DA y cols. (1992) y ZHANG y cols. (1994), muestran la adecuación de un Modelo Animal con repetibilidad para la valoración genética, considerando la precisión de las predicciones de los valores genéticos.

Los programas de selección aplicados en la actualidad al ganado ovino de aptitud láctea, consideran fundamentalmente la producción de leche y de proteína. Es importante conocer si estos programas pueden provocar una respuesta correlacionada que afecte al RCS, para lo cual deben estimarse las correlaciones genéticas.

Características estructurales de la variable

La variable RCS, incluida ya dentro del control lechero cualitativo oficial, como un parámetro más de composición, está siendo utilizada por los ganaderos y técnicos de ganado ovino, para identificar las hembras que padecen procesos mamíticos y establecer las medidas de control que consideren más adecuadas. Por lo tanto, esta variable está cumpliendo una misión importante, por cuanto produce una mejora sanitaria y, en consecuencia, productiva.

Desde el punto de vista de su utilización en programas de selección, la variable RCS debe cumplir una serie de características, que la cualifiquen como objetivo de selección.

Desde el punto de vista de su valoración, la variable puede considerarse muy adecuada. Es de fácil determinación por métodos automáticos, incluso puede incorporarse al proceso de cuantificación de las variables bromatológicas clásicas; no sufre alteración con la adición de las sustancias conservantes normalmente utilizadas y no se modifica durante los primeros días de conservación a temperatura ambiente o, preferentemente, refrigerada.

El RCS es una variable muy influenciada por el estado sanitario de la ubre, lo que hace que presente una enorme variabilidad, moviéndose entre valores muy extremos. Sus propiedades distributivas se encuentran muy alejadas de la normalidad, con una moda de 88, una mediana de 126 y una media de 734 y con un sesgo de 4,28. Con objeto de que adquiera una distribución más cercana a la normal, es necesario realizar su transformación logarítmica (Log RCS). La variable Log RCS presenta una distribución próxima a la normal, con una moda de 5,28, una mediana de 5,11, una media de 4,79 y un sesgo de 0,63, muy próximo al valor de la distribución normal.

Características genéticas

Heredabilidad y Repetibilidad

En el ganado ovino, las estimaciones de la heredabilidad del RCS que se han publicado hasta el momento han sido realizadas en la raza Churra. En la primera estimación (BARO y cols., 1994), se obtuvo un valor muy bajo, 0,04. Al ser efectuada para una población con valores muy altos de RCS, media aritmética de 2.254 células/(ml x 10^{-3}) y escasa conexión entre los rebaños, no creemos que pueda ser considerada como representativa del ganado ovino, en la actualidad. Posteriormente, EL-SAIED y cols. (1998a y b), utilizando datos procedentes de 10 rebaños incluidos en el núcleo de selección de la oveja Churra, con una media de 734 células/(ml x 10^{-3}), obtienen como estimaciones de la heredabilidad 0,09, para controles y 0,12 para medidas lactacionales. (cuadro 1). Las estimaciones de la heredabilidad del RCS obtenidas en el ganado vacuno, han estado comprendidas en el rango 0,09 - 0,13 (BANOS y SHOOK, 1990; SCHUTZ y cols., 1990; DA y cols., 1992; ZHANG y cols., 1994), siendo por lo tanto semejantes a las obtenidas en el ganado ovino.

Cuando para la estimación de la heredabilidad se consideraron únicamente controles inferiores al umbral, considerado éste en 250 células/(ml x 10^{-3}), es decir datos procedentes de ovejas sanas, la heredabilidad que se obtiene es de 0,03, estadísticamente no distinta de cero (cuadro 1). Por lo tanto, en los animales sanos el componente genético heredable parece ser nulo o muy pequeño, en todo caso menor que el obtenido cuando se utilizan todos los datos (0,09 a 0,12), es decir cuando el RCS se considera como indicador de la mamitis.

En consecuencia, en las ovejas enfermas, y por extensión en la población en general, el RCS puede ser considerado como un indicador aceptable para realizar selección a favor de la resistencia genética a procesos mamíticos, variable que puede ofrecer respuestas relativamente bajas pero significativas, de acuerdo con los valores de su heredabilidad. La selección para esta misma variable no sería eficaz si se consideran únicamente ovejas sanas, debido al bajo valor de la heredabilidad.

EL-SAIED y cols. (1998a y b) han obtenido estimaciones de 0,38 y 0,36, para la repetibilidad del RCS, utilizando controles y medidas lactacionales, respectivamente.

CUADRO 1
HEREDABILIDADES Y REPETIBILIDADES (r) Y SUS ERRORES TÍPICOS APROXIMADOS (ET) PARA LAS MEDIDAS DEL RCS

Variable	h^2	ET	r	ET
RCS como indicador de mamitis:				
Log RCS (medida lactacional)	0,12	0,03	0,35	0,03
Log RCS (controles)	0,09	0,02	0,38	0,01
RCS de ubres sanas:				
Log (RCS ≤ 250)	0,03	0,02	0,10	0,02

CUADRO 2
CORRELACIONES GENÉTICAS (DEBAJO DE LA DIAGONAL) Y FENOTÍPICAS (ENCIMA) PARA LOS CONTROLES DE RCS, PRODUCCIÓN LÁCTEA Y PORCENTAJE DE PROTEÍNA

	Pr.láctea	Log RCS	Proteína
Pr.láctea		-0,15	-0,31
Log RCS	-0,10		0,10
Proteína	-0,27	0,03	

A partir de controles efectuados cada 20 días, en la raza Lacaune, LAGRIFFOUL y cols. (1993), estimaron como valor de la repetibilidad del RCS 0,39, semejante al estimado en la raza Churra.

Considerando los valores obtenidos para las repetibilidades, podemos deducir que el sistema de control lechero que se utiliza en los rebaños comerciales de ovejas de raza Churra (un control mensual simplificado alternativo a.m.-p.m), es adecuado para el RCS. A esta misma conclusión han llegado también FUERTES y cols. (1998).

Correlaciones genéticas y fenotípicas

En el ganado ovino, los estudios genéticos del recuento de células somáticas en la leche son muy escasos, debido al reducido número de poblaciones que cuentan con registros genealógicos y productivos adecuados. Por otra parte, en el ganado vacuno, especie en la que estos estudios están más avanzados, los resultados obtenidos para las correlaciones genéticas pueden considerarse contradictorios, habiéndose estimado valores muy diversos (BANOS y SHOOK, 1990; SCHUTZ y cols., 1990).

En el cuadro 2, figuran las estimaciones de las correlaciones genéticas y fenotípicas para las variables RCS, producción láctea y porcentaje de proteína, obtenidas en la oveja Churra (EL-SAIED y cols., 1.998c).

Considerando el bajo valor de la correlación genética entre RCS y leche (-0,10), y el valor nulo entre RCS y porcentaje de proteína (0,03), no cabe esperarse una respuesta correlacionada en los niveles de RCS, cuando se seleccione para incrementar la producción láctea y proteica (EL SAIED y cols., 1998c).

Correlaciones fenotípicas inversas entre RCS y producción láctea han sido también encontradas en el ganado vacuno (SCHUTZ, 1977; NG-KAWI-HANG y cols., 1984; EMANUELSON y cols., 1988) y ovino (GONZALO y cols., 1994; LAGRIFFOUL y cols., 1994; FUERTES y cols., 1998).

Factores ambientales

Sobre el Log RCS, se muestran significativos los efectos del rebaño y el número de lactación. Sin embargo, el tipo de parto no detecta diferencias significativas.

Para el estudio de la concentración de células somáticas en la leche, pueden utili-

zarse datos procedentes directamente de los controles o medidas lactacionales (media de los controles de cada lactación). En cada caso, como indicaremos más adelante, los factores de variación que suelen utilizarse en los modelos matemáticos destinados a la valoración genética, pueden ser diferentes.

Cuando la variable es el Log del RCS obtenido en los controles, los factores de variación utilizados más frecuentemente son el Rebaño-fecha de control, el número de lactación, el tipo de parto y el estado de la lactación. En nuestros estudios, salvo el tipo de parto, el resto de los factores se han mostrado altamente significativos ($P< 0,001$) y con una influencia muy importante, cuando se utilizan todos los datos. Sin embargo, cuando únicamente se incluyen datos del Log (RCS $\leq$ 250), los resultados cambian. El momento de la lactación y el número de parto (al menos en los 6 primeros), parecen no influir sobre el Log (RCS $\leq$ 250). Estos resultados permiten deducir que el Log (RCS $\leq$ 250), es decir aplicado a ubres sanas y el Log RCS, es decir, tomado como indicador de mamitis, se comportan como variables fisiológicamente diferentes.

Cuando la variable es la medida lactacional del RCS, los factores de variación corrientemente utilizados son el Rebaño-año-estación, el número de lactación y el tipo de parto. En nuestros análisis, solo el Rebaño-año-estación y el número de lactación mostraron diferencias altamente significativas ($P < 0,001$).

Aplicación práctica

Considerando los valores moderados de la repetibilidad y los relativamente bajos de la heredabilidad de la variable lactacional del RCS, así como de los controles, resulta adecuado utilizar mediciones repetidas, con la máxima información posible, para aumentar la precisión de la predicción de los valores genéticos, de la misma forma que se ha aplicado en el ganado vacuno (DA y cols., 1992 y ZHANG y cols., 1994). Además, con el mismo objetivo, puede utilizarse un Modelo Animal con repetibilidad, especialmente interesante en el ganado ovino, debido a que el número de hijas de los moruecos es más bajo que el de los toros.

En los programas de selección aplicados al ganado ovino, para la predicción de los valores genéticos considerando las variables lactacionales, puede considerarse adecuado el siguiente Modelo Animal multicarácter con repetibilidad:

$$y_{ijkmn} = A_i + PE_i + RAE_j + P_k + T_m + e_{ijkmn}$$

donde:

- y_{ijkmn} = medida lactacional de RCS, producción láctea en 120 d, porcentaje de proteína por lactación,
- A_i = efecto aleatorio genético aditivo del animal i,
- PE_i = efecto aleatorio ambiental permanente del animal i,
- RAE_j = efecto fijo del rebaño-año-estación j,
- P_k = efecto fijo del número de parto k,
- T_m = efecto fijo del tipo de parto m, y
- e_{ijkmn} = efecto residual aleatorio.

Una alternativa en el procedimiento de predicción de los valores genéticos podría ser considerar los controles de RCS en lugar de las medidas lactacionales. Para la producción láctea del ganado vacuno PTAK y SCHAEFFER (1993) y SWELVE (1995) se refieren a las posibles ventajas de este tipo de modelos.

Para la predicción de los valores genéticos en el ganado ovino, siguiendo este tipo de modelo de controles, sería adecuada la utilización del siguiente Modelo Animal multicarácter con repetibilidad:

$$y_{ijklmn} = A_i + PE_i + RDC_j + P_k + L_l + T_m + \\ + e_{ijklmn}$$

donde:

y_{ijklmn} = producción láctea, Log (RCS), porcentaje de proteína, por control,

A_i = efecto aleatorio genético aditivo del animal i,

PE_i = efecto aleatorio ambiental permanente del animal i,

RDC_j = efecto fijo del rebaño-día de control j,

P_k = efecto fijo del número de parto k,

L_l = efecto fijo del periodo de la curva de lactación l,

T_m = efecto fijo del tipo de parto m, y

e_{ijklmn} = efecto residual aleatorio.

Ambos tipos de modelos matemáticos han sido utilizados (EL-SAIED y cols., 1998a, b y c), para la estimación de los parámetros genéticos, siguiendo los procedimientos AIREML de GILMUR y cols., (1995) y DFREML de THOMPSON y cols., (1990).

La adecuación del Modelo Animal con repetibilidad se basa, por lo tanto, en una concepción puramente estadística, pero posiblemente puede tener, también, una justificación en términos biológicos. En este sentido, el Modelo Animal con repetibilidad, supone la utilización de medidas repetidas de RCS, tanto relativas a los diferentes controles de una misma lactación, como a la información procedente de lactaciones diferentes, de una misma oveja.

Biológicamente, la utilización de medidas repetidas permite valorar el historial de cada oveja respecto al recuento. La persistencia de valores altos del RCS, podría indicar una baja capacidad de la oveja para superar los procesos mamíticos y por lo tanto del nivel de respuesta inmunitaria a la infección, es decir un bajo nivel de resistencia. También podría interpretarse como un efecto debido a la patogenicidad del microorganismo causante del proceso mamítico, con resistencia variable frente al sistema inmunitario ovino.

En la situación actual del ganado ovino en Castilla y León, con unas condiciones sanitarias deficientes, aunque en clara evolución positiva, el RCS es una variable muy influenciada por agentes patógenos. Aunque las últimas estimaciones de heredabilidad permiten deducir la posibilidad de obtener respuestas positivas, si se ejerce una presión de selección en contra de altos RCS, se obtendrían respuestas más rápidas y adecuadas mejorando las condiciones sanitarias de los rebaños. Alcanzado un nivel sanitario aceptable, la selección en contra de RCS altos y persistentes y, en consecuencia, hacia mayor resistencia genética, estaría justificada, utilizando para la valoración genética de los reproductores un Modelo Animal con repetibilidad.

Agradecimientos

Las investigaciones que han dado lugar a los resultados expuestos, se han realizado con financiación de la C.I.C.YT. (proyecto AGF96-0819-CP).

Bibliografía

BANOS G. y SHOOK G.E., 1990. Genotype by environment interaction and genetic correlations among parities for somatic cell count and milk yield. J. Dairy Sci. 73, 2563-2573.

BARO J.A., CARRIEDO J.A. y SAN PRIMITIVO F., 1994. Genetic parameters of test day measures for somatic cell count, milk yield and protein percentage of milking ewes. J. Dairy Sci. 77, 2658-2662.

DA Y., GROSSMAN M., MISZTAL I. y WIGANS R.R., 1992. Estimation of genetic parameters for somatic cell score in Holsteins. J. Dairy Sci. 75, 2265-2271.

EL-SAIED U.M., CARRIEDO J.A. y SAN PRIMITIVO F., 1998a. Heritability of test day somatic cell counts and its relationship with milk yield and protein percentage in dairy ewes. J. Dairy Sci. Aceptado para su publicación.

EL-SAIED U.M., CARRIEDO J.A., DE LA FUENTE L.F. y SAN PRIMITIVO, F., 1998b. Genetic parameters of lactation cell counts and milk and protein yields in dairy ewes. Enviado para su publicación.

EL-SAIED U.M., CARRIEDO J.A., DE LA FUENTE L.F. y SAN PRIMITIVO, F., 1998c. Genetic and environmental correlations among somatic cell counts, milk yield, and protein percentage in milking ewes. 6º International Symposium on the Milking of Small Ruminants. Aceptado para su publicación.

EMANUELSON U., DANELL B. y Philipsson J., 1988. Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell counts and milk production estimated by multitrait restricted maximum likelihood. J. Dairy Sci. 71, 467-476.

FUERTES J.A., GONZALO C., CARRIEDO J.A. y SAN PRIMITIVO F., 1998. Parameters of test day milk yield and milk componentes for dairy milk and milk components for dairy ewes. J. Dairy Sci. 81, 1300-1307.

GILMUR A.R., THOMSON R. y CULLIS R.R., 1995. AIREML, an efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models. Biometrics, 51, 1440-1450.

GONZÁLEZ M.C., GONZALO C., SAN PRIMITIVO F. y CARMENES P., 1995. Relationship between somatic cell count and intramammary infection of the half udder in dairy ewes. J. Dairy Sci. 78, 2753-2759.

GONZALO C., CARRIEDO J.A., BARO J.A. y SAN PRIMITIVO F., 1994. Factors influencing variation of test day milk yield, somatic cell count, fat, and protein in dairy sheep. J. Dairy Sci. 77, 1537-1542.

LAGRIFOUL G., AUREL M. A., BARILLET F. BERGONIER D., BERNARD J. y BERTHELOT X., 1993. Evaluation des coptages de cellules somatiques de brebis de race Lacaune: Resultats preliminaires. Acts del V Int. Symp. Machine Milking Small Ruminants. S. Kukovics Publ., Budapest, Hungary: 110-119.

LAGRIFOUL G., BERGONIER D., BERTHELOT X., JACQUIN M., GUILLOUET P. y BARILLET F., 1994. Facteurs de variation génétiques et non génétiques des comptages de cellules somatiques du lait de brebis en relation avec les caractères laitiers et les mesures portant sur le lait du tank. Int. Symp. "Somatic cells and milk of small ruminants". Bella, Italy. 10-15.

NG-KAWI-HANG K.F., HAYES J.F., MOXLEY J.E. y MONARDES H.G., 1984. Variability of test-day milk production and composition and relation of somatic cell counts with yield and compositional changes of Bovine milk. J. Dairy Sci. 67, 361-366.

PEAK E. y SCHAEFFER L.R., 1993. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. Lives. Prod. Sci. 34, 23-34.

SCHUTZ M.M., HANSEN L.B., STEUERNAGEL G.R., REINAU J.K. y KUCK A.L., 1990. Genetic parameters for somatic cells, protein, and fat in milk of Holsteins. J. Dairy Sci. 73, 494-502.

SWELVI H.H., 1995. The effect of test day models on estimation of genetic parameters and breeding values for dairy yield traits. J. Dairy Sci. 78, 929-938.

THOMPSON R. y HILL W.G., 1990. Univariate REML analysis for multivariate data with the animal models. Proc. 4th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod., Edinburgh, Scotland XIII, 484-487.

ZHANG W.C., DEKKERS C.M., BANOS G. y BURNSIDE E.B., 1994. Adjustment factors and genetic evaluation for somatic cell score and relatioships with other traits of Canadian Holsteins. J. Dairy Sci. 77, 659-665.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3**, 244-249

NUEVOS CARACTERES EN LOS OBJETIVOS DE SELECCIÓN DE LOS PROGRAMAS DE MEJORA AVÍCOLA

J. L. Campo
M. García Gil

Departamento de Genética y Biotecnología
Instituto Nacional de Investigación
Agraria y Alimentaria
Apartado 8111
28080 Madrid

España

RESUMEN

Se presenta la revisón de los resultados de tres grupos de experimentos realizados para caracteres de comportamiento, calidad de productos y eficiencia alimentaria. Los dos primeros se han realizado en gallinas ponedoras midiendo la duración de la inmovilidad muscular, el cociente entre heterófilos y linfocitos, la dureza y color de la cáscara y el contenido en colesterol de la yema. La eficiencia alimentaria se ha analizado en Tribolium en experimentos de selección para consumo residual de alimento.

Palabras clave: Inmovilidad muscular, Cociente leucocitos, Calidad cáscara, Colesterol yema, Consumo residual.

SUMMARY
NEW SELECTION OBJECTIVES IN POULTRY BREEDING PROGRAMMES

Results from three groups of experiments for behavioural traits, quality products, and feed efficiency are reviewed. The two first groups have been realised with laying hens: tonic immobility duration, heterophil to lymphocyte ratio, shell strength, shell colour, and yolk cholesterol content. Feed efficiency has been analysed in Tribolium, considering two experiments of selection for residual feed consumption.

Key words: Tonic immobility, Leucocyte ratio, Shell quality, Yolk cholesterol, Residual consumption.

Introducción

Junto a los caracteres relativos a la cantidad de producto (carne, leche, huevos, fibra), que han mantenido su importancia relativa a lo largo de los años, dos grupos adicionales de caracteres han tenido importancia relativa creciente en los programas de mejora genética. Estos dos grupos se refieren a la calidad del producto y al bienestar de los animales, cuya importancia relativa ha llegado a igualar e incluso a superar a la de los caracteres de producción en algunas especies (EWART, 1993), en las que los primeros han triplicado su importancia relativa en los últimos 30 años, mientras que los segundos la han cuadriplicado.

Tanto los caracteres de un grupo como los de otro tienen correlación negativa con los caracteres de producción, existiendo además un marcado antagonismo genético entre calidad y bienestar, por lo que es difícil incorporar todos ellos en el objetivo de un programa de selección. Como ejemplos citaremos la selección en contra de lípidos en el primer caso y la selección para adaptación a ambientes especiales en el segundo caso.

Junto a estos caracteres, se han incorporado nuevos criterios de selección en el grupo de caracteres relacionados con la cantidad de producto, y más concretamente con la eficiencia de transformación de alimento. La selección directa para eficiencia, definida como el cociente entre cantidad de producto (peso corporal por ejemplo) y consumo de alimento no es el mejor procedimiento para mejorarla. Una alternativa a considerar es la selección contra el consumo residual, definido como la diferencia entre el consumo real y el predicho en función de las necesidades de mantenimiento y producción. Este procedimiento ha sido estudiado en gallinas (SCHULMAN y col., 1994), cerdos (MRODE y KENNEDY, 1993), vacuno de carne (JENSEN y col., 1992), y vacuno lechero (KORVER y col., 1991).

Dentro de los caracteres relacionados con el bienestar animal suelen utilizarse indicadores del nivel de estrés, ya sean medidas fisiológicas o medidas relativas al comportamiento. Las medidas fisiológicas más utilizadas son el nivel de corticosterona (FREEMAN, 1976, en gallinas; BOANDLE y col., 1989, en vacuno lechero; ZAVY y col., 1992, en vacuno de carne), el ritmo de latidos del corazón (JONES y col., 1981, en gallinas; HARGREAVES y HUTSON, 1990, en ovino), y el cociente entre heterófilos y linfocitos en aves (GROSS y SIEGEL, 1983, en gallinas) o entre neutrófilos y linfocitos en mamíferos (ARAVE y col., 1974, en vacuno lechero; PUPPE y col., 1997, en porcino).

Las medidas de comportamiento suelen indicar niveles de estrés psicológico (miedo) y los procedimientos pueden agruparse en tres grupos, basados en impedir el movimiento del animal, en la exposición a un objeto nuevo, y en el contacto con la gente (manejo), respectivamente. Los primeros se basan en la aversión que presentan las aves (prueba de inmovilidad muscular; GALLUP, 1979 y mamíferos; DUNN, 1990) a posiciones invertidas sobre el dorso. Los métodos más utilizados basados en la novedad son la prueba del campo abierto (colocación del animal en un medio desconocido), utilizada en cerdos (FRASER, 1974), gallinas (FAURE, 1975), vacas (KILGOUR, 1975), y ovejas (MOBERG y WOOD, 1982), incluyendo la prueba de emergencia en este grupo (tiempo de salida de un corral o jaula; MURPHY y WOOD-GUSH, 1978), y la prueba del objeto desconocido (colocación de un cono multicolor por ejemplo en el corral o en la jaula; JONES, 1987), cuantificando los niveles de aproximación-alejamiento. Finalmente, el estrés producido por el contacto del animal con las personas se cuantifica en función de los niveles de ataque-huída (MILLS y col., 1991). Todos estos caracteres suelen desviarse de la distribución normal más o menos intensamente, y exigen tiempo y paciencia por parte del experimentador. Aunque suele considerarse que el comportamiento está determinado principalmente por el medio ambiente, la importancia de los factores genéticos es similar a la existente en otros caracteres, siendo de magnitud moderada la mayoría de las estimas de heredabilidad.

En este trabajo, revisaremos los experimentos efectuados en nuestro departamento relacionados con la calidad del huevo y el bienestar animal, así como los referentes a

la selección para consumo residual de alimento. Los dos primeros se han llevado a cabo en razas autóctonas de gallinas, mientras que el último consta de dos experimentos distintos realizados en *Tribolium castaneum*. Los caracteres de calidad del huevo se refieren a la dureza y al color de la cáscara, y al contenido de colesterol en la yema. Los estimadores del nivel de estrés han sido la prueba de inmovilidad muscular y el cociente entre heterófilos y linfocitos.

Material y métodos

Las razas de gallinas utilizadas se mantienen en la Estación Experimental de "El Encín" (Madrid), dentro de un programa de conservación y estudio de recursos genéticos iniciado en 1975 (CAMPO y OROZCO, 1982). Las razas son ponedoras de huevo blanco (Castellana, Andaluza), crema (Prat), o marrón oscuro (Villafranquina), o se usan para producción de carne y puesta de huevo marrón (Vasca). Se incluye en el programa una población sintética (Castellana Codorniz), obtenida a partir del cruzamiento F_2 entre la Castellana y la Prat, seguido de cuatro generaciones de selección para eumelaninas (CAMPO, 1991). El control es una población de Leghorn Blanca, originada por cruzamiento de tres estirpes seleccionadas para puesta (CAMPO y JURADO, 1982).

La inmovilidad muscular se induce fácilmente colocando la gallina sobre su espalda en una cuna de madera con forma de U (JONES y FAURE, 1981). El ave es sujetada durante 15 s, y si permanece inmóvil durante 10 s después de que el experimentador haya retirado su mano, se pone en marcha un cronómetro para medir el tiempo que tarda el animal en levantarse. Si se levanta antes de 10 s, se considera que la inmovilidad muscular no ha sido inducida y se repite el procedimiento. Suelen imponerse restricciones al número total de intentos de inducción (3 ó 4) y al tiempo máximo de inmovilidad (10 ó 15 min).

La sangre necesaria para realizar el conteo de leucocitos se recoge a partir de un pequeño pinchazo en la cresta, extendiendo una gota en un porta de cristal. La tinción se hace usando los colorantes May-Grünwald y Giemsa (LUCAS y JAMROZ, 1961) después de la fijación con alcohol metílico. Se cuentan 100 leucocitos, incluyendo los granulares (heterófilos, eosinófilos y basófilos) y los no granulares (linfocitos y monocitos), en un microscopio con objetivo de inmersión de 100 aumentos, calculando el cociente entre heterófilos y linfocitos. Dentro de los leucocitos granulares, los heterófilos se distinguen por tener las granulaciones alargadas en lugar de redondeadas, mientras que dentro de los agranulares los linfocitos se distinguen por tener el núcleo redondeado en lugar de tenerlo dentado.

La dureza de cáscara se estima por medio de la gravedad específica, la porosidad o la densidad de cáscara. La gravedad específica se mide por flotación (WELLS, 1968), utilizando nueve soluciones de cloruro sódico de densidades 1,068 a 1,100 g/cm^3 en incrementos de 0,004 g/cm^3. La porosidad de cáscara se estima como la pérdida de peso de huevo hasta los 17 días de incubación. La densidad de cáscara expresa el peso por unidad de superficie, estimando ésta en función del peso, la longitud y la anchura del huevo (CARTER, 1975). El color de la cáscara se mide por medio de un reflectómetro. El contenido de colesterol en yema se determina por el método enzimático (SALE y col., 1984).

En cada uno de los dos experimentos con *Tribolium castaneum* (población Consejo), se hicieron cuatro repeticiones con cuatro generaciones de selección por línea. En cada repetición había una línea seleccionada para consumo residual, una línea seleccionada para conversión de alimento, y una línea control sin seleccionar. En el experimento 1, la selección trataba de disminuir el cociente entre el consumo de alimento y la ganancia en peso. El consumo residual de alimento se definió como el consumo menos la regresión genética del consumo sobre la ganancia en peso desde los 7 a los 14 días, y el peso inicial a los 7 días. Esta regresión genética es una alternativa lógica a la regresión fenotípica, y es equivalente a un índice de selección con restricción total para los caracteres incluidos en la regresión (KENNEDY y col., 1993). En el experimento 2, la selección trataba de disminuir el cociente entre el consumo de alimento y la masa de huevos. El consumo residual se basaba en la masa de huevos puestos entre los días 28 y 30, y el peso adulto a los 28 días.

Resultados y discusión

No había diferencias significativas entre las razas Villafranquina y Vasca en términos de duración de la inmovilidad muscular (484 y 475 s, respectivamente), mientras que ambas mostraban mayor duración que las otras razas. La duración de la inmovilidad muscular era significativamente menor en la Castellana Codorniz (189 s) comparada con las otras razas. No se encontraron diferencias entre Leghorn (319 s), Prat (302 s), Castellana (261 s), y Andaluza (256 s). Las razas de huevo blanco y crema son de peso ligero y de temperamento nervioso, similares a la Leghorn, mientras que las razas de huevo marrón son de peso medio y de temperamento tranquilo. El resultado encontrado en la población sintética de Castellana Codorniz, sugiere importantes efectos heteróticos para este carácter. Un porcentaje de heterosis mayor todavía se encontró en el cruzamiento F_1 de dos variedades diferentes de la raza Prat. La heredabilidad realizada en la población de Leghorn era moderada (0,32 ± 0,10), lo que unido a lo anterior indica selección direccional intensa actuando sobre el carácter.

El cociente entre heterófilos y linfocitos era significativamente mayor en la Castellana Codorniz (0,56). Las razas Villafranquina y Vasca tenían cocientes significativamente menores (0,32 y 0,27 respectivamente), aunque el valor encontrado en la Villafranquina no difería significativamente de los de la Castellana y la Prat (0,39 en ambas), y estas dos razas no diferían ni del control de Leghorn (0,42) ni de la Andaluza (0,41). El mayor valor encontrado en la Castellana Codorniz, en comparación con las dos poblaciones parentales, indica la presencia de importantes efectos heteróticos, y sugiere un valor bajo para la heredabilidad de este carácter. Las razas con mayor valor del cociente tenían valores significativamente más altos para el número de heterofilos y más bajos para el número de linfocitos y viceversa. La correlación entre el cociente de heterófilos y linfocitos y la inmovilidad muscular fue negativa y significativamente distinta de cero (-0,64).

La gravedad específica del huevo era significativamente mayor en la Castellana Codorniz y en la Prat (1,089 y 1,088 g/cm^3, respectivamente), aunque estos valores no diferían significativamente de la estima calculada en la Villafranquina (1,087 g/cm^3). La gravedad específica de la Villafranquina no difería de la de las razas Castellana,

Andaluza y Vasca (1,084 g/cm^3 en todas ellas). El control de Leghorn tenía menor dureza de cáscara que todas las razas (1,080 g/cm^3). La porosidad de cáscara era significativamente menor en la Vasca y en la Castellana Codorniz (6,3 y 6,4 g, respectivamente). La raza Prat presentaba mayor valor (7,9 g), siendo intermedios los de las razas Villafranquina (7 g), Castellana (7,2 g) y Andaluza (7,3 g), que no diferían significativamente de la Leghorn (7,4 g). La densidad de cáscara era significativamente mayor en la Prat (86 mg/cm^2), la Villafranquina (85 mg/cm^2), la Vasca (84 mg/cm^2), y la Castellana Codorniz (81 mg/cm^2), mientras que la Castellana (79 mg/cm^2) y la Andaluza (78 mg/cm^2) no diferían del control de Leghorn (77 mg/cm^2). El porcentaje de heterosis encontrado en los tres estimadores de la dureza de cáscara era sólo apreciable en el caso de la porosidad, sugiriendo distinta acción genética para este componente de la dureza en relación con los otros dos. El color de cáscara era mucho más oscuro en la Villafranquina (19 unidades de reflectómetro) que en la Vasca, la otra raza de huevo marrón (32 unidades). Los valores encontrados en la Prat y en la Castellana Codorniz eran intermedios (57 unidades en ambas), mientras que Andaluza (66 unidades) y Castellana (70 unidades) presentaban valores algo inferiores a los de la Leghorn (78 unidades).

El contenido de colesterol en la yema era significativamente menor en la Castellana Codorniz (220 mg/huevo), presentando un porcentaje de heterosis apreciable con respecto a las razas parentales. Una de estas razas, la Prat, y la Villafranquina tenían significativamente menor contenido en colesterol (251 y 252 mg/huevo, respectivamente) que el control de Leghorn (276 mg/huevo). La Castellana (263 mg/huevo) no difería significativamente de la Leghorn, mientras que el contenido de colesterol en la Vasca (304 mg/huevo) era el mayor de todos.

En ambos experimentos con *Tribolium* el uso del consumo residual como criterio de selección para disminuir la conversión de alimento, era más eficiente que la selección directa basada en el cociente. En el experimento 1, la respuesta obtenida para el cociente entre consumo y ganancia en peso era significativamente mayor en la línea seleccionada para consumo residual de alimento (-16,01 ± 3,56), en comparación con la obtenida en la línea seleccionada directamente para el cociente (-4,75 ± 1,97). En el experimento 2, las dos líneas diferían significativamente para el cociente entre consumo y masa de huevos, siendo el valor observado en la línea seleccionada para consumo residual casi el doble que el correspondiente a la línea seleccionada directamente para el cociente (-113,49 ± 16,39 y -64,75 ± 16,93, respectivamente). La superioridad del consumo residual utilizado como criterio de selección se mantenía al considerar este carácter como objetivo de selección. En ambos experimentos, las respuestas obtenidas en los caracteres utilizados para estimar el consumo residual (peso inicial y ganancia en peso en el experimento 1, y masa de huevos y peso adulto en el experimento 2), no eran significativamente distintas de cero.

Referencias

ARAVE C. W., ALBRIGHT J.L., SINCLAIR C.L., 1974. J. Dairy Sci. 59, 1497-1503.

BOANDLE K. E., WOHLT J.E., CARSIA R.V., 1989. J. Dairy Sci. 72, 2193-2199.

CAMPO J.L., 1991. Poultry Sci. 70, 1469-1473.

CAMPO J. L., JURADO J.J., 1982. Proc. 2nd WCGALP 8, 869-874.

CAMPO J. L., OROZCO F., 1982. Proc. 2nd WCGALP 6, 88-93.

CARTER T.C., 1975. Br. Poultry Sci. 16, 541-543.

DUNN C.S., 1990. Vet. Rec. 126, 522-527.

EWART, J., 1993. Br. Poultry Sci. 34, 3-10.

FAURE J. M., 1975. Ann. Genet. Sel. Anim. 7, 197-204.

FRASER D., 1974. Appl. Anim. Ethol. 1, 3-16.

FREEMAN B.M., 1976. W. Poultry Sci. J. 32, 249-256.

GALLUP G.G., 1979. Anim. Behav. 27, 316-317.

GROSS W.B., SIEGEL H.S., 1983. Avian Dis. 27, 972-979.

HARGREAVES A.L., HUTSON G.D., 1990. Appl. Anim. Behav. Sci. 26, 91-96.

JENSEN J., MAO I.L. ANDERSEN B.B., MADSEN P., 1992. J. Anim. Sci. 70, 386-395.

JONES R.B., 1987. Br. Poultry Sci. 28, 319-326.

JONES, R.B., FAURE J.M., 1981. Behav. Proc. 6, 47-55.

JONES R.B., DUNCAN I.J. HUGHES B.O., 1981. Behav. Proc. 6, 121-133.

KENNEDY B.W., WERF J.H., MEUWISSEN T.H., 1993. J. Anim. Sci. 71, 3239-3250.

KILGOUR R. 1975. Anim. Behav. 23, 615-624.

KORVER S., EEKELEN E.A., VOS H., NIEUWHOF G.J., 1991. Liv. Prod. Sci. 29, 49-59.

LUCAS A.M., JAMROZ C., 1961. Atlas of avian hematology. USDA, Washington, DC.

MILLS A.D., NYS Y., GAUTRON J., ZAWADSKI J., 1991. Br. Poultry Sci. 32, 117-129.

MOBERG G.P., WOOD V.A., 1982. Appl. Anim. Ethol. 8, 269-276.

MRODE R.A., KENNEDY B.W., 1993. Anim. Prod. 56, 225-232.

MURPHY L.B., WOOD-GUSH D.G., 1978. Biol. Behav. 3, 39-61.

PUPPE B., TUCHSCHERER M., TUCHSCHERER A., 1997. Liv. Prod. Sci. 48, 157-164.

SALE F., MARCHILSINI S., FISHMAN P., BERRA, B., 1984. Anal. Biochem. 142, 347-350

SCHULMAN N., TUISKULA M., SIITONEN L., 1994. Poultry Sci. 73, 1479-1484.

WELLS R.G., 1968. Egg quality. Oliver and Boyd, Edinburgh.

ZAVY M.T., JUNIEWICZ P.E., PHILLIPS W.A., 1992. Am. J. Vet. Res. 53, 551-558.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3,** 250-254

CARACTERES DE CRECIMIENTO EN CRUZAMIENTO SIMPLE ENTRE LÍNEAS DE CONEJO ESPECIALIZADAS

E.A. Gómez
O. Rafel
J. Ramon

Unitat de Cunicultura, I.R.T.A.
Granja Escuela Torre Marimon
08140 Caldes de Montbui, Barcelona

España

RESUMEN

Se presentan los resultados preliminares de una experiencia de cruzamiento entre cinco líneas de conejo seleccionadas en España: tres líneas de aptitud maternal (11, 33 y 55) y dos líneas macho (22 y 44), estudiando los caracteres peso al destete (32 días), peso a los 60 días, velocidad de crecimiento, índice de conversión y consumo diario de pienso (corregidos por peso al destete). Los menores pesos a 60 días (menores de 1736 g) y menores consumos diarios (menores de 102 g/d) correspondieron a las líneas 11 y 55 y sus cruces. Los mayores pesos a 60 días (más de 1954 g) correspondían a descendientes de las líneas 44 y 22 y sus cruces, y al tipo 34. Los mayores consumos diarios correspondían a los tipos de mayor crecimiento y a los tipos 34, 45 y 54. Los valores más elevados de índice de conversión fueron los de los tipos 14 y 45, además de las líneas 11 y 55 y sus cruces. Los mejores resultados de conversión de pienso se observaron en los tipos hijos de madre 22, y los tipos 24 y 44.

Palabras clave: Conejo, Cruzamiento, Crecimiento, Líneas seleccionadas.

SUMMARY
GROWTH TRAITS IN CROSSBREEDING BETWEEN SPECIALISED MEAT RABBIT STRAINS

Preliminary results from a crossbreeding experiment between three maternal lines (11, 33 and 55) and two sire lines (22 and 44) selected in Spain are shown. Studied traits were weight at weaning (32 d) and at 60 days, daily gain, feed conversion and daily feed intake, adjusting these traits by weight at weaning. The lightest animals at 60 days (a liveweight lower than 1736 g) and the lowest daily feed intake (lower than 102 g/d) were the offspring of lines 11 and 55 and their crosses. The heaviest individuals at 60 days (more than 1954 g) belonged to descendants from lines 44 and 22 and their crosses, and to the type 34. The highest daily intakes were observed into the groups with the highest daily gain and also in types 34, 45 and 54. Types 14 and 45, and lines 11 and 55 and their crosses showed the highest values of feed conversion. The best values of feed efficiency belonged to types mothered by line 22, and types 24 and 44.

Key words: Rabbit, Crossbreeding, Growth, Selected lines.

Introducción

El sector cunícola ha experimentado un rápido proceso de especialización e intensificación. El aumento de producción y la reducción de costes unitarios es un reto para los productores. Una de las vías de mejora es emplear reproductoras de elevada prolificidad que produzcan gazapos con menores índices de conversión de pienso en carne. Desde diversos ámbitos se ha propuesto al sector la adopción de un esquema de cruzamiento a tres vías. Se aprovecha de este modo la heterosis de los caracteres reproductivos en las hembras cruzadas (BRUN y SALEIL, 1994; BRUN *et al.*, 1998) y la complementariedad en los caracteres de crecimiento (BRUN y OUHAYOUN, 1990). La Universidad Politécnica de Valencia y el Institut de Recerca y Tecnologia Agroalimentàries de Cataluña mantienen líneas especializadas con diferentes objetivos de selección: líneas hembra (seleccionadas por tamaño de la camada al destete) y líneas macho (seleccionadas por velocidad de crecimiento) (GÓMEZ *et al.*, 1998b).

Con vistas a optimizar el esquema de cruzamiento se diseñaron una serie de experimentos que comenzaron en 1996 (Proyecto SC96-024). El objetivo principal es optimizar la dirección y composición del cruce que produce la hembra cruzada. El segundo, es caracterizar los rendimientos de los gazapos fruto del cruce terminal con las líneas macho.

El objeto del presente trabajo es presentar los resultados provisionales de la primera experiencia del citado proyecto, el estudio de los caracteres de crecimiento en los cruces simples entre todas las líneas implicadas.

Material y métodos

Se utilizaron cinco líneas seleccionadas en el Departamento de Ciencia Animal (U.P.V.) y en la Unitat de Cunicultura (I.R.T.A.). Los animales fueron mantenidos en la Granja Experimental de Caldes de Montbui (mayo 1996 hasta la fecha), donde se realizan los cruces entre todas las líneas,

Línea		Fundación	Carácter- Método	Referencia
Amarilla	11	1980	TCD - Índice	BASELGA *et al.*, 1984
Caldes	22	1983	VC - Masal	RAFEL *et al.*, 1990
Prat	33	1992	TCD - BLUP	GÓMEZ *et al.*, 1996
Rosa	44	1980	VC - Masal	ESTANY *et al.*, 1992
Verde	55	1984	TCD - BLUP	ESTANY *et al.*, 1989

TCD: tamaño de la camada al destete; VC: Velocidad de crecimiento.

originándose 25 tipos de gazapos (sólo 21 fueron incluidos en el estudio).

Los gazapos se destetaron en torno a los 32 días, pasando a jaulas colectivas de engorde (8 animales), durante 4 semanas. Se empleó un pienso comercial durante todo el cebo administrado *ad libitum*. Se realizó control semanal de pesos individuales y de consumo de pienso colectivo. Los caracteres estudiados fueron peso al destete, peso a los 60 días, velocidad de creci-

miento, consumo diario de pienso e índice de conversión durante todo el período. El modelo de análisis consideró como efectos principales el de estación (cuatro niveles: verano 97, invierno 97, primavera 98 y verano 98) y el tipo genético (21 niveles), utilizando el peso al destete como covariable. El experimento no ha finalizado.

Resultados y discusión

En el cuadro 1 se presentan los pesos brutos al destete de los diferentes tipos de gazapos (entre 602 y 854 g). Los animales más pesados eran hijos de reproductores, 44 y los más ligeros de reproductoras 55. Estas diferencias se reducen si ajustamos por tamaño de la camada de nacimiento (GÓMEZ *et al.*, 1998b), pero siguen siendo significativas.

El peso a los 60 días ajustado por peso al destete (entre 1705 y 2040 g) fue mayor en los descendientes de las líneas macho (44 y 22) y sus cruces, y menor en los de las líneas 11 y 55 y sus cruces. La ordenación de los valores de velocidad de crecimiento corregida por peso al destete (entre 35,7 y 47,8 g/d) es idéntica a la anterior, con valores mayores de 44,8 g/d en las líneas 22 y 44 y sus cruces y en el tipo 34, y menor o igual a 37 g/d en las líneas 11 y 55 y sus cruces.

La ordenación de los consumos de pienso diarios promediados sobre el período de engorde (valores entre 99 y 122 g/d) fue muy similar a la ordenación de velocidades de crecimiento, siendo mayor el consumo de los tipos que presentaron mayores crecimientos, además de los tipos 45 y 54.

El carácter de mayor interés económico es el índice de conversión durante la fase de engorde, que en este experimento varió entre 2,41 y 2,81. Los descendientes de reproductoras 22 y los tipos 24 y 44 presentaron la mejor conversión de pienso en peso vivo durante el período considerado (de 32 a 60 días). Los mayores valores del índice de conversión fueron observados en los tipos 14 y 45, y en las líneas 11 y 55 y sus cruces.

El análisis del primer año incluyendo tres de las líneas (11, 44 y 55) y sus cruces no mostró efectos de heterosis en ninguno de los caracteres considerados, ni tampoco efectos genético maternos destacables. Las diferencias se explicaban en términos de efectos genéticos aditivos directos (GÓMEZ *et al.*, 1998a, 1998c).

El aprovechamiento de la diversidad genética entre líneas cuando el objetivo es mejorar los rendimientos productivos de los gazapos debe realizarse aprovechando la complementariedad y no la heterosis del producto final.

En la actualidad, las líneas macho 22 (Caldes - I.R.T.A.) y 44 (Rosa - U.P.V.) seleccionadas por velocidad de crecimiento, son un producto plenamente transferido al sector y son ampliamente utilizadas por los cunicultores profesionales en el cruce terminal con hembras cruzadas.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido posible gracias a la dedicación del personal de soporte (O. Perucho, N. Aloi, A. Irujo y A. Company), a la colaboración con la granja La Balma de la familia Terrades y a la financiación del Programa Sectorial I+D Agrario y Alimentario (SC96-024).

CUADRO 1

MEDIAS MÍNIMO CUADRÁTICAS (Y ERROR ESTÁNDAR) DEL PESO AL DESTETE (P32 [G]), DEL PESO A LOS 60 DÍAS (P60 [G]), DEL ÍNDICE DE CONVERSIÓN (IC [G PIENSO/KG PESO VIVO]), DE LA VELOCIDAD DE CRECIMIENTO (CG/DÍA) Y DEL CONSUMO DIARIO DE PIENSO (CD[(G/D]) DURANTE EL ENGORDE POR ESTACIÓN Y TIPO

		P32	P60	IC	VC	CD
Estación	1	707 (18) b	1945 (15) c	2501 (43)a	4496 (54) c	113 (1.7) b
	2	731 (13) b	2003 (11) d	2735 (34) b	4636 (41) d	124 (1.3) c
	3	789 (15) c	1847 (13) b	2642 (38) b	4074 (48) b	109 (1.4) b
	4	642 (14)a	1642 (12)a	2637 (37) b	3349 (44)a	88 (1.3)a
Tipo	11	708 (35) bcdef	1705 (29)a	2732 (85) de	3568 (109)a	99 (3.3)a
	14	773 (43) efg	1817 (36) def	2807 (96) e	3992 (129) cde	109 (3.7) bcd
	15	726 (35) def	1724 (29)abc	2711 (89) cde	3651 (103)ab	101 (4.1)ab
	22	721 (30) def	1954 (25) hij	2463 (77)a	4482 (88) ghi	111 (3.0) cde
	23	702 (29) bcde	1875 (24) fg	2624 (70)abcde	4202 (85) def	108 (2.5) bc
	24	854 (36) g	2040 (31) k	2415 (98)a	4779 (110) j	111 (3.1) cde
	25	602 (33)a	1835 (27) def	2690 (84) bcde	4067 (98) def	107 (2.8) bc
	32	683 (32)abcde	1865 (27) efg	2523 (73)abc	4166 (96) def	110 (3.0) bcd
	33	701 (26) bcde	1789 (22) bcd	2599 (61)abcde	3896 (78) bcd	103 (2.2)ab
	34	822 (53) fg	1963 (44) hijk	2700 (116) bcde	4508 (159) ghij	122 (4.5) e
	35	640 (26)abc	1793 (22) bcd	2638 (61)abcde	3913 (78) cd	103 (2.4)ab
	41	810 (50) fg	1807 (42) def	2673 (111) bcde	3897 (166) cd	105 (4.3)abc
	42	739 (32) ef	1996 (27) ijk	2454 (77)a	4631 (96) hij	117 (3.2) de
	43	689 (28) bcde	1929 (23) ghi	2565 (71)abcd	4397 (83) ghi	109 (2.4) bc
	44	782 (23) fg	2005 (19) jk	2561 (61)abc	4685 (70) ij	118 (2.1) e
	45	651 (30)abcd	1880 (25) fg	2768 (72) e	4223 (91) def	114 (2.6) cde
	51	688 (30)abcde	1720 (26)ab	2732 (69) de	3636 (93)a	98 (3.1)a
	52	680 (30)abcde	1904 (25) fgh	2495 (74)ab	4309 (89) fgh	109 (2.6) bcd
	53	710 (26) cde	1807 (22) de	2662 (59) bcde	3959 (78) cde	106 (2.3) bc
	54	748 (32) ef	1897 (27) fgh	2690 (81) bcde	4248 (95) efg	113 (2.8) cde
	55	634 (22)ab	1735 (19)ab	2702 (53) cde	3705 (68)abc	100 (2.0)a

Medias mínimo cuadráticas (dentro de efecto) con letras en común no son significativamente diferentes (P<0.05).

Referencias

BASELGA M., BLASCO A., ESTANY J., 1984. Índice de selección de caracteres reproductivos con información variable. Proceedings of the 3rd World Rabbit Congress, Roma, 1, 62-65.

BRUN J.M., OUHAYOUN J., 1990. Variabilité génétique et effet de la sélection dans le croisement de trois souches de lapin. 3. Caractères de croissance et qualité bouchère. Proceedings of the 5èmes Journées de Recherche Cunicole Fr., Paris, Comm. 42.

BRUN J.M., SALEIL G., 1994. Une estimation, en fermes, de l'heterosis sur les performances de reproduction entre les souches de lapin INRA A2066 et A1077. Proceedings of the 6èmes Journées de Recherche Cunicole Fr., La Rochelle, 203-210.

BRUN JM., BOLET G., BASELGA M., ESPARBIE J., FALIERES J., 1998. Comparaison de deux souches européennes de lapins selectionnées sur la taille de portée: intérêt de leur croisement. Proceedings of the 7èmes Journées de Recherche Cunicole Fr., Lyon, 21-23.

ESTANY J., BASELGA M., BLASCO A., CAMACHO J., 1989. Mixed model methodology for the estimation of genetic response to selection in litter size of rabbits. Livest. Prod. Sci. 21, 67-76.

ESTANY J., CAMACHO J., BASELGA M., BLASCO A., 1992. Selection response of growth rate in rabbits for meat production. Genet. Sel. Evol. 24, 527-537.

GÓMEZ E.A., RAFEL O., RAMON J., BASELGA M., 1996. A genetic study of a line selected on litter size at weaning. Proceedings of the 6th World Rabbit Congress, Toulouse, 2, 289-292.

GÓMEZ E.A., RAFEL O., RAMON J., 1998a. Caractères de croissance dans le croisement de trois souches de lapin sélectionnées en Espagne. Proceedings of the 7èmes Journées de Recherche Cunicole Fr., Lyon, 33-36.

GÓMEZ E.A., BASELGA M., RAFEL O., GARCÍA M.L., RAMON J., 1998b. Selection, diffusion and performances of six Spanish lines of meat rabbit. Proceedings of the 2nd International Conference on Rabbit Production in Hot Climates, Adana.

GÓMEZ E.A., RAFEL O., RAMON J., BASELGA M., 1998c. Feed efficiency in crossbreeding among three of the strains selected in Spain. Proceedings of the 2nd International Conference on Rabbit Production in Hot Climates, Adana.

RAFEL O., TRAN G., UTRILLAS M., RAMON J., PERUCHO O., DUCROCQ V., BOSCH A., 1990. Sélection pour un objectif global (poids de la portée à 60 jours) en générations chevauchantes dans une lignée blanche synthétique de lapins. Etude de la variabilité non génétique de la taille et du poids de portée à different stades. Options Méditerranéennes, A-8, 75-82.

ITEA (1998), Vol. 94A N.° 3, 255-264

SELECCIÓN DE GANADO CAPRINO UTILIZANDO LA INFORMACIÓN DEL GEN DE LA CASEÍNA α_{S1}.

A. Sánchez-Palma*
E. Manfredi**
J.M. Serradilla*

* Departamento de Producción Animal
ETSIAM. Universidad de Córdoba
España

** SAGA - INRA
Castanet Tolosan-Toulouse
Francia

RESUMEN

Mediante simulación de Montecarlo, se comparan, por un lado, las posibles utilizaciones de la información del polimorfismo de la caseína a α_{s1} para la selección de los machos para ser testados por IA y, por otro, el modelo de indexación a utilizar cuando se incorpora esta información en el modelo de valoración. El criterio utilizado para establecer dichas comparaciones es el valor genético de las diferentes categorías de animales que constituyen la población al cabo de 20 generaciones de selección. Se consideran dos caracteres sobre los que el gen de la caseína αs1 produce efectos cuantitativamente diferentes. Los resultados muestran que sólo en el caso de que este efecto sea muy fuerte y la heredabilidad poligénica del carácter baja, puede merecer la pena establecer el genotipo de todos los animales.

Palabras clave: Cabras, Selección, Caseínas, Simulación.

SUMMARY
(GOAT SELECTION ASISTED BY αS1 CASEIN GENOTYPING)

Different modes of using the information on the αs1 casein genotype of goats, in order to estimate breeding values and to select sires, are compared through Montecarlo simulations. The criterion used for the comparisons was the breeding value reached after 20 generations of selection. Two traits, differently affected by the αs1 casein genotype, were considered. Results showed that genotyping all animals could be meaningful only in the case of low polygenic heritability and very strong effect of the αs1 casein genotype on the trait.

Key words: Goats, Selection, Caseins, Simulation.

Introducción

Si observamos el contenido proteico de la leche de cabra, podemos distinguir entre las proteínas del suero y las coagulables o caseínas. Dentro de las caseínas, proteínas de la leche que precipitan a pH 4,6 podemos diferenciar 4 tipos: αs1, αs2, β y κ,

según su diferente estructura primaria (ANGULO, 1997). La caseína αs1 es la fracción más variable en el ganado caprino y presenta un polimorfismo con al menos 13 alelos, 5 de los cuales con una frecuencia apreciable, que se asocian con diferentes niveles de caseína producida. De esta manera los alelos A, B y C, se asocian con una alta producción de caseína y, por tanto, de proteína, el E con una producción media, el F con una producción baja y el O, o nulo, con una producción nula (GROSCLAUDE y col., 1987). Además de esta relación, los polimorfismos de la caseína αs1 también se asocian a diferencias en las características tecnológicas (pH, tiempo de coagulación, firmeza de la cuajada) en la fabricación de queso e, incluso, con la intensidad de "sabor a cabra" de los quesos madurados (ANGULO, 1997).

SERRADILLA y col., (1992) apuntan tres posibles vías de utilización de estos polimorfismos con el fin de mejorar el contenido de proteína de la leche y su rendimiento quesero: selección poligénica por el contenido de determinadas fracciones de las caseínas ligadas a un mayor rendimiento y calidad del queso (la fracción α_{s1} y posiblemente la κ), utilización de las variantes alélicas de las distintas fracciones caseínicas como marcadores asociados a una mayor producción de caseína y el empleo de la ingeniería genética.

LARZUL (1993) y BARBIERI (1995) recomiendan la utilización de la información correspondiente al polimorfismo de la caseína αs1 en los esquemas de selección del ganado caprino. Esta práctica ya se está dando en Francia, al menos para limitar la entrada en el centro de inseminación de aquellos machos con genotipos más desfavorables (MANFREDI y col., 1995).

El presente trabajo de simulación se plantea con el fin de comparar, por un lado, los resultados de la indexación de los animales, obtenida con la utilización de un modelo animal incluyendo el efecto del gen mayor como efecto fijo (BCC) (KENNEDY y col., 1992) y sin incluirlo (BSC). Por otro lado, se comparan las posibles formas de utilización de la información del polimorfismo de la caseína αs1 para la selección de los machos de IA (machos en prueba de descendencia), de entre los que presentan un mejor índice obtenido con los modelos anteriores. En él se analizan 3 grados de utilización de la información de los polimorfismos de la caseína αs1, que de mayor a menor intensidad de utilización son:

– No se tiene en cuenta para nada (SS).

– Se utiliza para elegir entre hermanos, candidatos a ser sometidos a la prueba de descendencia por el índice de sus padres en la valoración genética, aquel o aquellos que tienen los mejores genotipos del gen de la caseína αs1 (SH).

– Se utiliza para seleccionar de entre todos los candidatos a ser sometidos a prueba de descendencia, aquellos con genotipo más favorable (SG).

Material y métodos

Se realizan simulaciones para generar los valores de los caracteres tasa de proteína (TP, g/kg.), sobre el que se supone un efecto fuerte del gen mayor, y cantidad de materia proteica (MP, kg.), asociado con un efecto débil del gen mayor (LARZUL, 1993; BARBIERI, 1995).

El modelo de simulación es el siguiente:

$$y_{ijklmn} = \mu + A_j + R_k + E_l + Tp^m + La_n + G_i + g_i + epi + \varepsilon_{ijklmn}$$

Donde, **y** representa el valor del carácter para un individuo (cantidad o tasa de proteína); μ representa la media poblacional; **A** es el efecto del año (con 20 niveles); R es el efecto de la ganadería (con 100 niveles); **E** es el efecto de la estación de parto (con 4 niveles: primavera, verano, otoño e invierno); **Tp** es el efecto del tipo de parto (con 3 niveles: 1, 2 ó 3 cabritos); **La** es el efecto del número de lactación (con 10 niveles); **G** representa el efecto del gen mayor de la caseína αs1 (con tres niveles: AA, AF y FF); **g** es valor poligénico del animal para el carácter y se distribuye como N $(0, \sigma^2_g)$; **ep** es el efecto ambiental permanente que se distribuye como N $(0, \sigma^2_{ep})$ y ε es el efecto residual, que se distribuye como N $(0, \sigma^2_\varepsilon)$.

Los efectos de los distintos niveles de los factores fijos (A, R, E, Tp y La) se estimaron con los datos correspondientes a cinco años del control de rendimientos de la raza Malagueña, mediante el procedimiento "GLM" del paquete estadístico SAS.

Para simular el efecto del genotipo de la caseína αs1, se supuso que el efecto del gen mayor es un factor fijo más (G) con tres niveles, ya que para simplificar la simulación se consideraron sólo tres genotipos (AA genotipo fuerte, FF genotipo débil y AF genotipo intermedio) (LARZUL, 1993; BARBIERI, 1995). La parte no controlada por el gen mayor se consideró aleatoria (parte poligénica). Además de esta parte aleatoria, se consideraron como factores aleatorios el efecto ambiental permanente (ep) y el efecto residual (ε). Estos valores se generan en el proceso de simulación mediante el procedimiento de Box y Muller (JURADO e IBAÑEZ, 1982).

En el cuadro 1, se muestran los valores de los efectos del gen mayor sobre cada uno de los caracteres, así como la frecuencia de partida de los distintos genotipos:

Las medias poblacionales de los caracteres MP (25,26 kg.) y TP (28,30 g/kg.) y los diferentes parámetros genéticos que se utilizan para la simulación (cuadros 2 y 3) son estimaciones obtenidas por BARBIERI (1995) en la raza Alpina francesa.

El esquema de selección simulado es un esquema basado únicamente en la IA. Se considera un núcleo de selección constituido por 100 ganaderías de distinto tamaño y un centro de inseminación constituido por 40 machos de diferentes edades (10 de 1 año, 10 de 2 años, 10 de 3 años, 5 de 4 años y 5 de 5 años) considerando los machos probados a partir del cuarto año, utilizándose como tales un año más. Por tanto la tasa

CUADRO 1
EFECTOS* DEL GEN MAYOR PARA CADA UNO DE LOS GENOTIPOS Y CARACTERES

Genotipos	TP (g/kg.)	MP (kg.)	Frecuencias* (%)
AA	2,39	0,97	4
AF	0	0	32
FF	-2,39	-0,97	64

* Efectos y frecuencias estimados por BARBIERI (1995) en la raza Alpina francesa.

CUADRO 2
PARÁMETROS GENÉTICOS UTILIZADOS PARA LA SIMULACIÓN

	Valores MP	poligénicos TP	Valores MP	genéticos TP
σ^2	3,55	0,96	3,85	2,79
σ^2_{ep}	1,71	1,23	1,71	1,23
σ^2_{ε}	4,01	0,65	4,01	0,65
h^2	0,38	0,34	0,40	0,60
r	0,57	0,77	0,58	0,86

σ^2 = Varianza genética.
σ^2_{ep} = Varianza ambiental permanente.
σ^2 = Varianza residual.
r = Repetibilidad.

CUADRO 3
COVARIANZAS UTILIZADAS EN LA SIMULACIÓN

	Covarianza poligénica	Covarianza genética
$\sigma_{mp\text{-}tp}$	-0,41 (-0,22) *	0,30 (0,09) *
$\sigma_{ep1\text{-}ep2}$	0,08 (-0,19) *	0,01 (-0,05) *
$\sigma\varepsilon_1\text{-}\varepsilon_2$	-0,64	-0,65

$\sigma_{mp\text{-}tp}$ = Covarianza genética.
$\sigma_{ep1\text{-}ep2}$ = Covarianza ambiental permanente.
$\sigma\varepsilon_1\text{-}\varepsilon_2$ = Covarianza residual.
* Entre paréntesis aparecen las correlaciones.

de selección de los machos en prueba en el centro de IA es del 50%. En cada ganadería se insemina con un 30% de semen de machos en prueba y un 70% de machos probados. Toda la reposición, tanto de las hembras en las ganaderías (20 %) como de los machos para el centro de inseminación, se considera que procede de la IA. Los machos que se ponen en prueba provienen de las inseminaciones de las mejores hembras de cada ganadería con semen de machos probados. Se considera una efectividad del IA del 50 %.

Los modelos utilizados para la valoración son: en un caso el mismo que para la simulación, indexando los animales por la suma del efecto estimado mediante BLUP para el genotipo del gen mayor de la caseína $\alpha s1$ (**G**) y la estima BLUP de la parte restante (**g**, parte poligénica); en el segundo caso, un modelo que no considera el efecto del gen mayor, los animales se inde-

xan entonces por la estima BLUP del valor genético:

$$y_{ijklmn} = \mu + A_j + R_k + E_l + Tp_m + La_n + vg_i + \\ + ep_i + \varepsilon_{ijklmn}$$

Donde, vg_i representa el valor genético del animal *i* para el carácter considerado.

La metodología de simulación es similar a la utilizada por ANALLA en 1996. Primero se genera una población base y, posteriormente, se elige en cada ciclo de selección (cada año) la reposición, utilizando el índice que corresponda y teniendo en cuenta la consanguinidad y la correlación poligénica entre ambos caracteres. Por tanto en la valoración genética se tiene en cuenta también la depresión por consanguinidad (ANALLA, 1996). Se simularon un total de 20 años. Cada simulación se repitió 10 veces modificando la semilla de génesis de valores aleatorios.

Combinando, por una parte, las 3 formas de utilización de la información del polimorfismo de la caseína αs1 para la selección de los machos en prueba (SS, SH y SG) y, por otra, los dos modelos de valoración genética a utilizar (BSC y BCC), tenemos 6 combinaciones posibles. Como se realizaron simulaciones independientes para la selección por cantidad de materia proteica (MP) y por proteína (TP), tenemos un total de 12 casos para simular, con sus correspondientes réplicas.

Resultados y discusión

En el cuadro 4 se recogen los valores genéticos medios de los dos caracteres, después de 20 años de selección para cada uno de ellos, en los diferentes casos simulados. Podemos observar que cuando el criterio de selección es la materia proteica (MP), el que el modelo de valoración incluya o no la información del gen mayor no supone diferencias significativas en cuanto a la ganancia genética obtenida. Mientras

CUADRO 4
VALOR GENÉTICO MEDIO DE LAS HEMBRAS DE REPOSICIÓN PARA EL AÑO 20. SE ACOMPAÑA DEL ERROR DE MONTECARLO (ERROR TÍPICO ENTRE RÉPLICAS)

		MP (kg.)	TP (g/kg.)
BSC	SS	10,11 ± 0,19	6,41 ± 0,10
	SH	10,25 ± 0,15	6,69 ± 0,08
	SG	10,20 ± 0,12	6,93 ± 0,09
BCC	SS	10,34 ± 0,16	6,76 ± 0,13
	SH	10,35 ± 0,21	6,74 ± 0,14
	SG	9,87 ± 0,23	6,82 ± 0,08

BSC: valoración genética sin caseínas.
BCC: valoración genética con caseínas.
SS: sin selección genotípica.
SH: selección entrer hermanos.
SG: selección genotípica.

que si el efecto es la tasa de proteína (TP), estas diferencias si son significativas y aparecen en favor del modelo que incluye el efecto del gen mayor. En cualquier caso está claro que cuando el efecto del gen mayor es fuerte (TP), es más favorable para la ganancia genética la selección genotípica de los candidatos para ser testados. Esto no está tan claro cuando el efecto es débil (MP).

En los cuadros 5 y 6 se recogen los valores del incremento o reducción del valor y algunos otros estadísticos de interés, entre el año 0 y el 20, correspondientes a los distintos criterios de selección, los diferentes modelos de valoración y las distintas formas de utilización de la información del genotipo de la caseína αs1.

En cuanto a la evolución de los valores poligénicos medios para cada año, en general coinciden con la evolución de los valores genéticos medios. Observamos como estos valores son mucho menores a los valores genéticos medios en el caso de la selección para TP (cuadros 6 y 4) que cuando se selecciona para MP (cuadros 5 y 4).

CUADRO 5
DIFERENCIA DE VALORES ENTRE LA POBLACIÓN BASE Y LA EXISTENTE A LOS 20 AÑOS PARA EL CARÁCTER CANTIDAD DE MATERIA PROTEICA (MP) DE LAS HEMBRAS DE REPOSICIÓN

MP		Valor Poligénico medio (kg)	Reducción de varianza poligénica (%)	Reducción de varianza genética (%)
	SS	9,62	26,11	26,34
BSC	SH	9,75	26,73	28,04
	SG	9,23	24,84	30,36
	SS	9,52	23,66	29,04
BCC	SH	9,46	25,17	29,97
	SG	8,91	25,16	30,84

CUADRO 6
DIFERENCIA DE VALORES ENTRE LA POBLACIÓN BASE Y LA EXISTENTE A LOS 20 AÑOS PARA EL CARÁCTER TASA DE PROTEÍNA (TP) DE LAS HEMBRAS DE REPOSICIÓN

TP		Valor Poligénico medio (kg.)	Reducción de varianza poligénica (%)	Reducción de varianza genética (%)
	SS	4,03	22,86	66,13
BSC	SH	4,30	24,82	75,45
	SG	4,53	21,39	73,29
	SS	4,41	27,81	75,25
BCC	SH	4,36	24,22	73,83
	SG	4,45	23,94	73,29

Las reducciones de varianza, tanto poligénica como genética, se muestran en las cuadros 5 y 6. Se observa la gran reducción de la varianza genética que se produce cuando el efecto del gen mayor es fuerte (TP) sobre el carácter a seleccionar, mientras que esta reducción es menor si el efecto del gen mayor es más débil. Por contra la reducción en cuanto a la varianza poligénica es del mismo orden. No obstante las reducciones de la varianza observadas son consecuencias de las tendencias genéticas positivas que se observan en todos los caso simulados.

A continuación podemos observar una serie de figuras en las que se representa la evolución durante los 20 años simulados para las hembras de reposición de las frecuencias de los diferentes genotipos AA, AF y FF (figuras 1, 2, 3 y 4) y las varianzas poligénicas y genéticas (figuras 5 y 6). En estas figuras se puede observar la fijación de alelos favorables y la reducción tanto de varianza poligénica como genética.

Antes de sacar conclusiones debemos tener en cuenta que para poder utilizar un modelo de valoración en el que se incluya el genotipo de la caseína αs1 como un factor fijo más, es indispensable conocer los genotipos de toda la población cuya información se tiene en cuenta para la valoración de los reproductores. Por el contrario si el modelo que se utiliza para valorar no incorpora la información del gen mayor, solo tendríamos que conocer los genotipos de aquella parte de la población con los mejores índices de valoración genética. A otro nivel podemos asociar la selección para la cantidad de materia proteica, con la selección de un carácter que está poco afectado (1 vez la desviación típica poligénica) por el gen mayor (genotipo de la caseína αs1) mientras que la selección para el carácter tasa de proteína está asociado a un efecto fuerte del gen mayor (3 veces la desviación típica poligénica). Finalmente tenemos que tener en cuenta que partimos de una frecuencia alta del alelo desfavorable, f(F)=0,8. No obstante si tuviésemos unas frecuencias menores únicamente se trataría de desplazarse en el tiempo hasta que con la fijación de las frecuencias nos encontrásemos en el caso correspondiente.

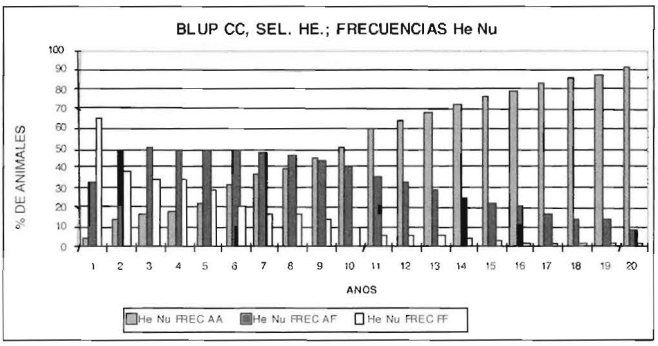


Figura 1. Evolución de las frecuencias para los tres genotipos (AA, AF y FF) a lo largo de los 20 años simulados para las hembras de reposición. Caso de la simulación en la que se selecciona para la materia proteica (MP) se valora con un modelo que incorpora la información del genotipo del gen mayor (BCC) y se utiliza esta información para elegir entre hermanos candidatos (SH)

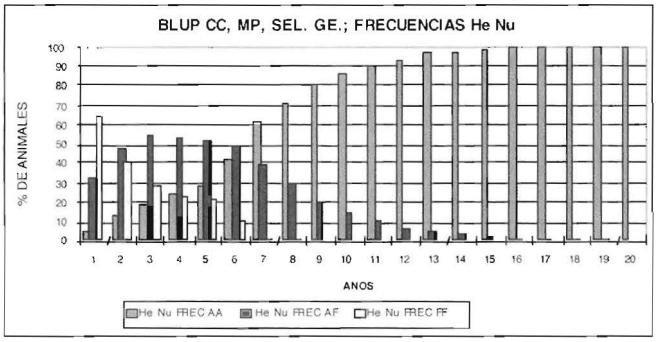


Figura 2. Evolución de las frecuencias para los tres genotipos (AA, AF y FF) a lo largo de los 20 años simulados para las hembras de reposición. Caso de la simulación en la que se selecciona para la materia proteica (MP) se valora con un modelo que incorpora la información del genotipo del gen mayor (BCC) y se utiliza esta información para elegir entre los candidatos para ser puestos en testaje (SG)

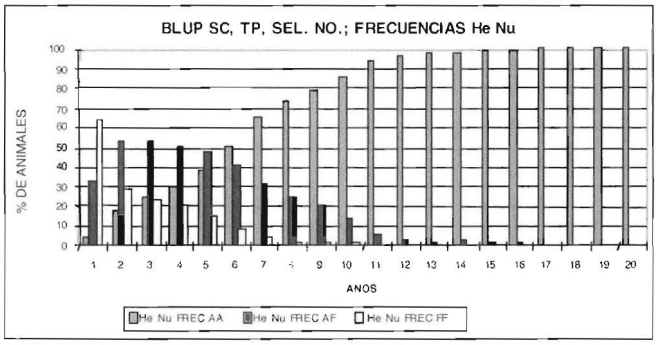


Figura 3. Evolución de las frecuencias para los tres genotipos (AA, AF y FF) a lo largo de los 20 años simulados para las hembras de reposición. Caso de la simulación en la que se selecciona para la tasa de proteína (TP) se valora con un modelo que no tiene en cuenta la información del genotipo del gen mayor (BSC) y esta información no se utiliza para elegir entre los machos (SS)

Podemos concluir de acuerdo con Larzul y col., (1997) que por un lado, que cuando el efecto del gen mayor es fuerte, existe una gran variabilidad y la heredabilidad del carácter es baja, se debe utilizar la selección genotípica para los polimorfismos de la caseína αs1. Por otro lado, teniendo en cuenta el coste de análisis de todos los animales y los beneficios que se obtienen con un modelo de valoración en el que se incluye el efecto del gen mayor (lo cual exige conocer el genotipo de toda la población objeto de valoración) de momento, con los efectos del gen considerados en este traba-

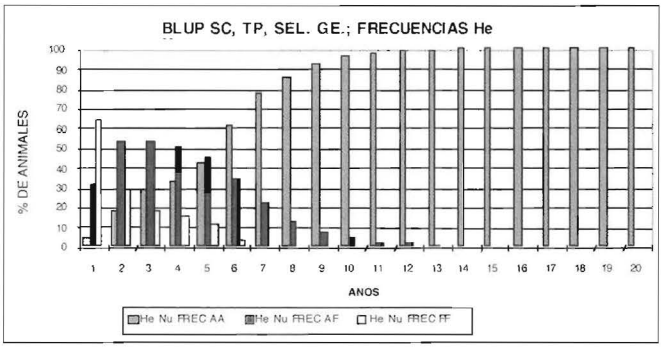


Figura 4. Evolución de las frecuencias para los tres genotipos (AA, AF y FF) a lo largo de los 20 años simulados para las hembras de reposición. Caso de la simulación en la que se selecciona para la tasa de proteína (TP) se valora con un modelo que no tiene en cuenta la información del genotipo del gen mayor (BSC) y utiliza la información del genotipo de las caseínas para seleccionar los candidatos para entrar en el centro de IA (SG)

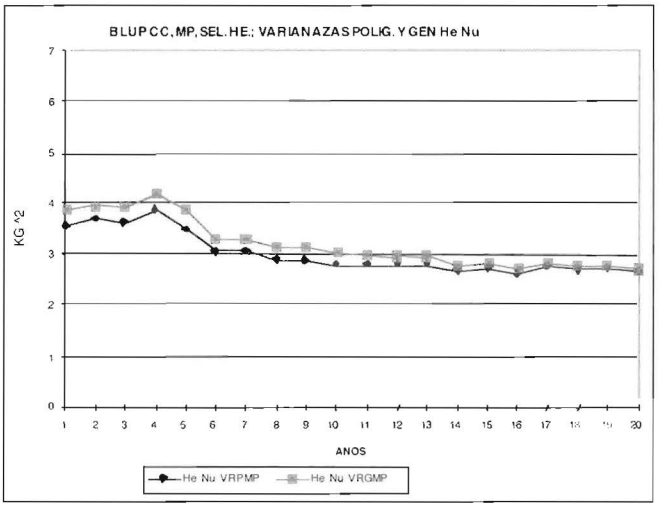


Figura 5. Evolución de las varianzas poligénicas (VRPMP) y varianzas genéticas (VRGMP) para las hembras de reposición, durante los 20 años simulados, para la simulación en la que se selecciona para materia proteica (MP), se valora con un modelo en el que se incluye el efecto del gen mayor (BCC) y utiliza la información del genotipo de las caseínas para seleccionar entre hermanos para ser puestos en testaje (SH)

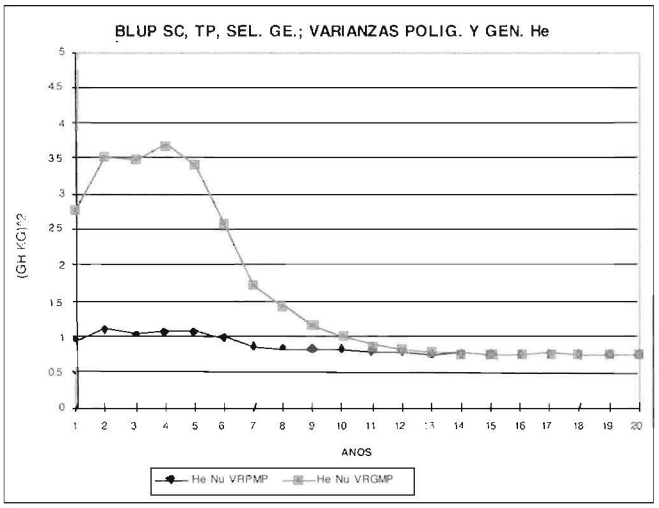


Figura 6. Evolución de las varianzas poligénicas (VRPMP) y varianzas genéticas (VRGMP) para las hembras de reposición, durante los 20 años simulados, para la simulación en la que se selecciona para la tasa de proteína (TP), se valora con un modelo en el que no se incluye el efecto del gen mayor (BSC) y utiliza la información del genotipo de las caseínas para seleccionar por éste los candidatos para ser testados (SG)

jo, no parece justificado incluir la información genotípica en el modelo de valoración.

Bibliografía

ANALLA M., 1996. Valoración genética de reproductores y selección de ovino Segureño: Un estudio de simulación. Tesis Doctoral. ETSIAM. Universidad de Córdoba.

ANGULO C., 1997. Análisis del efecto del genotipo de las caseínas sobre las características tecnológicas de la leche de cabra mediante la técnica NIRS. Tesis Doctoral. ETSIAM. Universidad de Córdoba.

BARBIERI M.E., 1995. Polymorphisme de la caseine αs1. Effets des genotype sur des performances zootechniques et utilization en selection caprine-juanma. Tesis doctoral. INA Paris-Grignon, 161.

GROSCLAUDE F., MAHÉ M.F., BRIGNON G. DI STASIO L. y JEUNET R., 1987. A mendelian polymorphisme underlying quantitaive variations of goats αs1 casein. Genet. Sel. Evol. 4, 399-412.

JURADO J.J. y IBAÑEZ V. 1989. Simulación genética en ordenador. Vol III: Teoría de la simulación genética en computador. Monografías de la ETSIA. N.º 83. Universidad Politécnica de Madrid.

KENNEDY B.W., QUINTON M. y VAN ARENDONK J.A.M., 1992. Estimation of effects of single genes on quantitative traits. J. Anim. Sci. 70, 2000-12.

LARZUL C., 1993. Propositions pour lámelioration de la selection caprine: definition des nouvelles grilles de qualifications d'index combinés, prise en compte du génotype de la caséine αs1. Rappor INA Paris-Grignon, 39.

LARZUL C., MANFREDI E. y ELSEN J.M., 1995. Potential gain including major gene infomation in breeding value estimation. Gen. Sel. Evol. 29, 161-84.

MANFREDI E., RICORDEAU G., BARBIERI M.E., AMIGUES Y. y BIBE B., 1995. Génotipe caséine αs1 et index des boucs de testage en race Alpine et Saanen. Gen. Sel. Evol. 27, 451-8.

SERRADILLA J.M., DIAZ E., MUÑOZ A. y ALONSO A., 1992. Variación cuantitativa y polimorfismos de las caseinas de la leche de cabra. Posibilidades de selección para aumentar el rendimiento en queso. ITEA 1, 13-22.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3**, 265-270

DETECCIÓN DE QTLS MEDIANTE LA PARTICIÓN DE LA VARIANZA GENÉTICA EN FUNCIÓN DEL PARENTESCO ATRIBUIBLE A SEGMENTOS DEL GENOMA

L. Varona
M. Pérez-Enciso

Centre UDL-IRTA
Area de Producción Animal
25198 Lleida

España

RESUMEN

Se presenta un procedimiento de detección de segmentos cromosómicos que determinan la variación de un determinado carácter, lo que permite generalizar los métodos de análisis y detección de QTL. El procedimiento consiste en definir matrices de relaciones genéticas para un segmento particular de ADN. Estas matrices pueden ser calculadas tanto analítica como numéricamente. Se presenta una aplicación en una población simulada, donde se puede observar, por una parte, la capacidad de discriminar entre fuentes de variación de origen genético y, por otra, el incremento de precisión en la predicción del mérito genético de los individuos.

Palabras clave: QTL, Parentesco, ADN.

SUMMARY
QTL DETECCION USING GENETIC RELATIONSHIPS FOR GENOME SEGMENTS

A new procedure to detect genome segments that affect variation in a particular trait is presented, and thus allowing the detection of QTL. The procedure defines genetic relathionship matrices for any DNA segment. Those matrices can be calculated both analitically and numerically. An aplication of the procedure in a simulated population is presented. In this example, the ability of the procedure to discriminate between sources of variation is shown. Morever, the accuracy improvement in the prediction of genetic merit is also presented..

Key words: QTL, Genetic relationship, DNA.

Introducción

A pesar del gran número de métodos estadísticos disponibles para la identificación de genes que afectan a la expresión de caracteres cuantitativos (QTLS), todos ellos se basan, explícita o implícitamente, en asumir que existe uno o dos genes más un residuo genético infinitesimal. Este enfoque presenta una serie de problemas, a) la distribución de efectos génicos asumida

no es realista, el tránsito entre genes de efecto grande y de efecto muy pequeño es seguramente gradual, b) la elección del nivel de significación no es obvia y c) puede no ser un método robusto si las frecuencias alélicas no son las asumidas. Por ejemplo, en una F2, si no hay alelos fijados para el QTL en cada una de las poblaciones origen.

Un enfoque alternativo es identificar regiones que expliquen más variación genética que la esperada bajo un modelo infinitesimal. Esta posibilidad ha sido planteada por VISSCHER y HALEY (1996) y LIU y DEKKERS (1998), pero no desarrollaron la metodología necesaria. En este trabajo definimos la teoría y la ilustramos con un ejemplo sencillo.

Material y métodos

Teoría

Bajo un modelo estrictamente infinitesimal, la covarianza genética aditiva entre 2 individuos es proporcional al porcentaje de genoma compartido:

$$a(i,i') = \frac{1}{2G} \sum_{H=1}^{2} \sum_{H'=1}^{2} \int_{0}^{G} \delta_{H,H'}(x)dx =$$

$$= \frac{1}{2\sum_{1}^{n_c} G_i} \sum_{i=1}^{n_c} \sum_{H=1}^{2} \sum_{H'=1}^{2} \int_{0}^{G_i} \delta_{H,H'}(x)dx$$

donde H y H' son los haplotipos de cada individuo, G es la longitud del genoma, con

$$G = \sum_{i=1}^{n_c} G_i$$

n_c es el número de cromosomas y es una variable indicadora que toma el valor 1 si los haplotipos comparados son idénticos por descendencia en la posición x y 0 en caso contrario. En ausencia de marcadores, a(i,i') es el coeficiente de parentesco de Wright. Por el contrario, si se dispusiese de un numero infinito de marcadores completamente informativos, a(i,i') podría ser calculado con total precisión. En la práctica la situación es intermedia.

a) Marcadores completamente informativos.

Si los marcadores son completamente informativos, se conoce con certeza el origen gamético de cada uno de los marcadores y, por lo tanto, la probabilidad de origen de cualquier posición del genoma es sencillamente calculable.

Si dos haplotipos presentan los mismos alelos en ambos marcadores y en la misma fase que sus padres, el coeficiente de parentesco para el segmento de longitud λ del haplotipo j entre el individuo i y el haplotipo k del individuo i' es:

$$\delta(H_{ij}, H_{i'k}) =$$

$$= \frac{1}{\lambda} \int_{0}^{\lambda} \frac{\left[(1-r_\chi)^2(1-r_{\lambda-\chi})^2 + (r_\chi r_{\lambda-\chi})^2\right]}{(1-r_\lambda)^2} dx$$

donde r_i es la fracción de recombinación correspondiente a la distancia i.

Si comparten ambos marcadores en fase distinta a sus padres:

$$\delta(H_{ij},H_{i'k}) =$$

$$= \frac{1}{\lambda} \int_{0}^{\lambda} \frac{\left[(1-r_\chi)^2 r_{\lambda-\chi}{}^2 + (1-r_{\lambda-\chi})^2 r_\chi{}^2\right]}{r_\lambda{}^2} dx$$

Si no comparten ninguno de los alelos en los marcadores y los haplotipos se encuentran en la misma fase que sus padres, el parentesco es:

$$\delta(H_{ij},H_{i'k}) = \frac{1}{\lambda}\int_0^{\lambda} \frac{\left[2(1-r_\chi)\,(1-r_{\lambda-\chi})\,r_\chi\,r_{\lambda-\chi}\right]}{(1-r_\lambda)^2}\,dx$$

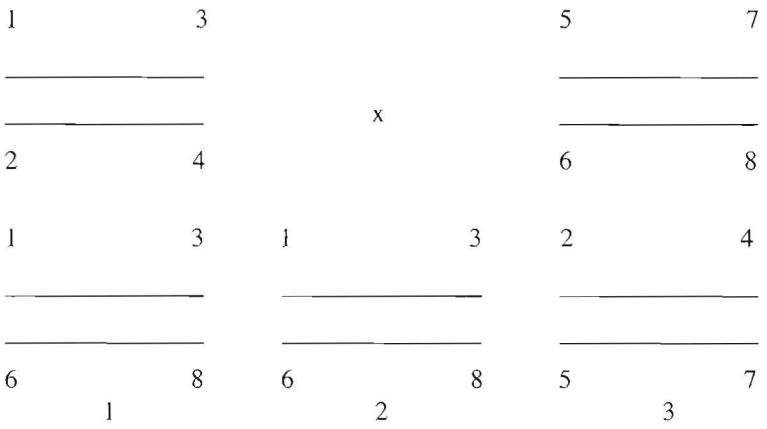
Si no comparten ninguno de los marcadores y los haplotipos se encuentran en distinta fase que los padres:

$$\delta(H_{ij},H_{i'k}) = \frac{1}{\lambda}\int_0^{\lambda} \frac{\left[2(1-r_\chi)\,r_{\lambda-\chi}\,(1-r_{\lambda-\chi})r_\chi\right]}{r_\lambda^{\,2}}\,dx$$

Si los haplotipos sólo comparten uno de los marcadores:

$$\delta(H_{ij},H_{i'k}) = 0{,}5$$

Supongamos dos marcadores polimórficos separados por una distancia de 20cM y el siguiente pedigrí:

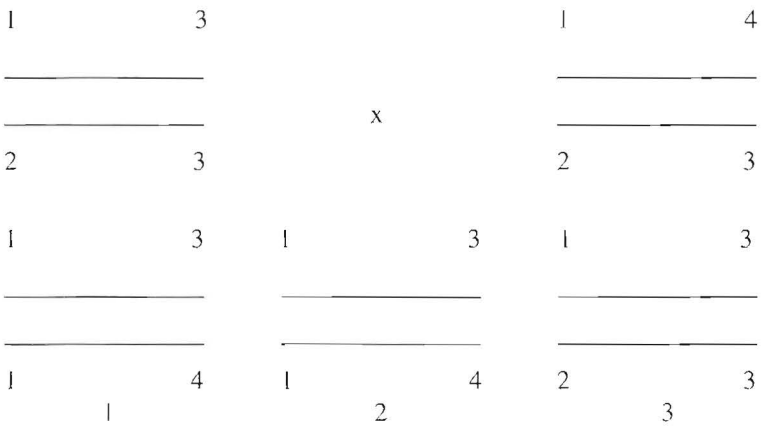


$$a(1,2) = \frac{1}{2} \times \left(\sum_{i=1}^{2}\sum_{j=1}^{2} \delta(H_{ij},H_{i'j})\right) = \frac{0{,}987+0{,}000+0{,}000+0{,}987}{2} = 0{,}987$$

$$a(1,3) = \frac{1}{2} \times \left(\sum_{i=1}^{2}\sum_{j=1}^{2} \delta(H_{ij},H_{i'j})\right) = \frac{0{,}013+0{,}000+0{,}000+0{,}013}{2} = 0{,}013$$

– b) Marcadores parcialmente informativos y/o fase desconocida.

Cuando los marcadores son parcialmente informativos y se desconoce la fase de los mismos, el origen genético no puede ser definido completamente y es necesario ponderar todas las posibles combinaciones. Supongamos la misma genealogía con marcadores bialélicos:



En este caso, y si de nuevo $\lambda = 0,2$

$$a(1,2) = 0,86$$

$$a(1,3) = 0,38$$

para el segmento considerado.

Modelo

Supongamos:

$$y = X\beta + Zu + e$$

donde **y** es el vector de datos fenotípicos, **X** y **Z** son las matrices de incidencia, β es el vector de efectos sistemáticos, **u** es el vector de efectos genéticos aditivos y **e** es el vector de residuos.

$$Var(u) = A^M \sigma^2_a$$

donde $\mathbf{A}^M$ es la matriz de relaciones aditivas calculadas utilizando la información molecular tal y como se ha descrito. En principio, la estimación de h^2 y de los valores genéticos aditivos será más precisa que utilizando **A** (calculada exclusivamente con la información aportada por el pedigrí). Sin embargo, el incremento de precisión no es muy elevado si la longitud del genoma es suficientemente grande.

Más interesante es discernir cuál es la contribución de cada segmento del genoma a la variación genética total. Por ejemplo, se puede describir un modelo que atribuya una parte de la variación de origen genético a cada cromosoma.

$$u = \sum_{i=1}^{n_C} u_i \qquad Var(u_i) = Diag \left\{ A_i \sigma^2_{ai} \right\}$$

Ejemplo. Estimación del porcentaje de variación atribuido a cada cromosoma

Simulación

Se ha simulado una población consistente en 100 machos y 500 hembras, en un diseño jerárquico con 5 hembras cruzadas con cada macho y 5 descendientes por hembra, generándose familias de 25 medio hermanos en grupos de 5 hermanos completos. Para cada individuo se han generado 4 cromosomas con 20, 15, 10 y 5 loci infinitamente polimórficos repartidos homogéneamente en cada cromosoma. Cada loci explica el 1% de la variación, por lo tanto

CUADRO I
HEREDABILIDAD ESTIMADA (MEDIA ± DESVIACIÓN TÍPICA POSTERIORES)

Caso	Infinitesimal	Crom. I	Crom. II	Crom. III	Crom. IV
I	0,475 ± 0,035	–	–	–	–
II	0,023 ± 0,017	0,184 ± 0,032	0,175 ± 0,030	0,110 ± 0,027	0,035 ± 0,020
III	0,045 ± 0,034	0,.213 ± 0,066	0,096 ± 0,060	0,092 ± ,043	0,058 ± 0,045

la heredabilidad simulada es 0,50. En cada cromosoma se han simulado 2 marcadores infinitamente polimórficos (Caso II) y Bialélicos (Caso III).

Estimación

Se ha estimado la heredabilidad utilizando un modelo animal que no hace uso de la información de marcadores moleculares (Caso I), además se han estimado la heredabilidad atribuida a cada uno de los cromosomas utilizando 2 marcadores infinitamente polimórficos por cromosoma (Caso II) y dos marcadores bialélicos (Caso III), cuya frecuencia génica era 0,5. Los estimadores se han obtenido mediante inferencia bayesiana con información a priori vaga.

La heredabilidad total es estimada con precisión por los tres procedimientos. Sin la utilización de marcadores moleculares no es posible discriminar entre el origen cromosómico de la variación. Cuando se utilizan marcadores moleculares sí es posible discriminar entre los orígenes de la variación, aunque la precisión que se obtiene depende de la cantidad de información disponible en los marcadores. En el Caso II, la cantidad de información polimórfica (PIC) es 1, mientras que en el Caso III, su PIC es 0,375. Este hecho se refleja en la desviación de la distribución posterior marginal del porcentaje de variación explicada entre los casos II y III (Por ejemplo, 0,032 vs. 0,066 para el primer cromosoma).

La información molecular permite, además de atribuir las causas de la variación de origen genético a distintos segmentos de ADN, refinar la matriz de parentesco y, por lo tanto, mejorar la capacidad predictiva del mérito genético global, que puede ser usado como criterio de selección. En el cuadro 2, se presenta la correlación entre el mérito genético simulado y estimado para los tres casos considerados. Como se observa, con un marcador molecular con información polimórfica baja (Caso III), el aumento de la precisión es despreciable (1,6%), por el contrario, con un marcador completamente informativo se consigue un incremento del 6,8% en la precisión (Caso II).

CUADRO II
CORRELACIÓN ENTRE VALORES GENÉTICOS SIMULADOS Y PREDICHOS

Caso	r2
I	0.617
II	0.659
III	0.627

Conclusiones y perspectivas futuras

Los marcadores moleculares permiten refinar el parecido genético entre individuos para cada segmento de ADN, lo que permite calcular los porcentajes de variación atribuibles a dicho segmento, así como mejorar la capacidad predictiva de los modelos de evaluación. Incluso cuando no existen loci de gran efecto, pero los loci de efecto pequeño están repartidos desigualmente por el genoma, la información molecular se manifiesta de utilidad. Pese a todo, es necesario disponer de marcadores muy informativos para que estas ventajas se hagan evidentes. El procedimiento ha resultado eficiente en la estimación de variación genética a segmentos de ADN, por lo que puede ser utilizado para la detección de loci de variación cuantitativa (QTL). Con respecto a otras aproximaciones tiene la ventaja de que es fácilmente generalizable al análisis de varios caracteres simultáneamente y que, en principio, será más robusto que el enfoque clásico si existe pleiotropía y ligamiento.

Agradecimientos

Trabajo financiado por los proyectos UE PL96-2243 y CICYT AGF96-2510.

Bibliografía

VISSCHER P.M. y HALEY C., 1996. Detection of putative quantitative trait loci in line crosses under infinitesimal genetic models. Theoretical Applied Genetics. 93, 691-702.

LIU Z. y DEKKERS, J.C.M., 1998. Least squares interval mapping of quantitative trait loci under the infinitesimal genetic model in outbred populations. Genetics. 148, 495-505.

ITEA (1998), Vol. 94A N.° 3, 271-278

TEORÍA DE JUEGOS Y OPTIMIZACIÓN DE LOS PROGRAMAS DE MEJORA: FÁBULA DEL MEJORADOR EGOÍSTA Y DEL MEJORADOR ALTRUISTA

G. Yagüe
L.A. García-Cortés
C. Moreno
J. Altarriba

Unidad de Genética Cuantitativa y
Mejora Animal
Facultad de Veterinaria
Universidad de Zaragoza
50013 Zaragoza

España

RESUMEN

Se analiza el comportamiento de varias empresas de genética que, diseñando simultáneamente sus pruebas de descendencia, tratan de competir en un mismo mercado. Este trabajo muestra que el equilibrio comercial, es decir, el tamaño de familia que maximiza los resultados económicos para cada empresa, no coincide con el tamaño de familia que maximiza el progreso genético. El equilibrio comercial, en general, lleva a tamaños de familia menores. Se muestra también cómo las empresas inocentes, que no hacen uso de la teoría de juegos, verán sus cuotas de mercado arrebatadas por empresas que, desoyendo los consejos de la genética cuantitativa, tratan de maximizar sus resultados particulares a costa del progreso genético común.

Palabras clave: Prueba de descendencia, Competencia empresarial, Teoría de juegos.

SUMMARY
OPTIMUM FAMILI SIZE IN PROGENY TESTING AND THE THEROY OF GAMES

In this paper, the family size in a progeny test under limited testing facilities was determined considering a scheme where several commercial companies were competing. Companies that determined the family size in order to maximize the expected proportion of sires which will be selected from its stock were considered as competitive. On the other hand, companies that determined the family size in order to maximize the expected genetic progress were considered as altruist. Under the theory of games framework, it is shown that competitive companies obtain better commercial results than altruist companies. When competing against competitive companies, altruist companies obtained worse commercial results than they expect. When all companies were competitive, they obtained the same commercial results as if all of them were altruist, but the total genetic progress decreased. A numerical procedure is described to calculate the optimum family size to optimize the commercial results.

The result of this algorithm showed that this commercial equilibrium only depends on the heritability and the ratio between the total testing facilities of the population and the number of sires required for the market. This commercial equilibrium did not depend on the number of companies nor the size of each company.

Key words: Progeny test, Business competition, Theory of games.

Introducción

En este trabajo se estudia una prueba de progenie con los recursos de testaje limitados. Habitualmente en este tipo de problemas, el tamaño de familia se determina atendiendo al criterio de maximizar el progreso genético (HILL, 1971).

Cuando varias empresas compiten por el mismo mercado, su interés se centra en conseguir animales mejores que los de la competencia. Estas empresas pueden pensar que optimizar unilateralmente el progreso genético las hará más competitivas, sin embargo, disponen de una herramienta más formal para analizar el problema: La teoría de juegos (VON NEUMANN y MORGESTERN, 1944). Una revisión interesante sobre el tema puede encontrarse en RASMUSEN (1994).

Las reglas del juego

Presentaremos esta sección directamente sobre un ejemplo. Dos empresas, la primera con 1000 plazas y la segunda con 500 plazas (T=1500, T_1=1000 y T_2=500), realizan una prueba de progenie (una sola generación). El mercado escogerá los 10 mejores sementales tras la prueba (N=10). La heredabilidad es 0,25. Ambas empresas, independientemente de la superioridad genética de los sementales seleccionados, buscan que sus sementales queden escogidos por delante de los de la competencia.

Ambas empresas conocen todas las reglas del juego excepto el tamaño de familia que emplearán (tendrán que decidirlo) y el tamaño de familia de la competencia (tendrán que adivinarlo). En este juego, el tamaño de familia que cada empresa utiliza se denomina su "estrategia".

Llamaremos n_1 y n_2 a los tamaños de familia o estrategias, S_1 y S_2 a la cantidad de sementales probados (S_i=T_i/n_i).

Cómo jugar

Primero, es un juego de suma cero. Es decir, lo que gana una empresa lo pierde la otra y viceversa. En estos juegos no hay ninguna razón para cooperar. La mejor manera de plantear el juego es, pues, competir.

En el juego propuesto, es de esperar que dos terceras partes de los sementales seleccionados hayan sido probados por la empresa número 1 y una tercera parte hayan sido seleccionados por la empresa número 2. Definiremos los pagos del juego como el número de sementales que consigue colocar en el mercado una empresa por encima o por debajo de su número esperado. O sea:

$$P_i = N_i - \frac{NT_i}{T}$$

Definimos también la matriz de pagos como una tabla que representa los pagos

para ambas empresas en cualquier combinación de estrategias. Esta matriz de pagos puede ser obtenida por todos los jugadores antes de determinar su estrategia. Esta matriz se presenta en el cuadro 1.

Nótese que para obtener los pagos, es necesario en cada caso buscar el punto de truncamiento adecuado que deje 10 sementales en el lado derecho. Determinar la posición de este punto de truncamiento puede hacerse por tanteo usando un método numérico (BURDEN y FAIRES, 1985).

El punto de truncamiento ha de cortar las distribuciones de los índices de selección obtenidos por los sementales de ambas empresas. Estos sementales son en cada caso una muestra de S_i individuos con media nula y varianza igual a

$$\sigma^2_{\hat{a}} = \frac{0.25 n_i h^2}{1 + 0.25(n_i - 1)h^2}$$

El juego consiste en que, atendiendo a el cuadro 1, cada empresa debe adivinar cuál será la estrategia que la empresa contraria elegirá, y decidir entonces la estrategia propia que maximice sus pagos.

Resultado del juego del duopolio

Aunque cada empresa tiene libertad para elegir su estrategia, un análisis razonable del juego lleva a una elección unívoca de las estrategias óptimas de ambas empresas. La empresa 1 elegirá como estrategia un tamaño de familia de 8. Si nos fijamos en la tabla 1, la columna que da mejores pagos

CUADRO 1
MATRIZ DE PAGOS PARA EL JUEGO DEL DUOPOLIO. ESTA MATRIZ REPRESENTA LOS PAGOS SOLAMENTE PARA LA EMPRESA 1, YA QUE LOS PAGOS PARA LA EMPRESA 2 SON IGUALES PERO DE SIGNO CONTRARIO
TABLE 1
PAYOFF MATRIX FOR THE TWO COMPANIES GAME. PAYOFFS REPRESENT THE PAYOFF FOR COMPANY 1 IN SEVERAL CASES OF SIMULTANEOUS PURE STRATEGIES. PAYOFFS FOR THE COMPANY 2 ARE EQUIVALENT BUT IN THE OPPOSITE SIGN

		Estrategia de la empresa 1									
		2	4	6	8	10	12	14	16	18	20
Estrategia de la empresa 2	2	0	1.591	1.942	1.980	1.884	1.713	1.494	1.246	.981	.708
	4	-1.745	0	.494	.609	.563	.434	.260	.061	-.150	-.365
	6	-2.087	-.487	0	.132	.110	.007	-.139	-.308	-.491	-.678
	8	-2.014	-.578	-.128	0	-.016	-.106	-.237	-.391	-.557	-.729
	10	-1.796	-.509	-.101	.015	0	-.084	-.206	-.351	-.507	-.669
	12	-1.529	-.375	-.006	.097	.080	0	-.117	-.254	-.403	-.558
	14	-1.255	-.215	.118	.209	.190	.112	0	-.132	-.275	-.424
	16	-.990	-.049	.253	.333	.312	.235	.127	0	-.138	-.282
	18	-.743	.114	.388	.459	.436	.361	.256	.133	0	-.139
	20	-.515	.270	.520	.582	.557	.484	.382	.264	.135	0

es la columna 8. Así, la empresa 1 no tendrá dudas en elegir esta estrategia. La empresa 2, a su vez, sabe que la empresa 1 elegirá 8, luego el mejor pago para ella está en la celda (8,8), ya que cualquier otro valor de esta columna da pagos positivos para la empresa 1 y negativos para ella. El resultado del juego si ambas empresas quieren competir es (8,8) y los pagos son cero para ambas empresas, es decir, cada empresa consigue colocar en el mercado una proporción de sementales que corresponde a la proporción de sus recursos de testaje.

Podemos representar el cuadro 1 en forma de gráfica (figura 1). Esta figura tiene forma de silla de montar, y el equilibrio comercial (8,8) corresponde a maximizar esa superficie en una dirección pero minimizarla en la dirección perpendicular.

Vamos a ver el resultado del juego un poco más en detalle. Ambas empresas pueden calcular, usando métodos numéricos, que con 1500 plazas y 10 sementales, el tamaño de familia que maximiza el progreso genético es 14. Entonces, ambas empresas pueden escribir el cuadro 2, que se presenta a continuación:

Razonemos como la empresa 1: si la empresa 2 escoge 14, ya que quiere maximizar el progreso genético, mi estrategia puede ser 8 ó 14. Si escojo 8, conseguiré colocar entre los seleccionados 6,8 sementales y si escojo 14, sólo colocaré 6,6. Por tanto, si la empresa 2 escoge 14, a mi me interesa escoger 8. Por otro lado, si la empresa 2 escoge 8, ya que quiere maximizar sus resultados comerciales, mi estrategia puede ser 8 ó 14. Si escojo 8, conseguiré colocar entre los seleccionados 6,6 se-

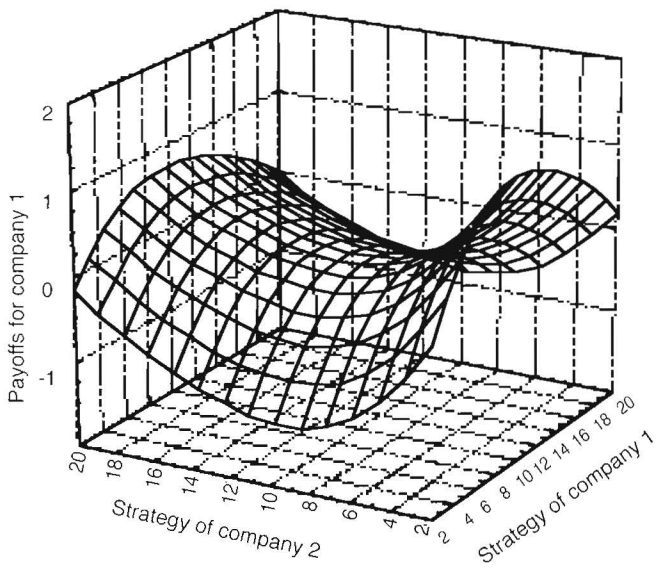


Figura 1. Pagos para la empresa 1 en el juego del duopolio
Figure 1. Payoffs for the company 1 in the two companies game

CUADRO 2
ESTRATEGIAS SIMULTÁNEAS DE AMBAS EMPRESAS, SUS PAGOS Y EL PROGRESO GENÉTICO OBTENIDO DE ESAS COMBINACIONES
TABLE 2
SIMULTANEOUS STRATEGIES OF BOTH COMPANIES, THEIR PAYOFFS AND THE TOTAL GENETIC PROGRESS OF THE POPULATION

n_1	n_2	N_1	N_2	P_1	P_2	$E(\Delta G)$
8	14	6,876	3,124	0,209	-0,209	1,215
14	8	6,430	3,570	-0,237	0,237	1,229
8	8	6,667	3,333	0	0	1,201
14	14	6,667	3,333	0	0	1,242

mentales y si escojo 14, sólo colocaré 6,4. Por tanto, si la empresa 2 escoge 8, a mi me interesa escoger 8. Por tanto, haga lo que haga la empresa 2, a mí me interesa escoger 8.

Al razonar como la empresa 2, el argumento se repite de igual forma. Por tanto, aunque ambas empresas obtienen los mismos pagos en (8,8) que en (14,14), dos empresas egoístas forzarán al competir una situación tal como (8,8), reduciendo el progreso genético un 3% sin que ninguna de ellas saque beneficio de la competencia. En cualquier caso, una determinada empresa puede jugar 8 esperando que la contraria, bien por altruismo o bien por desconocimiento de la teoría de juegos, juegue 14.

Para la teoría de juegos, este tipo de equilibrios estables se denominan equilibrios de Nash (NASH, 1950). En el caso de juegos en los que las estrategias deban ser elegidas dentro de un rango de valores numéricos, el equilibrio de Nash se denomina más específicamente equilibrio de Cournot-Nash (BINMORE, 1992).

Un resultado inesperado de este juego es que el tamaño de la empresa no influye en su decisión, y empresas grandes no tienen motivos para comportarse de forma distinta a las empresas pequeñas, ni pueden forzar jugadas ganadoras.

Más de dos empresas

En el juego anterior, ambas empresas jugaban tras haber calculado todas las posibles combinaciones de estrategias y atendiendo a la superficie de la figura 1. Cuando hay más de dos empresas, el cuadro de pagos es multidimensional y el número de combinaciones crece de forma galopante. Por este motivo, cuando hay varias empresas, éstas tendrán que emplear otros procedimientos para determinar el equilibrio de Nash y jugar de forma óptima.

Planteamos aquí un procedimiento para encontrar ese equilibrio teniendo en cuenta que la superficie multidimensional ha de ser optimizada para cada empresa en su eje de coordenadas. Pueden utilizarse procedimientos similares a los de maximización de funciones como los presentados en Press (1986), pero teniendo en cuenta que la fun-

ción de pagos es particular para cada empresa.

Presentaremos el algoritmo sobre un ejemplo, supongamos el mismo caso del juego anterior, pero ahora juegan 5 empresas cuyos recursos de testaje son 700 plazas, 400 plazas, 200 plazas, 100 plazas y 100 plazas respectivamente.

El algoritmo que hemos empleado es el siguiente (ver cuadro 3): todas las empresas comienzan jugando 5. La empresa 1 se comporta de forma egoísta y calcula que jugando 8,29 obtendrá el máximo beneficio. La empresa 2, que desconfía de la empresa 1, sabe que va jugar 8,29 y calcula que debe jugar 8,46 para maximizar sus beneficios, y así sucesivamente. Cuando todas las empresas se hayan comportado de forma egoísta, las estrategias serán 8,29, 8,46, 8,55, 8,59 y 8,64. La empresa 1 todavía puede ir más lejos y utilizar esa información para optimizar de nuevo su estrategia y obtener 8,64, pero su decisión puede ser anticipada por las demás. Cuando todas las empresas hayan repetido esta operación varias veces, ninguna de ellas podrá mejorar sus pagos con un cambio unilateral de

CUADRO 3
RESULTADOS DE LA CONVERGENCIA DEL ALGORITMO PARA ENCONTRAR EL EQUILIBRIO DE NASH EN VARIOS CASOS CON DIFERENTE NÚMERO DE EMPRESAS. LA HEREDABILIDAD FUE 0.25 Y EL NÚMERO DE SEMENTALES SELECCIONADOS FUE 10

TABLE 3
RESULTS AND CONVERGENCE OF THE ALGORITHM REACHING THE NASH EQUILIBRIUM IN SEVERAL CASES WITH NUMBER OF COMPANIES AND SEVERAL TESTING FACILITY STRUCTURES. HERITABILITY WAS 0.25 AND THE NUMBER OF SIRES SELECTED BY TRUNCATION WAS 10

case	T_1	T_2	T_3	T_4	T_5	iter	n_1	n_2	n_3	n_4	n_5
1	700	400	200	100	100	1	8,299	8,461	8,551	8,598	8,647
						2	8,649	8,649	8,649	8,649	8,649
						3	8,649	8,649	8,649	8,649	8,649
2	600	300	300	150	150	1	8,261	8,377	8,505	8,574	8,649
						2	8,649	8,649	8,649	8,649	8,649
						3	8,649	8,649	8,649	8,649	8,649
3	850	350	250	50		1	8,357	8,506	8,623	8,648	
						2	8,649	8,649	8,649	8,649	
						3	8,649	8,649	8,649	8,649	
4	900	500	100			1	8,378	8,599	8,648		
						2	8,649	8,649	8,649		
						3	8,649	8,649	8,649		
5	900	600				1	8,378	8,648			
						2	8,649	8,649			
						3	8,649	8,649			

su estrategia, entonces esta combinación de estrategias corresponde al equilibrio de Nash. En el cuadro 3 se presenta el resultado de este algoritmo para varios casos con diferente número de empresas.

En cada paso del algoritmo, la empresa correspondiente debe optimizar su estrategia asumiendo que las otras empresas no cambian la suya. Buscar el máximo de esa función puede hacerse con un método numérico como el algoritmo de acotamientos sucesivos (PRESS *et al.*, 1986).

El cuadro 3 presenta también otros 4 casos con diferente número y tamaño de empresas. En los 5 casos, los recursos de testaje totales fueron 1500, y el equilibrio de Nash fue igual para todos los casos. Esto parece sugerir que el punto de equilibrio depende sólo del cociente entre los recursos de testaje y el número de sementales a seleccionar (T/N), y del coeficiente de heredabilidad, conclusión ésta que recuerda el trabajo de ROBERTSON (1957) acerca del tamaño de familia que optimiza el progreso genético.

Papel del cociente T/N y de la heredabilidad en el equilibrio comercial: En las figuras 2 y 3 presentamos los efectos del cociente T/N y de la heredabilidad en el tamaño de familia escogido por empresas altruistas o egoístas y en el progreso genético obtenido. Se muestra también la aproximación de Robertson para el tamaño de familia óptimo.

$$n = 0.56\sqrt{\frac{T}{Nh^2}}$$

Estas figuras muestran que el equilibrio comercial siempre da un tamaño de familia menor que el que maximiza el progreso genético, especialmente cuando la heredabilidad es baja. El progreso genético obtenido por las 5 empresas egoístas es alrededor de un 3% menor que el obtenido por 5 empresas altruistas.

Bibliografía

BINMORE K., 1992. Fund and games: A text on game theory. D.C. Heath. Lexington. Mass.

BURDEN RL. and FAIRES JD., 1985. Numerical analysis. PWS. Boston, US.

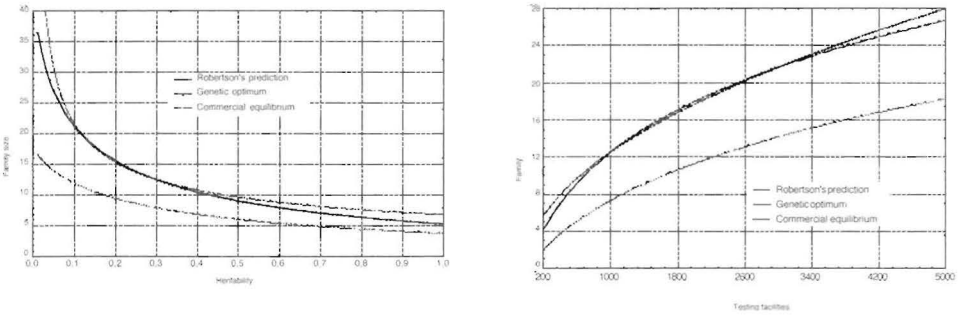


Figura 2. Óptimo genético, equilibrio comercial y predicción de Robertson en función de la heredabilidad y el cociente T/N

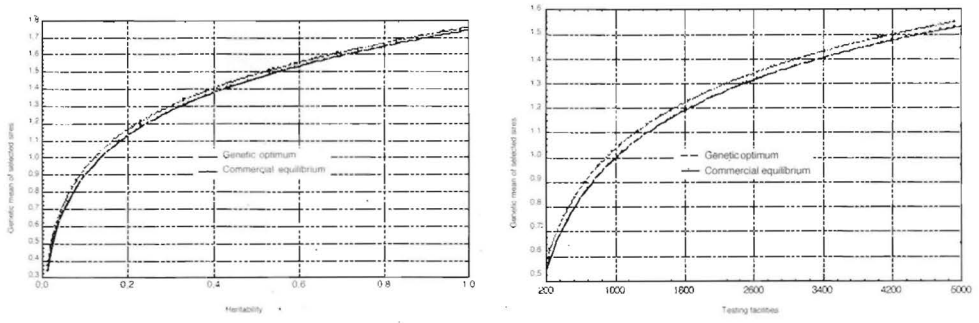


Figura 3. Progreso genético obtenido cuando las empresas respetan el óptimo genético o el equilibrio comercial

HILL WG., 1971. Investment appraisal for national breeding programs. Anim. Prod. 71, 37-50.

NASH J., 1951. Non-cooperative games. Ann. Math. 54, 286-295.

PRESS WH., FLANNERY BP., TEUKOLSKI SA. and VETTERLING WT., 1986. Numerical recipes: The art of scientific computing. Cambridge Univ. Press. Cambridge, UK .

RASMUSEN E., 1994. Games and information. An introduction to game theory. Blackwell, Oxford, UK.

ROBERTSON A., 1957. Optimum group size in progeny testing and family selection. Biometrics. 13, 442-450.

VON NEUMANN J. and MORGESTERN O., 1944. The theory of games in economic behavior. Wiley. New York.

ITEA (1998). Vol. 94A N.° 3, 279-289

ESTIMACIÓN BAYESIANA DE PARÁMETROS GENÉTICOS Y EFECTOS DE PROCEDENCIA DE CARACTERES DE CRECIMIENTO EN EUCALYPTUS NITENS

A. Fernández*
M.C. Rodríguez*
R. Ipinza**

* Departamento de Mejora Genética y Biotecnología, I.N.I.A.
Ctra. de La Coruña km 7, 28040 Madrid
España

** Instituto Forestal de Chile
Chile

RESUMEN

Se describe la aplicación de métodos Bayesianos para obtener inferencias sobre parámetros genéticos y valores mejorantes en *Eucalyptus nitens*. Los datos disponibles incluían registros de altura y diámetro de 14.590 árboles procedentes de 162 familias de polinización abierta y asignadas a 13 procedencias australianas. El ensayo se realizó en 4 regiones de Chile y los datos fueron corregidos para eliminar la heterogeneidad de varianzas entre bloques. En el análisis las matrices aditivas se construyeron asumiendo un 40% de autopolinización. Debido a la existencia de interacción genotipo x ambiente los datos procedentes del sitio IV (Vista Alegre) fueron eliminados de los análisis. Las medias posteriores de las heredabilidades para altura y diámetro y las correlaciones genéticas y fenotípicas fueron 0,149, 0,187, 0.820 y 0.832. Para ambos caracteres se detectaron diferencias en valores mejorantes entre procedencias y entre familias. Se analizó tambien el efecto de la estandarización de los datos sobre el ranking de los árboles.

Palabras clave: Eucalyptus nitens, Interacción genotipo x medio, Muestreo de Gibbs.

SUMMARY

BAYESIAN ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS AND PROVENANCE EFFECTS OF GROWTH TRAIS IN EUCALYPTUS NITENS

The application of a Bayesian procedure to obtain inferences about genetic parameters and breeding values for *Eucalyptus nitens* is described. An analysis with the standard restricted maximum likelihood/best linear unbiased prediction method was carried out to compare the results obtained with both methods. The data set consisted of 14.590 trees from 162 open pollinated families taken from 13 different Australian provenances. The trees are distributed over 4 sites in Chile. Data were corrected for heterogeneity of phenotypic variances between blocks. In the analysis, a self pollination rate of 40% for the open pollinated families is assumed in the relationship matrix. Data proceeding from site IV (Vista Alegre) was removed because the existence of

genotype x environment interaction. The posterior means of the heritabilities of height and diameter and the genetic and phenotypic correlation were 0,149, 0,187, 0,820 and 0,832. Differences in breeding value among provenances and among families were evidenced for both traits. The effect of data standardization by the estimated block phenotypic standard deviation on the overall genetic ranking of trees was also analyzed.

Key words: Eucalyptus nitens, Genotype x environment interaction, Gibbs sampling.

Introducción

En los últimos años se ha propuesto el uso de la metodología REML/BLUP en mejora genética forestal (WHITE y HODGE, 1989; BORRALHO, 1995) como alternativa a métodos tradicionales como la selección fenotípica o la basada en índices de selección. Sin embargo, este enfoque aún presenta algunos problemas que pueden ser minimizados con el uso de aproximaciones Bayesianas, especialmente cuando la información disponible es escasa, o la estructura genealógica no está bien definida.

En ciencia forestal existen ya algunos trabajos realizados con este enfoque (GREEN y STRAWDERMAN, 1996) pero su uso en programas de mejora no esta todavía muy extendido (SORIA y col., 1998). El presente artículo tiene como objetivo la aplicación de estas técnicas para el análisis genético de caracteres de crecimiento en cuatro ensayos de progenie y procedencias de *Eucalyptus nitens* localizados en la región VIII de Chile, usando un modelo bivariante individual.

Material y métodos

Los datos del presente estudio fueron recogidos por el Instituto Forestal de Chile (INFOR) para evaluar el crecimiento de 162 familias de polinización abierta de *Eucalyptus nitens*, procedentes del sudeste australiano, en distintas regiones de Chile. La colección de semillas involucradas en los ensayos fue adquirida al CSIRO, Australia, en los años 1987 y 1988 (cuadro 1) y asignadas a 13 procedencias distintas.

Los ensayos se establecieron en cuatro localidades del país, tres de ellas en la región VIII de Chile y la restante en la región X situada más al sur y con unas condiciones climáticas muy diferentes (cuadro 2).

Se empleó el diseño de "*bloques de familias compactas*" equivalente al de parcelas divididas ("*split splot*") en su distribución en el campo. En este esquema, la parcela principal estuvo compuesta por la procedencia, y dentro de ésta se distribuyeron al azar las progenies, representadas por parcelas de cuatro plantas en línea. Cada ensayo estuvo formado por 8-10 bloques rodeados por dos hileras perimetrales de plantas de aislación para minimizar el efecto de borde. La altura y el diámetro a la altura del pecho (1,3 m) fueron medidos en todos los árboles supervivientes a los 5 años de edad. Los datos disponibles se muestran en el cuadro 3.

Interacción Genotipo x Ambiente

La verificación de la no existencia de interacción genotipo x medio es un asunto de

CUADRO 1
ANTECEDENTES DE LA COLECCIÓN DE SEMILLAS DE *EUCALYPTUS NITENS*

Lugar de origen		N° Familias	Latitud (Sur)	Longitud (Oeste)	Altitud (NSNM)
1. Major Point Ebor	NSW	10	30° 25'	152° 25'	1.450
2. Barrington Tops	NSW	9	31° 55'	151° 30'	1.450
3. Tallaganda SF	NSW	5	35° 48'	149° 31'	1.280
4. Tallaganda SF	NSW	7	35° 48'	149° 31'	1.250
5. Tallaganda SF	NSW	11	35° 52'	149° 30'	1.105
6. Tallaganda SF	NSW	7	35° 52'	149° 28'	1.417
7. Anembo Tallaganda	NSW	5	35° 54'	149° 30'	1.300
8. Tallaganda	NSW	13	36° 00'	149° 54'	1.050
9. Brown Mt. Nimmitabel	NSW	11	36° 32'	149° 28'	1.000
10. Glenborg SF	NSW	9	36° 38'	149° 24'	1.050
11. Toorongo Plateau	VIC.	39	37° 47'	146° 16'	900
12. Toorongo Plateau	VIC.	16	37° 54'	146° 00'	1.000
13. Rubicon	VIC.	20	37° 18'	145° 49'	1.000

CUADRO 2
IDENTIFICACIÓN DE LOS ENSAYOS CONSIDERADOS EN LOS ANÁLISIS

Ensayo	Localización Región, Provincia, Comuna	Latitud Sur	Longitud Oeste	Fecha de establecimiento	N.° Progenies
1. El Durazno	VIII R, Ñuble, San Carlos	36° 26'	71° 35'	ago. 91	1.957
2. San Lorenzo	VIII R, Bio Bio, Sta. Barbara	37° 30'	71° 45'	jul. 90	3.259
3. El Morro	VIII R, Bio Bio, Mulchén	37° 55'	72° 00'	jul. 90	4.485
4. Vista Alegre	X R, Valdivia, Mafil	39° 60'	72° 50'	jul. 90	4.889

gran importancia en mejora forestal debido a la peculiar estructura de los ensayos forestales. En nuestro estudio se emplearon dos métodos de análisis preliminares para examinar la importancia de la interacción procedencia por sitio.

Componentes de Varianza

Para cada uno de los caracteres registrados se realizó un análisis de varianza y se calculó la proporción de la varianza total representada por cada fuente de variación. El modelo empleado fue:

$$Y_{ijklm} = P_i + F_{j(i)} + S_k + B_{l(k)} + PS_{ik} + PB_{il(k)} + e_{ijklm}$$

donde Y_{ijklm} es la altura o diámetro del árbol m^{th} de la familia j^{th} de la i^{th} procedencia creciendo en el bloque l^{th} del sitio k^{th}; P_i es el efecto de la i^{th} procedencia; $F_{j(i)}$ es el

efecto de la familia j^{th} dentro de la procedencia i^{th}; S_k es el efecto del k^{th} sitio; $B_{l(k)}$ es el efecto del bloque l^{th} dentro del sitio k^{th}; PS_{ik} es el efecto de la interacción de la procedencia i^{th} y el sitio k^{th}; $PB_{il(k)}$ es el efecto de la interacción de la procedencia i^{th} del bloque l^{th} dentro del sitio k^{th} y e_{ijklm} es el error aleatorio asociado al dato $ijklm^{th}$. La esperanza de los cuadrados medios (EMS) fue calculada utilizando el procedimiento GLM del SAS (SAS INSTITUTE INC., 1988).

En los programas de mejora, uno de los criterios que se siguen para despreciar el efecto de la interacción, cuando ésta ha sido significativa, es el indicado por SHELBOURNE (1972). Este autor sugirió que cuando el componente de varianza debido a la interacción es menor a la mitad del debido al genotipo ($\sigma^2_{GXE}/\sigma^2_G < 0,5$), la interacción genotipo x ambiente carece de significación práctica.

Correlaciones genéticas

Otro de los criterios seguidos para estudiar la importancia de la interacción es el valor de las correlaciones genéticas entre un mismo carácter medido en varios sitios. Éstas fueron estimadas con el programa VCE (GROENEVELD, 1998). JOHNSON y BURDÓN (1990) y WOOLASTON y col., (1990) dan como valor umbral 0,8, por encima del cual la interacción genotipo x medio puede despreciarse.

Estandarización de los datos

La heterogeneidad de varianza entre bloques fue corregida para los dos caracteres registrados, mediante una estima de la desviación estándar dentro de grupos:

$$y^*_{ij} = y_i + \sigma_B \, (y_{ij} - y_i) / s_i$$

donde y_{ij} es la observación individual del árbol j^{th} en el bloque i^{th}, y_i es la media del carácter en el bloque i^{th}, s_i es una estima de la desviación estándar dentro de bloques obtenida usando un procedimiento empírico Bayesiano que combina la información de los datos de cada bloque con la información *a priori* del resto de los bloques (WEIGEL y GIANOLA, 1993) y σ_b es la desviación estándar base correspondiente a cada carácter y región. Ésta se definió como la desviación estándar media del bloque, es decir, valores de 2,07m (altura) y 2,88 cm (diámetro).

CUADRO 3
REGISTROS DISPONIBLES EN LA BASE DE DATOS

	Todos los sitios	Excluido sitio 4
Nº Árboles con dato (n)	14.590	9.701
Nº Familias	162	162
Nº Árboles en pedigrí (n_u)	14.752	9.863
Nº Procedencias	13	13
Media Altura (s.d.), m	8,213 (2,643)	7,995 (2,696)
Media Diámetro (s.d.), cm	8,602 (3,358)	8,361 (3,386)

Las desviaciones estándar medias de los bloques después de la transformación de los datos fueron de 2,02 m y 2,83 cm para la altura y el diámetro, respectivamente. Aunque la heterogeneidad de varianzas de ambos caracteres se redujo considerablemente después de la transformación, el test de Barlett siguió siendo significativo para ambos caracteres. Actualmente se están estudiando nuevos métodos de corrección de la heterogeneidad de varianzas.

Modelo

La evaluación genética de los árboles se realizó siguiendo el modelo mixto bivariante:

$$y = X\beta + Z u + e$$

donde y es la matriz de observaciones (altura y diámetro) de orden n x 2, X y Z son matrices de incidencia conocidas que relacionan y con los efectos fijos β y aleatorios u, respectivamente; β es una matriz p x 2 de los efectos fijos que incluyen la media y el efecto de bloque; $u = [u_1, u_2]$ es una matriz n_u x 2 de efectos genéticos aditivos; $e = [e_1, e_2]$ es una matriz n x 2 de efectos residuales. Las distribuciones asumidas en este modelo que consideran las procedencias como grupos genéticos fueron:

$$u|\Sigma_u, A, Q, g \sim N(Qg, A \otimes \Sigma_u),$$
$$e|\Sigma_e \sim N(0, I \otimes \Sigma_e)$$

donde A es la matriz de relaciones aditivas; Q es una matriz n_u x 13 cuyos elementos q_{ij} representan la proporción de genes del árbol i derivados de cada procedencia j; g es una matriz 13 x 2 de los efectos de las procedencias para ambos caracteres (QUAAS, 1988) y Σ_u y Σ_e son las matrices de (co)varianzas de los efectos genéticos aditivos y residuales.

Un aspecto fundamental de los programas de mejora genética vegetal que implican polinización abierta es el desconocimiento de los padres. En Eucalyptus existe una complicación adicional debido a la existencia de autopolinización parcial. En las evaluaciones genéticas clásicas (REML/BLUP), las matrices de relaciones aditivas A se construyen asumiendo una estructura familiar de medios hermanos. Posteriormente las estimas de heredabilidad se ajustan para considerar la tasa de autopolinización (s) (BORRALHO, 1995)

$$h^2 = 0{,}25h_o^2 / (a - 0{,}25Fh_o^2)$$

siendo $F = 0{,}5s$, h_o^2 la heredabilidad obtenida en el análisis REML y a las relaciones aditivas medias entre los árboles

$$a = s^2 + 2s(1 - s)0{,}5 + (1 - s)^2 0{,}25$$

En el presente análisis, las matrices aditivas se construyeron teniendo en cuenta una tasa de autopolinización del 40%, según PÉREZ-ENCISO y FERNANDO (1992), de forma que fue considerada tanto en la estimación de los parámetros como en la evaluación de los individuos.

Para el análisis bayesiano se siguió la metodología propuesta por SORENSEN y col. (1994) y extendida a modelos bivariantes usando una generalización multivariante de la distribución χ^2 (distribución Whishart) por VARONA y col. (1994). Tanto para los efectos fijos como para los componentes de varianza se emplearon distribuciones *a priori* planas.

En el muestreo de Gibbs se realizaron 506.000 iteraciones, descartándose las 6.000 primeras y un intervalo de muestreo de 1/50 salvándose, por tanto, 10.000

muestras de cada parámetro de interés. Para el análisis post-Gibbs se estimaron los perfiles de las distribuciones marginales con estimadores tipo *kernel* (SILVERMAN, 1986). Los análisis se efectuaron sobre una submuestra de 1.000 puntos (uno de cada 10) de la muestra de Gibbs.

Los análisis se realizaron con los datos estandarizados y sin estandarizar para evaluar el impacto de la transformación en la predicción de los valores mejorantes y sus implicaciones en la posible selección. Éstos, a su vez, se compararon con los resultados obtenidos con la metodología REML/BLUP para los que se utilizaron los programas de estimas de componentes de varianza VCE (GROENEVELD, 1994) y de evaluación genética PEST (GROENEVELD y col., 1990)

Resultados y discusión

Interacción Genotipo x Ambiente

Las varianzas de la interacción procedencia por sitio fueron muy significativas para ambos caracteres estandarizados, siendo la proporción de dicha varianza respecto a la varianza total del 1,5% y 1,4% para altura y diámetro, respectivamente. De acuerdo con el criterio propuesto por SHELBOURNE (1972) la interacción no puede descartarse en este estudio. Si bien para la altura el valor de $\sigma^2_{PXS}/\sigma^2_P$ fue 0,312, para el diámetro este valor fue 0,837, superior al umbral de 0,5. En los datos sin estandarizar, el efecto de la interacción fue todavía mayor (0,474 para altura y 1,017 para diámetro).

Las correlaciones genéticas entre los distintos sitios para ambos caracteres se presentan en los cuadros 4 y 5.

Las correlaciones entre los sitios El Durazno, San Lorenzo y El Morro (situados en la VIII Región de Chile) son mayores al valor umbral definido por JOHNSON y BURDÓN (1990) y WOOLASTON y col. (1990), mientras que entre estos sitios y Vista Alegre (situado en la X Región) son menores.

Según estos resultados procedimos a realizar el análisis de varianza descrito anteriormente excluyendo el sitio Vista Alegre del mismo y el efecto de la interacción perdió importancia (σ^2_{PXS} / σ^2_P = 0,093 y 0,334 para altura y diámetro respectivamente).

A efectos prácticos habría que utilizar un modelo multicarácter considerando los datos de este sitio como caracteres distintos a los del resto de los sitios, sin embargo debido a la poca información de la que disponemos se optó por descartar los datos de Vista Alegre en los análisis subsiguientes.

Estandarización de los datos

La influencia de la estandarización de los datos en la evaluación genética se muestra en el cuadro 6. Las estimas de los coeficientes de correlación entre las medias posteriores de los valores genéticos obtenidas con los datos sin tipificar y tipificados para las procedencias, familias y árboles fueron muy altas (1,000, 0,997 y 0,997 para altura y 0,984, 0,995 y 0,996 para diámetro, respectivamente). Se observaron cambios muy pequeños en el ranking de las procedencias, familias y en el conjunto de los árboles. IBAÑEZ y col. (1996) demostraron que las predicciones de los valores mejorantes de los datos individuales en bloques con mayor / menor varianzas se espera que disminuyan / incrementen cuando se realiza la estandarización de las varianzas fenotípicas.

CUADRO 4
CORRELACIONES GENÉTICAS ADITIVAS (ERRORES TÍPICOS) ENTRE ALTURA EN DIFERENTES SITIOS

	El Durazno	San Lorenzo	El Morro
San Lorenzo	0,958 (0,056)		
El Morro	0,800 (0,087)	0,872 (0,059)	
Vista Alegre	0,672 (0,100)	0,778 (0,068)	0,691 (0,077)

CUADRO 5
CORRELACIONES GENÉTICAS ADITIVAS (ERRORES TÍPICOS) ENTRE DIÁMETRO EN DIFERENTES SITIOS

	El Durazno	San Lorenzo	El Morro
San Lorenzo	0,795 (0,089)		
El Morro	0,846 (0,066)	0,926 (0,049)	
Vista Alegre	0,766 (0,085)	0,756 (0,074)	0,708 (0,062)

CUADRO 6
PRINCIPALES ESTADÍSTICOS DEL CAMBIO EN RANKING GENÉTICO CUANDO LOS VALORES MEJORANTES PREDICHOS SON ESTIMADOS CON DATOS SIN ESTANDARIZAR Y ESTANDARIZADOS
(Q^1, Q^2 ,Q^3 = PERCENTILES 25, 50 Y 75, R = CORRELACIÓN DE SPEARMAN)

	Media	Moda	Q^1	Q^2	Q^3	Min. Max.	r
Altura							
Procedencias	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,0	1,000
Familias	0,00	1,00	-2,25	0,00	2,00	-10,10	0,997
Árboles	0,00	-9,00	-120,00	4,00	122,00	-1162,1161	0,997
100 mejores	34,07	N.U.	-3,00	32,50	74,00	-85,204	0,340
Diámetro							
Procedencias	0,00	0,00	-0,50	0,00	0,50	-1,1	0,984
Familias	0,00	1,00	-2,00	0,00	2,25	-16,17	0,995
Árboles	0,00	-24,00	-140,00	6,00	154,00	-1354,1046	0,996
100 mejores	25,02	N.U.	-12,00	9,50	63,75	-66,171	0,553

N.U.: No única.

El efecto más importante de la estandarización de los datos se observó al analizar el mérito genético de los mejores árboles y, por tanto, de los candidatos a la selección (correlaciones de 0,340 y 0,553 para altura y diámetro respectivamente). La comparación de las dos listas de los valores mejorantes de los 100 mejores árboles predichos por ambos métodos, muestra que sólo el 63% (Altura) y el 71% (Diámetro) de éstos están presentes en ambos catálogos. Para un programa de mejora, los cambios en el ranking genético son de particular relevancia si coinciden con diferencias en la superioridad genética de los individuos seleccionados.

Parámetros Genéticos

En la figura 1 se muestran las distribuciones marginales posteriores de los parámetros de interés (heredabilidades y correlaciones) obtenidas con los datos estandarizados. También se incluye un resumen de los principales estadísticos de dichas distribuciones, así como las estimas puntuales obtenidas con REML y ajustadas a una tasa de polinización del 40%.

Una de las principales limitaciones de las estimas REML de (co)varianzas es que su distribución no es conocida. Sin embargo con los métodos bayesianos el conocimiento de las distribuciones posteriores de los parámetros permite la construcción de intervalos de confianza. Los intervalos del 95% de mayor densidad posterior son los intervalos de confianza más usuales y fueron calculados para todos los parámetros analizados. Para casi todos ellos las distribuciones fueron asimétricas.

Como cabría esperar al emplear distribuciones *a priori* planas, las estimas REML fueron muy parecidas a las modas posterio-

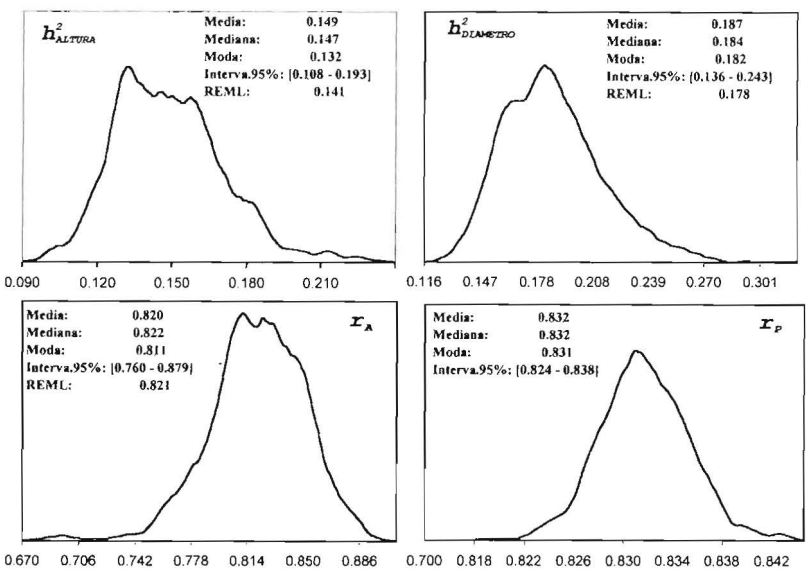


Figura 1. Distribuciones marginales posteriores de las heredabilidades de la altura (h^2_{ALTURA}) y diámetro ($h^2_{DIAMETRO}$) y de la correlaciones genéticas (r_A) y fenotípicas (r_P).

res obtenidas usando técnicas Bayesianas. Además fueron semejantes a las encontradas en la bibliografía (IPINZA y col., 1997).

Efectos de las procedencias y valores mejorantes de las familias

En el análisis bayesiano las procedencias fueron incluidas en el pedigrí como padres fantasmas en vez de incluirlas como efectos fijos en el modelo de evaluación. Los valores de la media y desviaciones estándar de las correspondientes distribuciones marginales de los efectos de las procedencias australianas se presentan en el cuadro 7.

Los efectos de las procedencias en ambos caracteres se calcularon como la diferencia en valores genéticos en relación a la procedencia Toorongo Plateau (11) de Australia, considerada la población base al ser la más representada por el mayor número de familias (39).

No se observaron grandes diferencias entre las estimas puntuales de los efectos de las procedencias obtenidas por REML/-BLUP y aquellas obtenidas por el método Bayesiano.

Las medias posteriores de los valores mejorantes de las familias Australianas oscilaron entre los valores extremos: -2,974 a 1,424 m (altura) y -3,532 a 2,374 cm (diámetro). Las desviaciones estándar posteriores de estas familias variaron de 0,254 a 0,448 m (altura) y de 0,381 a 0,672 cm (diámetro). Estos valores indican la diferente información disponible de las familias de cada procedencia, de manera que los efectos de las procedencia 3 (Tallaganda SF) y 7 (Anembo Tallaganda), con sólo 5 familias y 200 datos de árboles y 5 familias y 325 datos de árboles respectivamente,

CUADRO 7
MEDIA Y DESVIACIÓN ESTÁNDAR DE LAS DISTRIBUCIONES POSTERIORES DE LOS EFECTOS DE LAS PROCEDENCIAS AUSTRALIANAS Y ESTIMAS BLUP PARA ALTURA Y DIÁMETRO

	Altura			Diámetro		
	Media (s.d.)		BLUP	Media (s.d.)		BLUP
Procedencia						
1.Major Point Ebor	-1,712	(0,188)	-1,665	-1,593	(0,302)	-1,542
2.Barrigton Tops	-0,826	(0,199)	-0,803	-0,038	(0,312)	-0,010
3.Tallaganda SF	-1,233	(0,261)	-1,210	-0,976	(0,401)	-0,957
4.Tallaganda SF	-1,647	(0,226)	-1,586	-1,194	(0,364)	-1,110
5.Tallaganda SF	-1,422	(0,179)	-1,376	-1,412	(0,296)	-1,361
6.Tallaganda SF	-1,297	(0,207)	-1,270	-1,082	(0,327)	-1,049
7.Anembo Tallaganda	-1,311	(0,255)	-1,277	-1,008	(0,410)	-0,959
8.Tallaganda	-1,262	(0,176)	-1,214	-0,907	(0,279)	-0,910
9.Brown Mt. Nimmitabel	-1,594	(0,185)	-1,546	-1,285	(0,292)	-1,230
10.Glenborg SF	-1,386	(0,201)	-1,319	-1,056	(0,314)	-0,951
11.Toorongo Plateau	0,000	–	0,000	0,000	–	0,000
12.Toorongo Plateau	-0,300	(0,165)	-0,276	-0,410	(0,253)	-0,385
13.Rubicon	0,602	(0,148)	0,653	0,980	(0,225)	1,049

CUADRO 8
PRINCIPALES ESTADÍSTICOS DEL CAMBIO EN RANKING GENÉTICO CUANDO LOS VALORES MEJORANTES PREDICHOS SON ESTIMADOS CON BLUP O TÉCNICAS BAYESIANAS
(Q^1, Q^2 ,Q^3 = PERCENTILES 25, 50 Y 75, r= CORRELACIÓN DE SPEARMAN)

	Media	Moda	Q^1	Q^2	Q^3	Min. , Max.	*r*
Altura							
Procedencias	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,0	1,000
Familias	0,00	0,00	-2,25	0,00	1,00	-9,17	0,995
Árboles	0,00	0,00	-84,00	9,00	103,00	-919,2973	0,998
100 mejores	2,48	0,00	-7,00	1,50	10,00	-31,55	0,878
Diámetro							
Procedencias	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	-2,1	0,984
Familias	0,00	-1,00	-3,00	-1,00	2,00	-11,16	0,996
Árboles	0,00	1,73	-95,00	11,00	112,00	-3676,1369	0,998
100 mejores	2,09	0,00	-5,75	0,00	7,00	-26,80	0,934

son las estimadas con mayor error, mientras que la procedencia 13 (Rubicon) con 20 familias y 1.047 registros es la estimada con mayor precisión (excluida la procedencia 11. Toorongo Plateau con 39 familias y 2.493 registros considerada, por este motivo, como referencia).

Evaluación BLUP vs. Muestreo de Gibbs

En la comparación entre los ranking de las procedencias y valores mejorantes de las familias y árboles obtenidos por BLUP y muestreo de Gibbs, las diferencias fueron insignificantes (cuadro 8).

En consecuencia, el impacto de la técnica de evaluación genética es muy poco importante tanto para las familias (para la mitad de las familias el cambio en posición es menor a 3) como para el caso del ranking de los 100 mejores árboles (solo 8 para la altura y 5 para el diámetro serían seleccionados por técnicas bayesianas y no estarían presentes si se seleccionara por el mérito genético estimado vía BLUP). La respuesta a la selección, por tanto, no estaría muy condicionada por el método de estimación siendo, las diferencias de la media de los valores mejorantes de los 100 árboles seleccionados estimados vía Gibbs y REML/BLUP triviales.

Los resultados obtenidos confirman la aplicabilidad de las técnicas de modelos mixtos al análisis de datos forestales y evidencian, en nuestra opinión, la riqueza de información que proporcionan las técnicas bayesianas y las ventajas que su futura aplicación en programas de mejora de Eucalyptus podrían conllevar.

Bibliografía

BORRALHO N.M.G., 1995. Prooc. of the CRC-IUFRO Conference on Eucalypt Plantations: Improving

Fibre yield and Quality, 19-24 Feb. 1995. Australia.

GREEN E.J. y STRAWDERMAN W.E., 1996. For. Sci. 42. 456-464.

GROENEVELD E., 1990. Programa PEST.Prooc. 4th World Congress of Genetic Applied to Livestock Production, Edinburgh, vol. XII. 488-491.

GROENEVELD E., 1998. Programa VCE versión 4.2 para SunOS.

IBAÑÉZ M., CARABAÑO M.J., FOULLEY J.L. y ALENDA R., 1996. Livest. Prod. Sci. 45, 137-147.

IPINZA R., GUTIÉRREZ B. y MOLINA M., 1997. IUFRO Conference Modelling Growth of Fast_Grown Tree Specie. 3-5 Sep. 1997. Valdivia-Chile.

JOHNSON G.R., y BURDON R.D., 1990. Silvae Genetica 39, 55-62.

PÉREZ-ENCISO M., y FERNANDO R.L., 1992. Theor. Appl. Genet. 84, 173-179.

QUAAS R.L., 1988. Journal of Dairy Science 71. 1.338-1.345.

SAS, 1990., SAS/ETS versión 6. Sas Institute Inc. Cary, NC. USA.

SHELBOURNE C.J.A., 1972. Prooc. IUFRO Genetics-SABRAO Joint Symposia. Japan, Tokyo. 59-65.

SILVERMAN B.W., 1986. Density estimation for statistics and data analysis. Chapman and Hall.

SORENSEN D., WANG C.S., JENSEN J. y GIANOLA D., 1994. Genet. Sel. Evol. 26, 333-360.

SORIA F., BASURCO F., TOVAL G., SILIÓ L., RODRÍGUEZ M.C., y TORO T., 1998. Canadian Journal of Forest Research (en prensa).

VARONA L., MORENO C., GARCIA-CORTÉS L.A. y ALTARRIBA J., 1994. Rev. Portug. Zootec. 1, 185-195.

WEIGEL K.A. y GIANOLA D., 1993. J. Dairy Sci. 76, 1.445-1.465.

WHITE T.L. y HOGGE G. 1989. Predicting breeding values with applications in forest tree improvement. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht. The Netherlands.

WOOLASTON R.R., KANOWSKY P.J. y NIKLES D.G. 1990. Silvae Genetica 39, 21-28.

ITEA (1998). Vol. **94A N.° 3,** 290-296

MEJORA GENÉTICA DEL PINO RADIATA (PINUS RADIATA D.DON) EN EL PAÍS VASCO

S. Espinel
A. Aragonés

AZTI-CIMA
Apdo. 46
01080 Vitoria-Gasteiz

España

RESUMEN

Se expone brevemente la metodología empleada en el programa de mejora de pino radiata en el País Vasco y se comentan algunos resultados obtenidos en los diferentes ensayos de campo asociados al programa, en especial los referentes a ciertos parámetros genéticos.

Palabras clave: Pino radiata, Mejora genética, Parámetros genéticos.

SUMMARY
RADIATA PINE BREEDING PROGRAM IN BASQUE COUNTRY

Methodology of radiata pine breeding program in Basque Country are briefly exposed. Some results concerning genetic parameters of the species are also discuted.

Key words: Radiata pine, Breeding program, Genetic parameters.

Introducción

A pesar de que las masas de *Pinus radiata* de la Comunidad Autónoma Vasca (CAV), se pueden catalogar entre los bosques más productivos de Europa, son susceptibles de mejora. En efecto, la producción media del bosque de pino radiata en la Cornisa Cantábrica ronda los 13 m^3/ha/año, mientras que en otros países (Chile, Nueva Zelanda) puede alcanzar valores medios superiores a los 25 m^3/ha/año. Teniendo en cuenta la diferencia entre las condiciones naturales y socioeconómicas de la CAV y de los países citados; una cifra factible en cuanto a la producción en nuestro ámbito sería de 15-18 m^3/ha/año. Buena parte de este incremento se podría conseguir mediante la mejora genética de la especie.

En la actualidad, la especie ocupa unas 150.000 has en la CAV y produce una media anual de 1.500.000 metros cúbicos de madera lo que supone el 15% de la producción maderera de España. Desde 1984 se lleva a cabo un Programa de mejora genética con el objetivo principal de aumentar su rendimiento en madera. En 1998 se ha ampliado el objetivo inicial con la creación de líneas resistentes a un hongo patógeno llamado *Diplodia pinea* Desm. (Kirxck).

Los programas de mejora genética forestales tienen una serie de particularidades que merece la pena destacar.

– Los árboles tienen largos ciclos generativos. En el caso de pino radiata, el aprovechamiento de la madera se hace cuando el árbol ha alcanzado 30-35 años mientras que en otras especies como el haya o roble hay que esperar 100-120 años. Los resultados de la mejora muchas veces no son observables en un ciclo de vida humano, por lo que es necesario la continuidad del trabajo a lo largo de varias generaciones de mejoradores.

Debido a estos largos ciclos, los objetivos iniciales del Programa pueden no ser de interés al cabo de cierto tiempo. Un claro ejemplo de esta circunstancia fueron los programas de mejora en ciertas especies de coníferas de EE.UU. enfocados a la producción papelera cuando la actual demanda es para madera de sierra. Además, las correlaciones juvenil-adulto, especialmente en lo que respecta a las características del crecimiento, no suelen ser satisfactorias. Esto requiere efectuar ensayos durante un número considerable de años antes de que se estime con precisión la tasa potencial de crecimiento de un determinado genotipo. Las correlaciones juvenil-adulto son poco claras para el crecimiento, y derivan del hecho de que los diferentes árboles poseen distintas curvas de crecimiento. Algunos inician el crecimiento y maduran rápidamente, seguidos de un retardo en su crecimiento, mientras que otros lo inician lentamente pero crecen a una tasa constante durante un largo periodo de tiempo.

– El tamaño de los árboles también crea problemas en los procesos de medición, cruzamientos y recolección de semillas. Otro aspecto con el tamaño es encontrar áreas adecuadas para "almacenar" el material genético y para realizar ensayos.

– Como aspecto positivo, las especies forestales muestran en general una gran variabilidad genética por lo que los programas de mejora suelen ser viables en la mayoría de los casos. Esto es especialmente cierto en el caso de características de adaptabilidad y resistencias a plagas y enfermedades (ZOBEL, 1984).

Metodología

La metodología del Programa de Mejora Genética del pino radiata es muy similar a las que se aplican en muchos programas de mejora forestales. A continuación se detallan las fases más importantes:

a) Selección de mejorantes (árboles plus).

Originariamente el proceso de selección se planteó siguiendo un procedimiento muy estricto: los árboles candidatos debían tener un 20% y 10% de superioridad en diámetro y en altura respectivamente en relación a los cuatro mejores individuos del rodal. Además debían tener buen porte, rama de pequeño diámetro e insertada perpendicularmente en el tronco, una guía definida y vigorosa, y no padecer enfermedad o plaga alguna. Básicamente, estas condiciones se cumplen en los 82 árboles seleccionados hasta el día de hoy. En algún caso se han primado más las características relacionadas con la forma del árbol que con el crecimiento.

La cantidad de árboles seleccionados ha venido determinada en gran medida por la capacidad operativa del personal existente pudiéndose establecer que la aparición de un árbol plus supone 5 ó 6 días de búsqueda por dos personas, en las condiciones del

pino radiata en el País Vasco: masas coetáneas , buena red de pistas forestales aunque impracticables en época de lluvias intensas, falta de continuidad en los rodales (distribución en mosaico), etc. La selección de árboles plus se centró en pinares de más de 20 años y por término medio apareció un árbol plus cada 150 ha lo que supone una selección cada 40.000 individuos. El proceso de selección ha sido continuo desde el año 1986 y a medida que van apareciendo nuevos árboles, se van incorporando al programa de mejora hasta llegar a una cifra de 150, que se considera óptima para la población a mejorar (Burdon com. pers.).

b) Huertos Semilleros.

Un huerto semillero por definición es una plantación de clones o de progenies seleccionadas y que se maneja para producir frecuentes cosechas de semillas, abundantes y fácilmente aprovechables. Las semillas pueden producirse mediante polinizaciones controladas o mediante polinización libre entre las plantas presentes.

La propagación vegetativa de los árboles plus (clones) se realizó principalmente mediante injerto de yema terminal. En 1987, se instaló un huerto semillero de polinización controlada en Llodio (Álava) con 60 árboles y 18 clones/árbol.

En este huerto se han tenido que poner a punto ciertas técnicas complementarias para la realización de las polinizaciones controladas. En el año 1994 se empezó a combinar la polinización con aislamiento de flor femenina con la polinización en fase acuosa con 3% peso de polen/agua sin aislamiento previo de la flor, siguiendo la metodología descrita por SWEET *et al.* (1995). La semilla producida con aislamiento de flor femenina se utiliza para la instalación de ensayos de progenie mientras que la obtenida en fase acuosa se emplea para la obtención de plantas madre que produzcan estaquillas juveniles. La producción combinada con ambas técnicas no supera 1 kg/ha de semilla al año.

En 1996 se acabó de instalar un huerto semillero de polinización abierta en Laukiniz (Bizkaia) con 49 árboles y 25 clones/árbol en bloques completos al azar con una superficie de 2,5 ha. Según el conteo de flores femeninas realizado en 1996 y 1997, las producciones previstas para el año 1998 y 1999 serán 22.500 y 200.000 semillas para el total del huerto. Se espera una producción máxima hacia el año 2003 con 600.000 semillas.

Ese mismo año, se empezó con la instalación de un huerto semillero de polinización abierta en Karrantza (Bizkaia) formado por 36 árboles y 120 clones/árbol dispuestos así mismo en bloques completos al azar y con una superficie prevista de 20 ha. Se prevé su finalización en 1999.

c) Parcelas de ensayo.

Las parcelas de ensayo ligadas a un programa de mejora forestal se instalan básicamente para estimar dos características de la población, por un lado la existencia y comportamiento de las procedencias y por otro las características genéticas de la población a mejorar:

Ensayos de procedencias. Debido a la gran variabilidad genética existente en las especies forestales, existen en general varios orígenes dentro de especie que sin llegar a tener categoría taxonómica, sí lo tienen a nivel genético. Estas variaciones genéticas reciben el nombre de "procedencias", y tal como asevera ZOBEL (1984): "Las ganancias mayores, más fáciles y más rápidas en la mayoría de los programas de mejora genética forestal, se obtienen asegu-

rando el uso de la procedencia adecuada dentro de la especie".

En el caso del pino radiata, existen cinco procedencias o razas locales, cada una con diferentes comportamientos en lo referente a crecimientos, forma, adaptabilidad y resistencia a plagas y enfermedades (Ver cuadro 1). La forma clásica de estudiar la existencia de procedencias en las especies forestales es la instalación de parcelas de ensayo y estudiar el comportamiento de dichas procedencias en campo con el objeto de establecer diferencias entre las mismas respecto a características interesantes para el mejorador. Como ocurre con todas las parcelas de ensayo en las que están involucradas especies forestales, la edad para determinar éstas desde un punto de vista comercial, suele ser un tercio de la edad aprovechable que en caso del pino radiata es de 10 años. Con el advenimiento de las técnicas de biología molecular, en la actualidad es posible la caracterización de las procedencias y su grado de divergencia genética en periodos mucho más cortos (ARAGONÉS *et al.*, 1997).

Ensayos de progenie. Se instalan para determinar la calidad genética de los árbo-

CUADRO 1
COMPORTAMIENTO RELATIVO DE LAS PROCEDENCIAS NATURALES Y DE LAS POBLACIONES LOCALES Y MEJORADAS EN DIFERENTES PAÍSES

CHILE Población	Crecim.	% Arboles rectos	% Arboles rama peq.	% Arboles guía def.
Año Nuevo	*	**	**	**
Monterrey	**	**	*	*
Cambria	**	****	-	***
Población local	***	*	***	****
Población mejorada	****	***	****	***

*: Malo, **: Normal, ***: Bueno, ****: Muy bueno
Fuente: JAYAWICKRAMA K.J.S.y BALOCCHI C., 1993.

SUDAFRICA Población	Forma	Resistencia áfido (1)	Altura	Volumen
Año Nuevo	**	****	*	*
Monterrey	*	**	**	***
Cambria	*	*	*	**
Población local	***	***	***	****
Población mejorada	****	****	****	****

(1) Pineus pini MACQUART
Fuente: FALKENHAGEN E.R., 1991.

NUEVA ZELANDA

Población	Resist. frío	Resist. *Dothis.*	Resist. *Diplod.*	Resist. *Cyclae.*	Forma	%Cort.	Ramas
Año Nuevo	***	***	***	**	*	**	*
Monterrey	**	***	***	***	**	***	***
Cambria	*	*	*	*	***	*	***

(1) Diplod.= *Diplodia pinea*
(2) Dothis.= *Dothistroma pini*
(3) Cyclae.= *Cyclaneusma minus*
Fuente: BURDON R.D. *et al.*, 1992.

les seleccionados y para estimar una serie de características genéticas fundamentales: herabilidades de los caracteres a mejorar , correlaciones genéticas entre dichos caracteres y correlaciones genotipo-ambiente.

En los estudios de la progenie en el mundo forestal suele utilizarse los medio hermanos (half-sibs) dada la imposibildad en la mayoría de los casos de realizar cruzamientos controlados. La instalación en campo de este tipo de ensayos sigue unos diseños estadísticos muy sencillos, siendo el más frecuente el de bloques completos al azar. La recomendación general es que los bloques sean del menor tamaño y con las máximas repeticiones posibles para minimizar el efecto ambiental. Es asimismo recomendable la instalación de varios ensayos de progenie en difrentes lugares para la estimación de la relación genotipo-ambiente y para asegurarse la pervivencia de los ensayos, pues no hay que olvidar que éstos tienen que permanecer durante mucho tiempo expuestos a diferentes riesgos naturales y antrópicos (fuegos, plagas etc.).

En el País Vasco existen tres ensayos de progenie con las siguientes características:

– Ensayo de Progenie de Luyando.
Año de plantación: 1989.
Superficie: 1,5 has.
Familias: 28.
Diseño: 31 bloques completos al azar.

Las 28 familias están formadas por medio-hermanos (half-sibs) procedentes de polinizaciones libres de otros tantos árboles plus.

– Ensayo de Progenie de Llodio.
Año de Plantación: 1990.
Superficie: 0,3 has.
Familias: 15 y un control.
Diseño: 15 bloques completos al azar.

Las reducidas dimensiones de esta parcela y sobre todo su fácil acceso permiten realizar una serie de medidas suplementarias: fenología, crecimientos en primavera y otoño, pautas de ramificación, etc.

– Ensayo de Progenie de Orozko.
Año de Plantación: 1992.
Superficie: 3 has,
Familias : 36 y cuatro controles.
Diseño: 50 bloques completos al azar.

Resultados

De los ensayos de progenie instalados dentro del programa de mejora genética se han obtenido las siguientes estimaciones:

- *Heredabilidades*

Rasgo	Ensayo de Orozko	Ensayo de Luyando
Altura	0.15	0.20
Diámetro	0.17	0.22
Rectitud	0.02	0.04
Diámetro de rama	0.03	0.14
Angulo de rama	0.09	0.15
Resistencia a Diplodia Pinea	0.21	

Las heredabilidades de las características de crecimiento son moderadas en ámbos ensayos. Estos valores son muy similares a los obtenidos en otros programas de mejora realizados en Nueva Zelanda y Australia con la misma especie (ver cuadro 2). Es destacable la moderada heredabilidad estimada para la resistencia a una plaga que provoca grandes pérdidas económicas en el País Vasco.

Las características de forma tienen herabilidades bajas y diferentes según el ensayo. Esto puede deberse a dos causas. En primer lugar, la estimación de características de forma se realiza mediante una puntuación subjetiva, así para troncos muy rectos se asignan 6 puntos, mientras que para troncos muy torcidos se le asigna 1 punto y de igual manera para el resto de características de forma. Esta forma de actuar hace que las variables no se distribuyan de manera normal y las estimaciones de los componentes de la varianza queden sesgadas. Otra posible explicación de estos valores tan bajos puede ser la adaptabilidad de los pinos del País Vasco a condiciones adversas (nieve, suelos con gran pendiente) con

CUADRO 2
DATOS DE HEREDABILIDADES EN LOS ESTUDIOS REALIZADOS EN AUSTRALIA Y NUEVA ZELANDA

	Altura del fuste	Diámetro normal	Rectitud del fuste	Calidad (*) de rama
Australia				
COTT. & ZED.(1980)	0,29	0,18	0,21	0,22
DEAN *et al.*(1983)	0,16	0,23	0,21	0,18
MATH. & RAY(1984)	0,19	0,18	0,38	0,44
Nueva Zelanda				
BANNISTER. (1968)	0,18	0,13	0,42	–
SHEL *et al.*(1972)	–	0,15	0,12	0,21
WILC. *et al.*(1975)	0,18	0,25	0,14	–
SHEL. & LO.(1980)	–	0,19	0,17	0,28
BURD. *et al.*(1983)	0,14	0,14	0,08	0,27
CARSON (1986)	0,22	0,10	0,16	0,25

(*) Se estiman conjuntamente el diámetro de rama y el ángulo de inserción.
Fuente: COTTERIL. P.P. and DEAN C.A.: Succesul Tree Breeding with Index Seelection. CSIRO (1990) pag. 19.

lo que se ha conseguido árboles rectos, con rama pequeña e insertada perpendicularmente.

-Correlacciones genéticas entre rasgos.

Se ha encontrado una gran correlación genética (0,9 y 0,8 para los ensayos de Orozko y Luyando respectivamente) entre altura y diámetro con lo que a priori es posible seleccionar para ambas características. También es destacable la buena correlación genética entre las características de crecimiento y la resistencia al hongo *Diplodia* (0,5 y 0,56 para altura y diámetro respectivamente). Para características de forma, las correlaciones genéticas son contradictorias y de explicación confusa.

– *Ganancias obtenidas.*

Para conocer la ganancia en cada variable que se obtendrá en una selección múltiple se aplica el índice de selección múltiple:

$$I=b1*P1+ b2*P2+ ...+bn*Pn$$

Siendo:

– P1, P2... Pn los valores fenotípicos de cada árbol para las variables elegidas.

– b1, b2...bn son los valores de los coeficientes de los índices de selección, y que se calculan para cada variable, según el modelo de Falconer (1989):

$$b*p=G*a$$

Donde: **a** es un valor que el seleccionador asigna a cada variable según la importancia relativa del mismo, mientras que **G** y **P** son las matrices de varianza-covarianza genética y fenotípica respectivamente.

Aplicando este índice de selección es posible mejorar conjuntamente un 11,8% en altura, un 17,5% en diámetro y un 28% en rsistencia a *Diplodia*.

Bibliografía

ARAGONÉS A., BARRENA I., ESPINEL S., HERRAN A. and RITTER E., 1997. Origin of Basque populations of radiata pine inferred from RAPD data. Ann. Sci. For. 54(8), 697-703.

BURDON R.D., BANNISER M.H. and LOW C.B., 1992. Genetic survey of Pinus radiata. Population comparisons for growth rate disease resistance, and morphology. New Zealand Journal of Forestry Science 22(2/3), 138-159.

FALCONER D.S., 1989. Introduction to Quantitative Genetics. 3rd Edition. Longman Harlow, U.K.

FALKENHAGEN E.R., 1991. Provenance variation in Pinus radiata at six sites in South Africa. Silvae genetica 40, 41-50.

JAYAWICKMA K.J.S., BALOCCHI C., 1993. Growth and form of provenances of *Pinus radiata* in Chile. Aus For 2, 172-178.

SWEET G.B., DICKSON R.L., DONALDSON B.D., LITCHWARD D., 1992. Controlled pollination without isolation-a new aproach to the management of radiata pine seed orchard. Silvae Genetica 41, 2, 95-99.

ZOBEL B., TALBERT J., 1984. Applied Forest Tree Improvement. John Wiley & Sons, Inc. New York. 505.

ITEA (1998), Vol. 94A N.º 3, 297-304

ESTIMA DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA PROLIFICIDAD EN GANADO OVINO MEDIANTE MUESTREO DE GIBBS. RESULTADOS PRELIMINARES

Mª. J. Espinosa Pascual
J.J. Jurado García

Area de Mejora Genética y Biotecnología
CIT-INIA
Crta de La Coruña, Km. 7,00
28040 Madrid
España

RESUMEN

Se presentan los primeros estudios llevados a cabo sobre la información recogida en el esquema de selección de Carne-Aragon S.C.L. en raza Rasa-Aragonesa. El objetivo de selección es el incremento de la productividad numérica y el criterio de selección es la prolificidad de las ovejas por parto.

La prolificidad presenta distribución fenotípica discontinua, con un reducido número de clases y claramente asimétrica dudándose se pueda aplicar la metodología de modelos mixtos a estos caracteres. A los efectos de valoración genética se puede optar, bien por ignorar su naturaleza discontinua (asumiendo que los modelos mixtos son suficientemente robustos para soportar tales clases de anomalías), o bien por asumir modelos más complejos como los no lineales o el modelo umbral (con su doble escala visible y subyacente). En este último caso y dado que la escala subyacente es más heredable parecería lógico que los reproductores se eligieran según su valoración en esta escala. La forma propuesta por SORENSEN (1995) podría ser una forma de abordar este problema ya que obtiene valoraciones y parámetros genéticos en la escala subyacente, mediante metodología Bayesiana y muestreo de Gibbs.

El modelo utilizado para la valoración genética es el modelo animal con medidas repetidas e incluye los efectos Rebaño-Año, estación de parto, numero de parto, intervalo entre partos, modo de cubrición, valor genético y el efecto permanente. La base de datos incluye 21.605 ovejas con 71.130 partos.

Las estimas de la heredabilidad y repetibilidad en la escala visible fueron de 0,049±0,004 y de 0,106±0,002 y de 0,101±0,008 y de 0,164±0,004 en la escala subyacente. Estos valores confirman lo citado en la literatura acerca de la mayor heredabilidad del carácter en la escala subyacente.

Palabras Claves: Ovino, Prolificidad, Parámetros genéticos. Muestreo de Gibbs.

SUMMARY

GENETIC PARAMETER ESTIMATION FOR PROLIFICACY IN SHEEPS USING GIBBS SAMPLING: PRELIMINARY RESULTS

First studies based on the results obtained from Carne-Aragón S.C.L. selection scheme on Rasa-Aragonesa sheep are presented. Selection objective is to increase numeric productivity and the selection criterion was the ewes prolificacy.

Prolificacy presents a discontinuous and asymmetrical phenotypic distribution with a small number of classes which is not the ideal situation to apply mixed models methodology. Animal breeding values can be estimated ignoring discontinuous nature of this trait (trusting in mixed models method robustness) or using more complex models as non linear or threshold (with two scales: visible and subjacent) ones. Under the threshold model the heritability for prolificacy in the subjacent scale is higher than that in the visible scale. Therefore animals should be selected in the basis of their breeding values estimated in the subjacent scale. Sorensen (1995) proposed a Bayesian approach using Gibbs Sampling to estimate breeding values and genetic parameters in the subjacent scale under a threshold model.

In this case a threshold animal model with repeated measures including herd-year, lambing season, lambing number, period between lambings and covering mode as fixed effects was applied. Data consisted on 21605 ewes with 71130 lambings.

Heritability and repeatability estimates were 0.049±0.004 and 0.106±0.002 in the visible scale and 0.101±0.008 and 0.164±0.004 in the subjacent one, respectively. These values corroborate literature estimates in the sense of higher heritability values obtained in the subjacent scale.

Key words: Meat ewes, Prolificacy, Genetic parameters, Gibbs Sampling.

Introducción

La cooperativa Carne-Aragón S.C.L. está llevando a cabo un programa de selección genética en ganado ovino de raza Rasa Aragonesa en colaboración con la DGA de Aragón y el INIA de Madrid, cuyo objetivo de selección es incrementar la productividad numérica, utilizando como criterio de selección la prolificidad de las ovejas. Este programa se puso en marcha a finales de 1995.

La metodología BLUP es generalmente, aceptada como la forma más eficiente y versátil de obtener una clasificación correcta de los animales en función de su valor genético. En condiciones adecuadas las predicciones genéticas son insesgadas y de mínima varianza. No obstante hay considerables reservas de tipo teórico acerca de su posible aplicación a caracteres de tipo discreto.

La prolificidad es un carácter que presenta distribución fenotípica discontinua, con un reducido número de clases y claramente asimétrica. Estas características ponen en cuestión que su análisis pueda llevarse a cabo mediante la técnica de los modelos lineales mixtos. No obstante dicha naturaleza discontinua, en ocasiones, se suele ignorar aduciendo que los modelos mixtos es una metodología robusta que soporta anomalías en la distribución de los carácteres y que permite una aceptable ordenación de los animales en función de su valor genético.

La definición del modelo umbral por WRIGHT (1934) y su posterior desarrollo por DEMSPTER y LERNER (1950), en el caso de un solo umbral, puso en evidencia que las heredabilidades en la escala subyacente

y en la escala visible pueden ser diferentes y de mayor magnitud en la primera que en la última, estando ambas relacionadas en función de la incidencia del carácter y del valor de la ordenada en el valor umbral. GIANOLA (1982) generaliza estos resultados a un mayor número de umbrales.

GIANOLA y FOULLEY (1983) y HARVILLE y MEE (1984) proponen métodos con modelos no lineales con el propósito de obtener predicciones genéticas, pero presentan grandes problemas computacionales cuando se pretende aplicar un modelo animal con medidas repetidas sobre los datos de una población de gran tamaño. FOULLEY y col. (1987) proponen la utilización de un modelo Poisson con estos mismos propósitos, no encontrando ventajas respecto a otros modelos.

Desde un punto de vista teórico, y puesto que la escala subyacente es más heredable, sería deseable que la elección de los reproductores se basara en los valores geneticos predichos sobre la escala subyacente más que en los predichos sobre la visible, lo que implica acceder de algún modo a dicha escala. SORENSEN y col. (1995) proponen un método para efectuar inferencias bayesianas en modelos umbrales mediante muestreo de Gibbs, basado en el muestreo de funciones de densidad truncadas que conducen a distribuciones posteriores de los parámetros genéticos y de las predicciones genéticas de los animales en la escala subyacente.

El propósito de este trabajo es presentar los primeros resultados de la aplicación de la metodología descrita por SORENSEN y col. (1995) mediante un modelo animal con medidas repetidas, al esquema de selección genética de Carne-Aragón, en especial a la obtencion de estimas de heredabilidad y repetibilidad de la prolificidad, obtenidas de formas diferentes y en las dos escalas.

Material y métodos

Los datos utilizados fueron parte de los acumulados en la base de datos del programa de selección y que se emplearon en la última valoración de reproductores en Abril de 1998. El número total de animales en dicha base de datos fue de 36.159 ovejas en 44 rebaños que sumaban un total de 107.921 partos. Hasta la fecha hay datos de 27 machos con 366 hijas controladas.

Los datos utilizados fueron los correspondientes a los rebaños conectados, entendiéndose por tales los que tenían al menos 8 hijas de machos de referencia. El número de ovejas en estas circunstancias fue de 21.605 con un total de 71.130 partos y 24 machos. El modelo utilizado fue el siguiente:

$$Y_{ijkl} = \mu + RA_i + Est_j + Np_k + Itp_l + Mc_m + U_n + Ep_n + \varepsilon_{p(ijklmn)}$$

En donde:

Y_{ijkl} es la prolificidad de la oveja en el parto.

μ es la media general de la población.

RA_i es el grupo de comparación rebaño-año de parto (108 niveles).

Est_j es el efecto de la estación de parto (12 niveles).

Np_k es el efecto del numero de parto (10 niveles).

Itp_l es el efecto del intervalo parto y siguiente cubrición (6 niveles: ovejas de primer parto, <90 días, 90-160 dias, >160,

anomalías: intervalo entre parto < 150 días, > 600 dias).

Mc_m es el efecto del modo de cubrición (3 niveles, sincronización de celos sin IA, sincronización mas IA, monta natural).

U_n es el efecto genético del animal que produce el dato.

Ep_n es el efecto ambiental permanente

$\varepsilon_{p(ijklmn)}$ es el residuo del modelo

Para estimar los parámetros genéticos se utilizaron diversos métodos con el fin de comparar resultados.

Sobre la escala visible se utilizó el programa VCE de GROENEVELD (1998) que implementa la metología REML usando un método de gradiente analítico para maximizar la función de verosimilitud.

También se utilizó sobre la escala visible el muestreo de Gibbs según WANG (1994), realizandose un muestreo de los efectos fijos, efectos aleatorios y las varianzas genéticas, del efecto permanente y residual. Para los efectos fijos se asumieron "priors" uniformes de modo que todo los valores tuvieran la misma probabilidad y para los componentes de varianza se asumieron distribuciones χ^2 invertidas con bajos grados de credibilidad (ν_e=4). Se limitó el campo de variación de las varianzas entre límites amplios.

Para trabajar sobre la escala subyacente se utilizó la metodología propuesta por SORENSEN (1995), mediante la técnica conocida como de "aumento de datos" (data augmentation) citada por el mismo autor. De acuerdo con el modelo umbral se asume la existencia de una escala subyacente sobre la que se definen los valores fenotípicos de las ovejas (y_s) correspondientes a los de la escala visible. Se asume asimismo un modelo lineal igual al usado en la escala visible en el que la variable es y_s. Se asume también la existencia de unos umbrales (t_1, t_2, y t_3) que determinan unos intervalos en la distribución subyacente. En cada iteración el valor y_s de cada parto se obtiene mediante la suma de los correspondientes efectos fijos, genéticos y permanentes calculados en la iteración anterior (y_{sc}), mas el efecto del residuo (ε_s). Este último se deduce a partir de una distribución normal de media y_{sc} y varianza, la obtenida como residual en la iteración anterior. Si la oveja es de parto simple el valor ε_s se toma al azar de la distribución entre $-\infty$ y t_1, si es de parto doble se toma entre t_1 y t_2, si es de parto triple se toma entre t_2 y t_3 y si es cuádruple o más se toma entre t_3 y $+\infty$. Una vez muestreados los y_s, se muestrean los efectos fijos, los efectos aleatorios y las componentes de varianza de forma semejante a la citada anteriormente. La estructura de "priors" utilizada fue la misma que la usada para el caso de la escala visible.

Los umbrales elegidos fueron los deducidos a partir de las frecuencias fenotípicas en la escala visible. La aplicación del método conduce a obtener estimas de los parámetros genéticos y de los efectos fijos y predicciones de los valores genéticos de todos los animales como es propio del modelo animal. Puesto que los umbrales se asumen fijos, el proceso de muestreo conduce a que las varianzas tomen valores según los umbrales elegidos, pero los parámetros genéticos obtenidos a partir de las mismas son constantes con independencia de los umbrales fijados. Las cadenas de muestreo utilizadas tuvieron longitudes variables. Se descartaron las primeras iteraciones y a partir de una determinada se tomaron periódicamente algunas de ellas.

También se utilizó la técnica de cadenas pareadas (coupling method) aplicada por GARCIA-CORTÉS y col. (1997) al modelo

animal, con el fin de estimar el número de iteraciones que deberían ser descartadas previamente para conseguir buenas inferencias marginales. El periodo de calentamiento se consideró terminado cuando las diferencia entre los valores de los parámetros en ambas cadenas pareadas fue inferior a un valor prefijado.

Con el fin de estudiar la autocorrelación entre los puntos que integran la distribución marginal se calcularon las estimas de parámetros usando una única cadena de gran longitud con un periodo de calentamiento variable, así como también fue variable el intervalo entre las iteraciones elegidas. En todos estos casos se usan cadenas pareadas para vigilar la convergencia del proceso. La autocorrelación y el tamaño efectivo del conjunto de puntos utilizados para formar la distribución marginal se calculó por la técnica descrita por COX y MILLER (1965) y utilizada por SORENSEN (1995).

Resultados

En el cuadro 1 se presenta una síntesis de los resultados obtenidos hasta este momento, por lo que éstos deben ser considerados como preliminares.

Los valores obtenidos en la escala visible para la heredabilidad (h^2) de 0,059± 0,006 y para la repetibilidad (r_{ep}) de 0,102±0,006 mediante REML están dentro del orden de valores obtenidos por otros autores para esta raza. OCCON (1988), obtiene valores de h^2 para el primer parto que oscilan entre 0,07 y 0,21. La r_{ep} oscila entre 0,11 y 0,16.

Cuando se utiliza el muestreo de Gibss en la escala visible se usó una única cadena con 300.000 iteraciones, un periodo previo de 10.000 y se eligió una de cada 70 iteraciones. En total se obtuvieron 4.142 puntos que integran las distribuciones marginales. Los valores de los parámetros son muy se-

CUADRO 1
ESTIMAS DE LA HEREDABILIDAD Y REPETIBILIDAD OBTENIDAS POR REML Y MUESTREO DE GIBSS EN LAS ESCALA VISIBLE Y SUBYACENTE, ASI COMO AUTOCORRELACIÓN Y TAMAÑO EFECTIVO

Metod.	Escala	Longitud Cadena	Periodo Previo	Int.	Parámetros Genéticos	Autocorr.	Tam. Efec.
Reml	Visible				h^2= 0.059±0.006 r_{ep}= 0,102±0,006		
Gibbs	Visible	300.000	10.000	70	h^2= 0.049±0.004 r_{ep}=0,106±0,002 n= 4.142	0,77 0,106	491,5 2.890,2
Gibbs	Subyac	30.100	3.000	50	h^2 = 0,101±0,008 rep= 0,164±0.004 n= 542	0,74 0,136	40,02 425,5
Gibbs	Subyac	50.000	6.000	200	h^2=0,094±0,008 r_{ep}= 0,168±0,004 n= 220	0,541 -0,015	52,13 190,7

mejantes a los obtenidos mediante REML. (h^2= 0,049±0,004 y rep= 0,106±0,002). En este caso se observa en la h^2 una alta autocorrelación (0,77) lo que supone un tamaño efectivo de 491,5. En cambio en la r_{ep} esta autocorrelación es de 0,105 con un tamaño efectivo de 2.890,18, lo cual indicaría que los puntos que integran la distribución marginal de la r_{ep} son más independientes que los de la h^2, debido seguramente a que la r_{ep} implica dos varianzas muestreadas frente a solo una de la h^2.

En la aplicación del muestreo de Gibbs a la escala subyacente, las cadenas pareadas tuvieron 30.100 iteraciones con un periodo previo de 3.000 y se tomó una de cada 50 iteraciones. En cada una de las cadenas los valores iniciales de los parámetros genéticos fueron diferentes, pero no así los efectos fijos. Se observó que en la iteración 3.000, la diferencia máxima entre ambas cadenas para las soluciones del modelo mixto era del orden de 0,01. En el caso de las varianzas genéticas y permanentes dicha diferencia entre cadenas fue de 0,0004 lo que supone 1% de la diferencia inicial y en el caso de la varianza residual fue de 0,0001, un 0,005% de la inicial. Esto implica que el periodo de calentamiento fue suficiente para asegurar que las cadenas habían convergido y se estaba ya muestreando de la distribución conjunta (figuras 1 y 2). El valor obtenido de h^2 fue de 0,101 ±0,008 y el de la r_{ep} de 0,164±0,004, que son claramente superiores a los obtenidos trabajando sobre la escala visible. Este mayor valor de h^2 en la escala subyacente que en la visible era esperable según la teoría y demuestra la bondad del método propuesto por SORENSEN (1985). Las predicciones genéticas obtenidas de esta forma tienen la ventaja de estar corregidas por los efectos ambientales según un modelo animal con medidas repetidas (como es propio de la metodología BLUP) y, además, están basadas en unas medidas del carácter mucho más heredables como es la escala subyacente. El número de puntos que en este caso integran las distribuciones marginales fue de 542. La autocorrelación para h^2 fue de 0,747 lo que supone un tamaño efectivo de 40,02. Para la r_{ep} dicha autocorrelación fue de 0,136 con un tamaño efectivo de 425,5. Nuevamente se presenta la misma circunstancia que anteriormente, los puntos que integran la distribución marginal de la h^2 son menos independientes que los que integran la r_{ep}.

Con el propósito de estudiar si la alta autocorrelación afectaba de alguna forma a las estimas de los parámetros genéticos, se corrió otra cadena semejante a la anterior de 50.000 iteraciones, pero con un periodo previo más largo (6.000) y tomando una de cada 200 iteraciones. En total se obtuvieron 220 puntos En este caso los valores alcanzados para h^2 (0,094±0,008) y r_{ep} (0,168±0,004) fueron del mismo orden que en el caso anterior con una autocorrelación mas baja (0,53) y un tamaño efectivo de 52,13 para la h^2 y de –0,051 y 190,69 para r_{ep} respectivamente. Esto podría ser un indicio de que la autocorrelación no afecta de forma notable a las estimas de los parámetros genéticos.

Conclusiones

Las conclusiones a las que podemos llegar en función de los resultados obtenidos serían las siguientes.

a) Los valores estimados de la heredabilidad y repetibilidad en la escala visible en esta población de ovino de raza Rasa-Aragonesa fueron de 0,049±0,004 y 0,107±0,002 respectivamente.

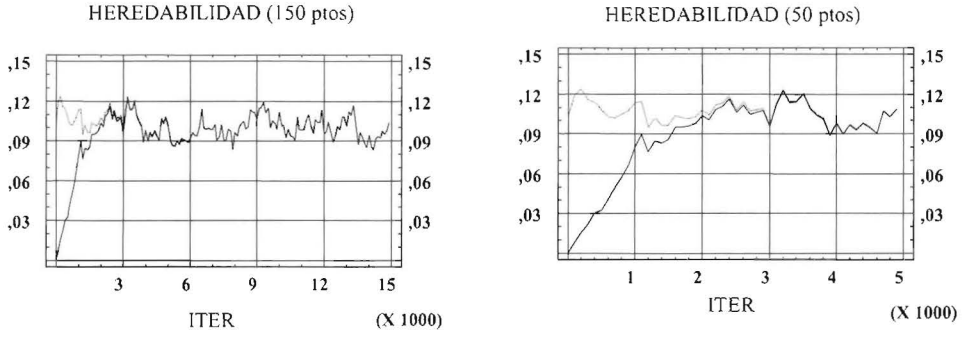


Figura 1. 150 y 50 primeros puntos de las cadenas pareadas para heredabilidad

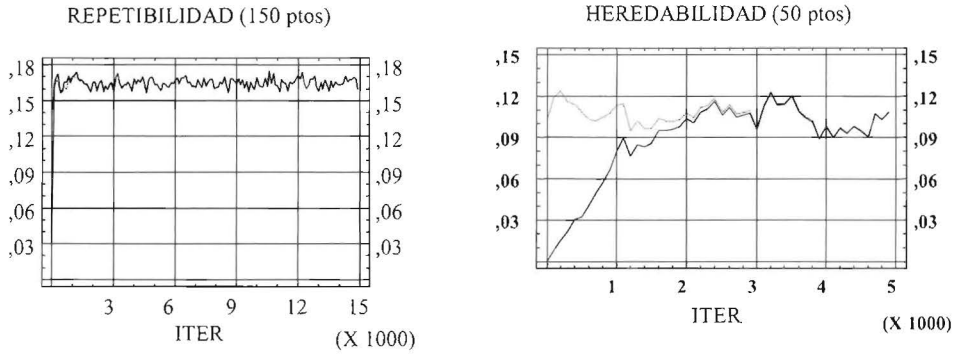


Figura 2. 150 y 50 primeros puntos de las cadenas pareadas para repetibilidad

b) En la escala subyacente el valor de dichos parámetros fueron: para la heredabilidad de 0,101±0,008 y para la repetibilidad de 0,164±0,004, considerablemente mayores que en la escala visible.

c) Las predicciones genéticas de los animales de la población para el carácter prolificidad en la escala subyacente es posible obtenerlas mediante la técnica del aumento de datos y muestreo de Gibbs.

d) Aunque se presenta autocorrelación entre los puntos integrantes de las distribuciones marginales, esto no parece afectar de forma notable a las estimas de los parámetros genéticos.

e) Parece razonable que las predicciones genéticas de los animales en la escala subyacente deberían ser el criterio de selección de reproductores en razón de su mayor heredabilidad.

Bibliografía

COX D.R., MILLER H.D., 1965. The theory of Stochastic Process. Chapman and Hall. London. U.K.

DEMPSTER R., LERNER I.M., 1950. Heritability of threshold characters. Genetics. 35. :212.

FOULLEY J.L., GIANOLA D., IM S., 1987. Genetic evaluation of traits distributted as Poisson-binomial with reference to reproductive traits. Theor. Appl. Genet. 73. 870.

GARCÍA-CORTES L.A., RICO M., GROENEVELD E., 1997. Coupling the gibbs Sampler to asses convergence in animal Models. Fotocopia.

GIANOLA D., 1980. A method of sire evaluation for dichotomies. J. Anim. Sci. 51. 1.266-1.271.

GIANOLA D., 1982. Theory and analysis of treshold characters. J. Anim. Sci. 54. 1.079-1.096.

GIANOLA D., FOULLEY J.L., 1983. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. Gen. Sel. Evol. 15(2). 201-224.

GRPEMEVELD, E., 1998.- Programa VCE 4, versión 4.2.

HARVILLE D.A., MEE R.W., 1984. A mixed-model procedure for analising ordered categorical data. Biometrics. 40. 393-408.

HOESCHELE I., TIER B., 1995. Estimation of variance components of treshold characters by marginal posterior modes and means via Gibbs sampling. Genet. Sel. Evol. 27. 519-540.

OCCON A., 1988. Repetibilidad y heredabilidad de la prolificidad en la raza rasa Aragonesa. Optimización de los progresos genéticos en los procesos de selección. Tesis doctoral.

SORENSEN D., ANDERSEN J., GIANOLA D., KORSGAARD I., 1995. Bayesian inference in treshold models using Gibbs sampling. Genet. Sel. Evol. 27. 229-249.

WANG C.S., RUTLEDGE J.J., GIANOLA D., 1994.- Bayesian analysis of mixed models via gibbs sampling with application to litter size in Iberian pigs. Genet. Sel. Evol. 26. 91-115.

WRIGHT., 1934. An analysis in number of digits in an inbred strain of guinea pigs. Genetics. 19. 506.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3,** 305-315

ESTIMA DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA POBLACIONES DE VACUNO LECHERO MEDIANTE METODOLOGÍA BAYESIANA

D. Hernández[1]
M.J. Carabaño[1]
R. Rekaya[2]

1. Departamento de Mejora Genética y Biotecnología
INIA. Apartado 8111
Madrid 28080
España

2. Departament of Animal Sciences
University of Wisconsin
1675 Observatory Dr.
Madison, Wisconsin 53706-1284
U.S.A.

RESUMEN

Dentro de este trabajo se plantea la actualización de estimas de componentes de varianza para caracteres de producción de leche y proteína en la población Frisona Española utilizando procedimientos desarrollados recientemente que permiten el uso de bases de datos de gran tamaño. Con ello se pretende evitar la utilización de información parcial en la estimación de los parámetros genéticos con respecto a la utilizada en las valoraciones genéticas. En el estudio se han usado los datos empleados para la valoración genética nacional de enero de 1998, un total de 1.460.559 datos de producción de leche y 1.084.886 de producción de proteína. La información genealógica incluyó un total de 703.326 y 589.385 animales para leche y proteína, respectivamente. En la estimación de componentes de varianza se empleó el mismo modelo utilizado en la valoración genética nacional, siendo éste un modelo animal con medidas repetidas. Se utilizó el muestreo de Gibbs dentro de un análisis bayesiano para hacer inferencias sobre los parámetros de interés. La media a posteriori de la heredabilidad fue de 0,23 y 0,22 para producción de leche y proteína, respectivamente. La media a posteriori de la repetibilidad fue de 0,46 para ambos caracteres. Las estimas de heredabilidad son ligeramente más bajas que las obtenidas previamente en la misma población con muestras más pequeñas de datos y metodología de máxima verosimilitud e inferiores también al valor actualmente empleado en la valoración nacional. Las causas de estos valores relativamente bajos deben ser investigadas antes de proponer su uso en las valoraciones nacionales.

Palabras claves: Parámetros genéticos, Ganado vacuno lechero, Muestreo de Gibbs, Metodología bayesiana.

SUMMARY

ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS IN DAIRY CATTLE POPULATIONS USING BAYESIAN METHODS

This work aimed at updating the estimates of genetic parameters for milk and protein yield in the Spanish Friesian population by making use of recently developed procedures that allow the utilization of massive data sets. This avoids the use of partial information when estimating variance components with respect to the information used in genetic evaluations. Data used in this study were 1,460,559 and 1,084,886 records from the January, 1998 national genetic evaluation for milk and protein yields. Pedigrees for the milk and protein analyses consisted of 703,326 and 589,385 animals, respectively. Variance components estimation was carried out under the same model used for the genetic evaluation, a repeatability animal model. Gibbs sampling within a Bayesian analysis was used to make inferences about the parameters of interest. The posterior mean for the heritability was 0.23 for milk yield and 0.22 for protein yield. The posterior mean for the repeatability for both traits was 0.46. Heritability estimates were slightly lower than previous estimates obtained in the same population with maximum likelihood procedures and also lower than the value currently used in the genetic evaluations. Additional research is needed to investigate the reasons of the relatively low heritability estimates obtained previous to propose its use in the national evaluations.

Key words: Genetic parameters, Dairy cattle, Gibbs sampling, Bayesian analysis.

Introducción

Las estimas de la heredabilidad o repetibilidad para los caracteres de producción lechera se han venido obteniendo con muestras de datos seleccionadas según distintos criterios de acuerdo con la finalidad del estudio y con las limitaciones computacionales ligadas a la utilización de los métodos de máxima verosimilitud.

Las estimas más recientes obtenidas en nuestra población de Frisón para la heredabilidad de la producción de leche y proteína son cercanas a 0,26 (IBÁÑEZ, 1996, REKAYA, 1997) o ligeramente superiores (CHARFFEDDINE, 1998). En cuanto a la repetibilidad, las estimas más recientes son cercanas a 0.50 para la producción de leche y algo inferiores para la producción de proteína (REKAYA, 1997).

La tendencia en otros países es la de obtener nuevas estimas de heredabilidad superiores a las encontradas en estudios más antiguos (ver, p.ej., VAN TASSELL *et al.*, 1997). Dentro de los países que participan en la valoración internacional que lleva a cabo Interbull, dos tercios de éstos informan que las heredabilidades que utilizan en su valoración nacional están por encima de 0,25 y el resto de países (incluido el nuestro) utiliza este valor o valores ligeramente inferiores (Noruega con 0,20 representa el valor mínimo) (Interbull, 1998. Datos no publicados). El valor de la heredabilidad empleado en las valoraciones genéticas tiene cierta importancia en las comparaciones internacionales. Aquellos países con heredabilidades más altas producen valoraciones genéticas con un rango de variación más amplio y con una fiabilidad más alta. Ello hace que se espere que, dentro de la valoración internacional, los toros proce-

dentes de estos países tengan cierta ventaja con respecto a los toros valorados en países donde la heredabilidad es más baja.

La utilización de métodos Monte Carlo ligados a distintos métodos de estimación de componentes de varianza ha permitido en los últimos años el uso de bases de datos de gran tamaño. Dentro de este trabajo se plantea la obtención de estimas de parámetros genéticos para los caracteres kg de leche y proteína basadas en la utilización del método bayesiano que utiliza el muestreo de Gibbs sobre el total de datos disponibles para las valoraciones genéticas de estos caracteres.

Material y Métodos

Se analizó la totalidad de los datos disponibles para la valoración genética de vacuno frisón español correspondientes a producción de leche y de proteína. El número de lactaciones utilizadas en este estudio fue de 1.460.559 para producción de leche y 1.084.886 para la proteína, correspondiendo a 605.902 y 472.494 animales, respectivamente. La información genealógica abarcó a 703.326 y 589.385 animales para cada carácter estudiado. Tanto los datos como la genealogía fueron aportados por CONAFE.

Para la estima de los parámetros de interés, los componentes de varianza, y más concretamente, la heredabilidad y repetibilidad, se empleó un procedimiento Bayesiano. El algoritmo de muestreo de Gibbs fue utilizado para obtener las distribuciones marginales a posteriori de los mencionados parámetros.

El modelo aplicado fue el que actualmente se emplea en la valoración nacional de Frisón (PENA, 1998, comunicación personal), que es un modelo animal con efecto permanente:

$$\mathbf{y_{ijklmn} = \mu + DA_i + M_j + LE_k + RAE_l + + A_m + P_m + e_{ijklmn}}$$

Donde:

y_{ijklmn} = Producción de leche o proteina expresada en kilogramos.

μ = Media general

DA_i = Días abiertos

M_j = Mes de parto

LE_k = Lactación-Edad

RAE_l = Grupo móvil de comparación Rebaño-Año-Estación.

A_m = Efecto aditivo del animal que produce el dato.

P_m = Efecto permanente ambiental del animal que produce el dato.

e_{ijklmn} = Efecto residual

En notación matricial,

$$\mathbf{y = Xb + Zu + Wp + e}$$

donde **y** es el vector de observaciones (kg de leche o proteína), **b** contiene los efectos μ, DA, M, LE y RAE , **u** los efectos genéticos aditivos, **p** los efectos ambientales permanentes y e los efectos residuales.

La verosimilitud y distribuciones a priori asumidas fueron:

$\mathbf{y|b,u,p}, \sigma_e^2 \sim N(\mathbf{Xb + Zu + Wp}, \mathbf{I}\sigma_e^2)$

$\mathbf{b} \sim$ constante

$\mathbf{u}|\ \sigma_a^2 \sim N(0, \mathbf{A}\sigma_a^2)$

$\mathbf{p}|\ \sigma_p^2 \sim N(0, \mathbf{I}\sigma_p^2)$

dado que σ_a^2, σ_p^2 y σ_e^2 son desconocidos, se asumieron en un segundo estrato de la jerarquía las siguientes distribuciones a priori para estos parámetros:

$\sigma_a^2|\nu_a, S_a^2 \sim \chi^{-2}(\nu_a, S_a^2)$, donde, $\nu_a = 4$ y $S_a^2 = 250.000$ y 237 para kg de leche y proteína respectivamente.

$\sigma_p^2|\nu_p, S_p^2 \sim \chi^{-2}(\nu_p, S_p^2)$, donde, $\nu_p = 4$ y $S_p^2 = 200.000$ y 207 para kg de leche y proteína respectivamente.

$\sigma_e^2|\nu_e, S_e^2 \sim \chi^{-2}(\nu_e, S_e^2)$, donde, $\nu_e = 4$ y $S_e^2 = 550.000$ y 501 para kg de leche y proteína respectivamente.

Los valores de los parámetros S_a^2, S_p^2, S_e^2 han sido obtenidos a partir de estimas de los correspondientes componentes de varianza en estudios previos sobre esta misma población.

A partir de la verosimilitud y distribuciones a priori de los parámetros desconocidos se obtuvieron las correspondientes distribuciones condicionales a posteriori para llevar a cabo el muestreo de Gibbs.

La implementación del muestreo de Gibbs se hizo mediante el uso de una única cadena larga, excepto en las primeras 10.000 iteraciones. Durante esta fase inicial se utilizaron dos cadenas que partían de distintos valores iniciales pero usaban la misma semilla para generar el muestreo aleatorio, de acuerdo con el método de cadenas pareadas propuesto por Johnson (1996), según describen GARCÍA CORTÉS *et al.* (1998). Mediante este procedimiento se determinó el periodo mínimo de calentamiento como aquel en que la diferencia de las dos cadenas era inferior a 5/10000 partes del valor absoluto de cada uno de los parámetros. Por otro lado, el periodo de calentamiento fue también determinado mediante el procedimiento propuesto por RAFTERY y LEWIS (1992).

Una vez determinado el periodo mínimo de calentamiento se obtuvo el número efectivo de muestras y la autocorrelación entre las mismas a partir de 4.000 puntos obtenidos tras el periodo de calentamiento y con un intervalo entre muestras determinado por el procedimiento de RAFTERY y LEWIS (1992). A partir del número de tamaño efectivo más bajo se calculó el número de iteraciones necesarias para obtener un total aproximado de 1.000 muestras independientes para cada carácter.

Resultados y Discusión

Las Figuras 1 a 4 muestran el resultado de aplicar el método de las cadenas pareadas para la heredabilidad y repetibilidad de kg de leche y kg de proteína. De acuerdo con este procedimiento, la convergencia de las dos cadenas se consigue tanto para los mencionados parámetros como para los componentes de varianza en unas 700 iteraciones para el carácter kg de leche y 500 para kg de proteína . Según el procedimiento de RAFTERY y LEWIS (1992), la longitud del periodo de calentamiento debería ser de 16 para ambos caracteres, un valor sensiblemente inferior al obtenido con el método de cadenas pareadas. La subestimación del periodo de calentamiento por el procedimiento de RAFTERY y LEWIS (1992) frente al de cadenas pareadas ha sido encontrada también en el trabajo de García Cortés *et al.* (1998).

En el cuadro 1 se presenta la autocorrelación entre muestras y el número de muestras efectivas de cada 100 para los componentes de varianza y la heredabilidad y

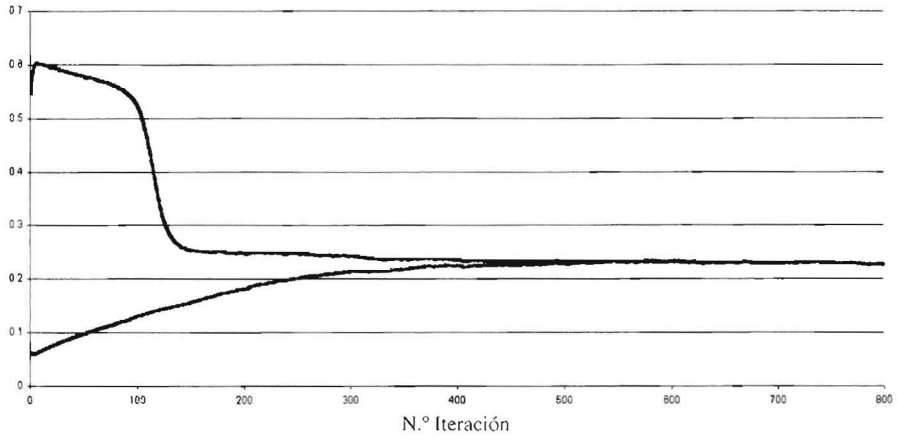


Figura 1. Valores estimados de la Heredabilidad de kg de leche mediante cadenas pareadas

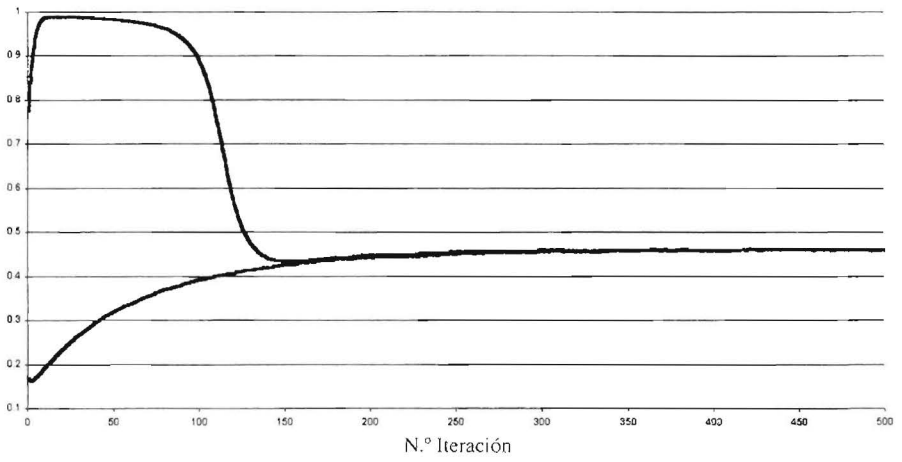


Figura 2. Valores estimados de la Repetibilidad de kg de leche mediante cadenas pareadas

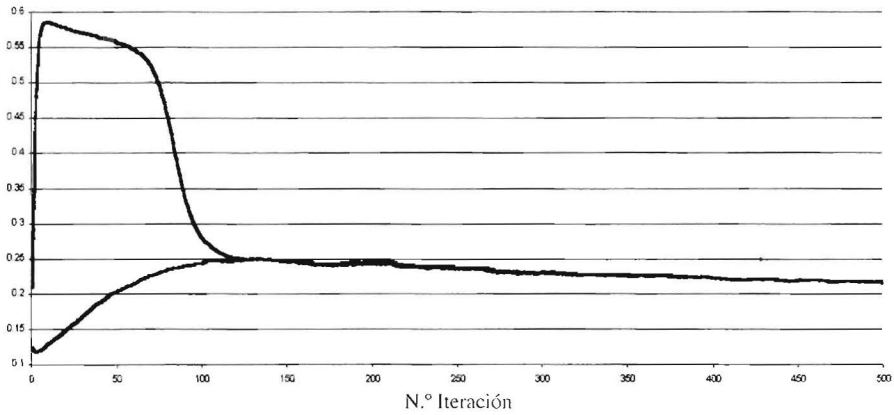


Figura 3. Valores estimados de la Heredabilidad de kg de proteína mediante cadenas pareadas

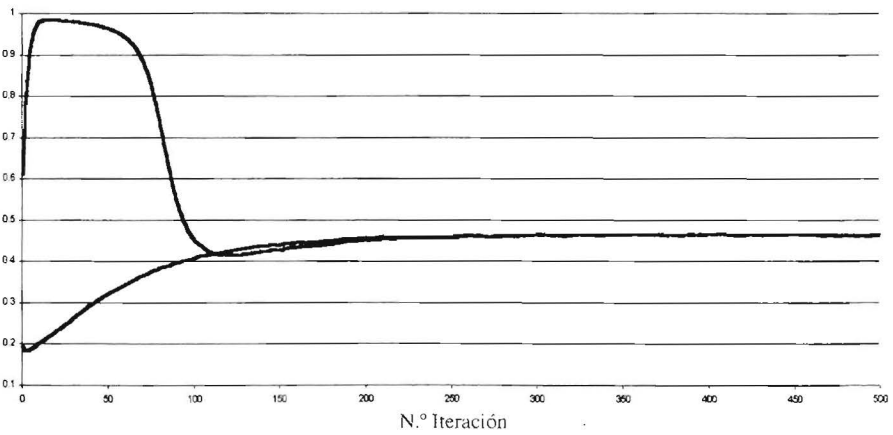


Figura 4. Valores estimados de la repetibilidad de kg de proteína mediante cadenas pareadas

CUADRO 1
AUTOCORRELACIÓN (r) Y NÚMERO DE MUESTRAS EFECTIVAS DE CADA 100 (M.E.) PARA KG DE LECHE Y PROTEÍNA RESPECTIVAMENTE

Parámetro	Kg de leche		Kg de proteína	
	r	M.E.	r	M.E.
Varianza Aditiva	0,982	0,62	0,947	1,94
Varianza Permanente	0,966	14,88	0,887	30,50
Varianza Residual	0,503	0,68	0,210	2,70
Heredabilidad	0,984	0,59	0,952	1,90
Repetibilidad	0,873	4,46	0,670	18,60

repetibilidad de los caracteres kg de leche y kg de proteína, respectivamente. De acuerdo con estos resultados, la varianza del efecto permanente es el parámetro para el que se obtienen muestras con menor grado de autocorrelación, siendo la autocorrelación menor para el carácter kg de proteína que para el de kg de leche. De acuerdo con los resultados de este cuadro y asumiendo que la proporción de muestras independientes se mantiene constante, el número total de muestras requerido para obtener 1.000 muestras independientes en todos los parámetros sería de 166.667 y 52.631 para kg de leche y proteína, respectivamente. Sin embargo, el número de puntos totales a tomar de acuerdo con el procedimiento de RAFTERY y LEWIS (1992), resultó ser de 45.096 y 45.068 para leche y proteína respectivamente.

Por otra parte, por motivos computacionales, el número máximo de muestras que fue posible obtener fue de 115.000 para ambos caracteres, que representaría un total de 690 muestras independientes para leche y 2185 para proteína.

Las densidades marginales posteriores para los parámetros de interés fueron estimadas a partir de las últimas 30.000 muestras (10.000 puntos) para producción de leche y 90.000 muestras (30.000 puntos) para kg de proteína, utilizando estimadores tipo kernel no paramétricos (SILVERMAN, 1986). La idea inicial era la de obtener estas densidades marginales con 90.000 muestras para ambos caracteres, pero problemas de estimabilidad en kg de leche hicieron que se realizara sobre las 30.000 últimas. En las figuras 5,6,7 y 8 se muestran las densidades marginales posteriores de las heredabilidades y repetibilidades para leche y proteina respectivamente.

En los cuadros 2 y 3 se muestran los estadísticos de tendencia central, así como la varianza correspondiente a las distribuciones marginales posteriores de las varianzas (σ^2_a, σ^2_p y σ^2_e), heredabilidad y repetibilidad de los caracteres en estudio. En general, los valores de las varianzas son inferiores a los obtenidos en estudios previos recientes sobre la población Frisona española (IBÁÑEZ, 1996, REKAYA, 1997, CHARFFEDDINE, 1998). Lo mismo sucede con la heredabilidad, lo que parece ser debido es-

CUADRO 2
ESTADÍSTICOS DE TENDENCIA CENTRAL Y VARIANZA DE LA DISTRIBUCIÓN MARGINAL POSTERIOR PARA EL CARÁCTER KG DE LECHE

Parámetro	Media	Moda	Mediana	Varianza
Varianza Aditiva	202123,0	201551,8	202030,2	5530378
Varianza Permanente	201420,5	201673,5	201455,7	3502246
Varianza Residual	472413,9	472479,9	472415,2	211905
Heredabilidad	0,23074	0,23038	0,23064	6,055E-6
Repetibilidad	0,46069	0,46081	0,46069	1,012 E-6

CUADRO 3
ESTADÍSTICOS DE TENDENCIA CENTRAL Y VARIANZA DE LA DISTRIBUCIÓN MARGINAL POSTERIOR PARA EL CARÁCTER KG DE PROTEÍNA

Parámetro	Media	Moda	Mediana	Varianza
Varianza Aditiva	174,35	173,90	174,32	5,39308
Varianza Permanente	191,47	191,25	191,44	4,57930
Varianza Residual	421,29	421,40	421,29	0,62053
Heredabilidad	0,22149	0,22158	0,22148	1,040E-5
Repetibilidad	0,46476	0,46471	0,46475	2,521E-6

pecialmente al menor valor obtenido en este estudio para la varianza aditiva. Estos resultados van en contra de la tendencia observada en otras poblaciones en cuanto a la obtención de estimas de heredabilidad por encima de 0,25. En un trabajo reciente sobre la población Holstein de EE.UU., VAN TASSELL *et al.*, (1997) estiman mediante el método R (REVERTER *et al.*, 1994) la heredabilidad de los caracteres kg de leche, grasa y proteína a partir de todos los datos disponibles de vacas en primera lactación nacidas a partir de 1980. Como conclusión del trabajo se recomienda usar en las valoraciones nacionales de Holstein un valor medio de la heredabilidad de 0,30 (variando entre 0,25 y 0,35) frente al valor medio de 0,25 (variando entre 0,20 y 0,30) que se empleaba con anterioridad.

Las razones del bajo valor de la heredabilidad están siendo investigadas. Una posible razón podría ser la incorporación al control lechero en una alta proporción de animales provenientes de zonas en las que se ha observado una heredabilidad más baja (IBÁÑEZ, 1996). Por otra parte, se está planteando la utilización del método R (REVERTER *et al.*, 1994), único procedimiento que permitiría, además del ya empleado, la estimación con un volumen de datos tan elevado, para contrastar los resultados obtenidos.

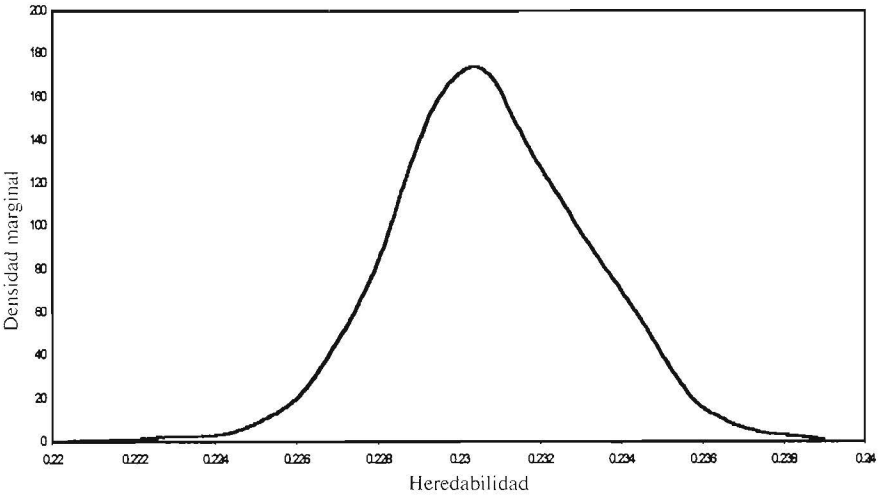


Figura 5. Densidad marginal posterior de la heredabilidad de kg de leche

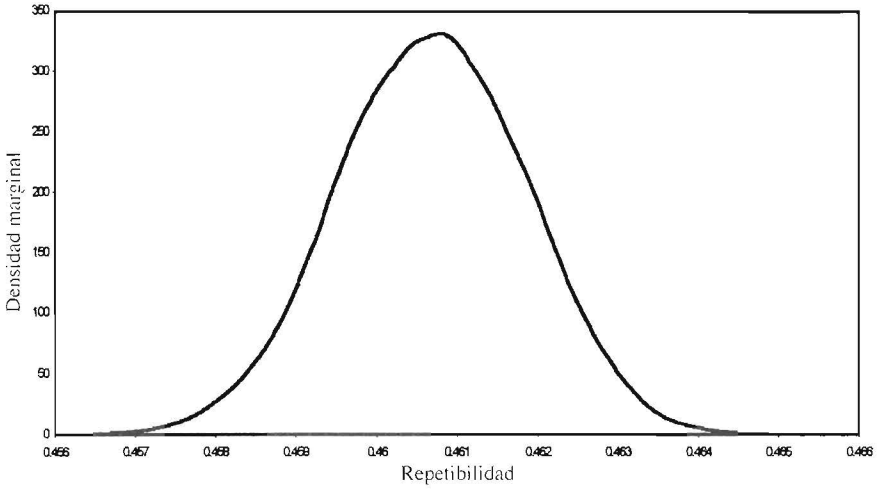


Figura 6. Densidad marginal posterior de la repetibilidad de kg de leche

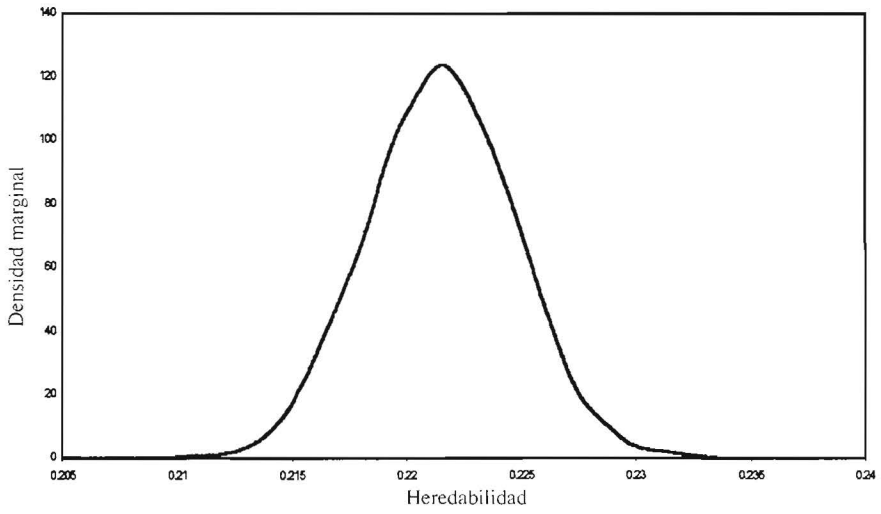


Figura 7. Densidad marginal posterior de la Heredabilidad de kg de proteína

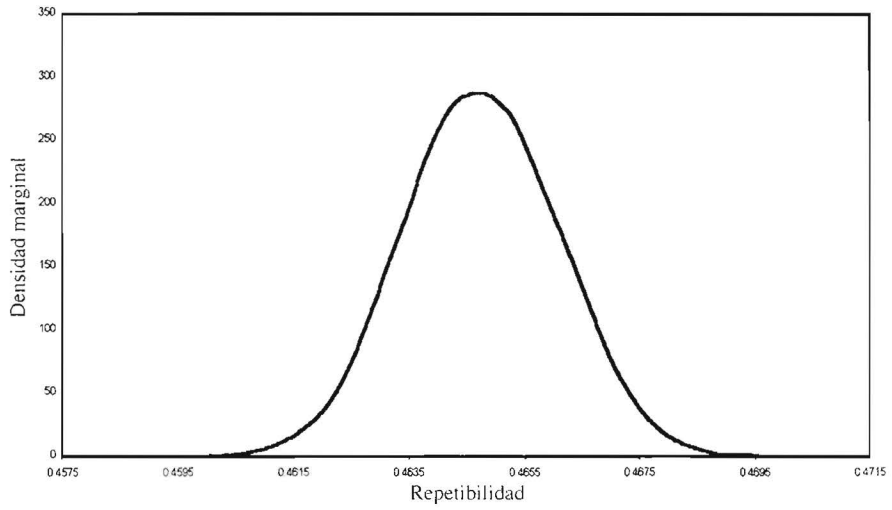


Figura 8. Densidad marginal posterior de la repetibilidad de kg de proteína

Agradecimientos

Este trabajo ha sido elaborado dentro del proyecto SC96-046 del Programa Sectorial de I+D del MAPA. La contribución de CONAFE en la preparación y cesión de los archivos de datos de producción y genealógicos es agradecida.

Bibliografía

CHARFEDDINE N., 1998. Selección por mérito económico global en el ganado vacuno Frisón en España. Tesis Doctoral. ETSI Agrónomos. Universidad Politécnica de Madrid.

GARCÍA-CORTÉS L.A., RICO M., GROENEVELD E., 1998. Coupling the Gibbs sampler to assess convergence in animal models. Journal Animal Science (enviado).

IBÁÑEZ M.A., 1996. Heterogeneidad de varianzas en la población Frisona española. Tesis Doctoral. ETSI Agrónomos. Universidad Politécnica de Madrid.

JOHNSON V.E., 1996. Studying convergence of Markov Chain Monte Carlo algoritms using coupled sample paths. J. Amer. Statist. Assoc. 91, 154-166.

RAFTERY A.E., LEWIS S.M., 1992. How many iterations in the Gibbs sampler. Bayesian Statistic 4. 763-773. Edit. Bernardo, J.M. Oxford University Press.

REKAYA R., 1997. Análisis bayesiano de datos de producción en los días del control para la selección de caracteres lecheros. Tesis Doctoral. ETSI Agrónomos. Universidad Politécnica de Madrid.

REVERTER A., GOLDEN B.L., BOURDON R.M., 1994. Method R variance component procedure: application on the simple breeding value model. J. Anim. Sci. 72, 2.247-2.253.

SILVERMAN B.W., 1986. Density estimation for statistic and data analysis. Chapman and Hall Ed.

VAN TASSELL C.P., WIGGANS G.R., NORMAN H.D. y POWELL R.L., Estimation of heritability for yield of U.S. dairy cattle. Proc. of the 1997 Interbull Meeting. Vienna, Austria. Bulletin 16,104-107.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3,** 316-324

LA HUELLA DE RUPERTA

J. Rodrigáñez
M. Toro
C. Rodríguez
L. Silió

Departamento de Mejora Genética
y Biotecnología, INIA
Ctra. de La Coruña km 7
28040 Madrid

España

RESUMEN

La información genealógica registrada en poblaciones ganaderas es aplicable a la medida de su variabilidad genética, de la endogamia de sus individuos o del efecto de ésta sobre caracteres de interés. Con este enfoque se han analizado tres poblaciones de cerdo ibérico (*Guadyerbas*, *Gamito* y *Torbiscal*) que comparten algunos de sus animales fundadores. Los resultados indican la importancia genética de una fundadora (*Ruperta*), con una contribución proporcional a las poblaciones estabilizada en valores respectivos de 0,18, 0,29 y 0,09, siendo el número medio de alelos fundadores supervivientes en las últimas cohortes respectivas 4,04, 4,21 y 9,90, de los que 0,70, 1,07 y 0,77 proceden de *Ruperta*. La proporción, atribuible a esta fundadora, de la consanguinidad media de las camadas nacidas en estas poblaciones es 0,19, 0,33 y 0,10, respectivamente. El análisis de depresión consanguínea del tamaño de camada en *Torbiscal* indica una disminución de -0,13 lechones vivos por cada 10% de aumento de la consanguinidad de la camada, sin que sea significativo el efecto de la consanguinidad materna. En las otras estirpes, se ha analizado el efecto sobre el tamaño de camada del componente de consanguinidad atribuible a *Ruperta*, pero las inferencias obtenidas a partir de los datos disponibles presentan una gran incertidumbre.

Palabras clave: Análisis genealógico, Coeficientes parciales de consanguinidad, Depresión consanguínea.

SUMMARY
THE TRACE OF RUPERTA

Pedigree information from livestock populations may be used to evaluate their genetic variability, the inbreeding of their individuals or the inbreeding depression on traits of interest. Three Iberian pig strains (*Guadyerbas*, *Gamito* y *Torbiscal*), sharing a common group of the animal founders, have been analyzed with this approach. The results evidence the genetic importance of a founder sow (*Ruperta*), with a proportional contribution to the populations stabilized in respective values 0,18, 0,29 and 0,09, being 4,04, 4,21 and 9,90 the mean number of surviving founder alleles in the respective last cohorts and 0,70, 1,07 and 0,77 those coming from *Ruperta*. The proportion of inbreeding due to this founder, measured over the litters born in the three strains, is 0,19, 0,33 and 0,10. The analysis of inbreeding depression on litter size in *Torbiscal*

indicates a disminution of -0,13 liveborn piglets per each 10% increase of litter inbreeding, not being significant the effect of dam inbreeding. The effect on the litter size of the component of litter inbreeding due to *Ruperta* was studied in the other strains, but the inferences obtained from the available data present a great uncertainity.

Key words: Pedigree analysis, Partial inbreeding coefficients, Inbreeding depression.

Introducción

El análisis de la información genealógica de una población permite describir el proceso de cambios en variabilidad genética a lo largo de su historia. Recientemente, se han aplicado en algunas poblaciones de animales domésticos diversos métodos desarrollados por especialistas en conservación de poblaciones de animales salvajes mantenidas en cautividad (LACY y col., 1995). Estos trabajos abordan el balance de la gestión de programas de conservación (RODRIGÁÑEZ y col., 1997a), el efecto sobre la variación genética de la estructura de grandes poblaciones (SÖLLKNER y FILIPCIC, 1997), la contribución de grupos genéticos bien definidos (GANDINI y col., 1997) o la identificación del número efectivo de ascendientes y de cuellos de botella en poblaciones con diverso uso de inseminación artificial (BOICHARD y col., 1997). A partir de estas técnicas, se ha implementado una partición del coeficiente de consanguinidad en componentes atribuibles a los diferentes fundadores o a agrupaciones de éstos, que ha permitido analizar la variación de depresión consanguínea entre linajes de fundadores (LACY y col., 1996; RODRIGÁÑEZ y col., 1998).

El presente trabajo es una aplicación de estos métodos al análisis de la variación genética y de la depresión consanguínea en tres poblaciones de cerdo ibérico emparentadas, que comparten un destacado animal fundador, la cerda *Ruperta*, cuyas huellas intentaremos rastrear por diversas vías en estas poblaciones.

CUADRO 1
RESUMEN DE INFORMACIÓN GENEALÓGICA Y DE PROLIFICIDAD EN LAS TRES ESTIRPES

	Guadyerbas	Gamito	Torbiscal
Nº de fundadores	23	14	71
Nª de animales en genealogía	1.020	793	3.489
Nº de verracos	243	196	761
Nº de madres con datos	670	458	1.453
Nº de camadas	2.020	1.308	5.562
Lechones nacidos por camada	7,36 (2,29)	7,81 (1,99)	8,38 (2,30)
Lechones nacidos vivos por camada	7,02 (2,18)	7,48 (1,94)	8,00 (2,22)

Material y métodos

Tres poblaciones cerradas

Las poblaciones consideradas en este estudio (*Guadyerbas*, *Gamito* y *Torbiscal*) forman parte de la piara experimental de cerdos ibéricos establecida desde 1944-45 en la finca *Dehesón del Encinar* (Oropesa, Toledo). La formación de esta piara se realizó a partir de animales de cuatro estirpes representativas de los principales tipos de cerdo ibérico existentes en la amplia y heterogénea población de la época: dos portuguesas coloradas: *Ervideira* y *Caldeira* y dos extremeñas negro lampiñas: *Campanario* y *Puebla* (ODRIOZOLA, 1976).

Guadyerbas es la actual denominación de la estirpe negro lampiña *Puebla*, que aun se conserva como población cerrada (RODRIGÁÑEZ y col., 1997b). Entre las cerdas fundadoras de ésta, se identificó una de ellas heterocigota para el par de alelos *Ee* (Negro/colorado). A partir de esta cerda, de nombre *Ruperta*, se formó una línea colorada (*ee*), derivada exclusivamente de *Puebla* mediante tácticas de infiltración progresiva del gen recesivo en cuestión. La línea *Gamito*, colorada lampiña, fue el resultado de este proceso. Por último, *Torbiscal* es una línea compuesta, que procede de la fusión de las cuatro estirpes fundadoras realizada lentamente entre 1961 y 1963 para que pudieran contribuir a la misma el mayor número posible de reproductores. Se dispone de la genealogía completa y registros reproductivos de todas estas poblaciones. La información utilizada en el presente trabajo se presenta en el cuadro 1.

Análisis genealógico

Para el análisis genealógico, los reproductores de cada población se agruparon, de acuerdo con su fecha de nacimiento, en cohortes trianuales. Un fundador se define como un animal sin relación genética conocida con ningún otro de la genealogía, exceptuados sus descendientes. La contribución genética esperada de cada fundador a un animal determinado se mide mediante los coeficientes de parentesco entre el animal y la población de fundadores (James, 1972). La contribución genética proporcional de cada fundador a la población (cohorte) analizada se calcula mediante la expresión

$$p_i = \sum_{j=1}^{N} a_{ij} / N$$

donde a_{ij} es el coeficiente de relación aditiva entre el fundador i y el animal j, siendo N el número de animales de la cohorte considerada. Los valores de p_i se denominan también probabilidades de origen genético y permiten calcular el número efectivo de fundadores

$$N_{fe} = 1 / \sum_{i=1}^{n} p_i^2$$

siemdo n el número de fundadores (LACY, 1989). Otro parámetro es el número efectivo de ascendientes N_{fa}, basado en las contribuciones marginales de los antepasados necesarios para explicar la diversidad genética de la población, y que identifica los posibles cuellos de botella en la genealogía (BOICHARD y col., 1997).

Debido al número finito de descendientes de cada reproductor, existe el riesgo de extinción de genes en la transmisión de padres a hijos. Mediante la técnica de goteo de genes (MACCLUER y col., 1986), que simula la segregación mendeliana a través de la genealogía, es posible estimar la proporción de alelos de cada fundador (r_i) reteni-

da en el censo de cada cohorte, así como el número esperado de alelos de cada fundador ($2r_i$) y de todos los fundadores ($\Sigma 2r_i$). Estos análisis se realizaron con 250.000 iteraciones por estirpe. El número equivalente de genomas fundadores

$$N_{ge} = 1/\sum_{i=1}^{n} p_i^2 / r_i$$

es otro parámetro, originalmente propuesto por Lacy (1989), que mide la diversidad genética preservada en la población. Con el mismo objetivo BOICHARD y col. (1997) han propuesto el número efectivo de genomas fundadores.

El coeficiente de consanguinidad (F) puede descomponerse en coeficientes parciales (F^i), que miden las probabilidades de que un animal sea homocigoto para un alelo descendiente de cada fundador específico. Estos coeficientes se han calculado usando una modificación del método clásico de cálculo de coeficientes de consanguinidad (LACY y col., 1996; LACY, 1997). Dado el número de fundadores, la descomposición de la consanguinidad realizada en cada estirpe fue algo más simple, reflejando las características de su origen. Así en *Guadyerbas* y *Gamito* se consideraron dos componentes: F^R, consanguinidad debida a la fundadora *Ruperta* y F^{NR}, contribución del resto de los fundadores de la estirpe *Puebla* a la consanguinidad del individuo. En *Torbiscal*, junto a estos dos componentes de la consanguinidad se consideraron separadamente las sumas de los coeficientes parciales debidos a los fundadores de las otras tres estirpes *Ervideira* (F^A), *Campanario* (F^B) y *Caldeira* (F^C). A efectos del análisis de depresión consanguínea, se realizó el cálculo de estos coeficientes tanto para las cerdas con registros de prolificidad (F_m) como para las camadas nacidas (F_c).

Análisis de depresión consanguínea

El análisis de los registros de tamaño de camada fue realizado, separadamente en cada población, mediante un modelo animal con repetibilidad:

$$y = Xb + Z_1u + Z_2p + e$$

siendo como es habitual **y**, el vector de observaciones; **b**, el vector de efectos sistemáticos estación (4 niveles), ordinal de parto (5 niveles) y los coeficientes de regresión de los correspondientes coeficientes de consanguinidad (b_{Fm} y b_{Fc}, en *Torbiscal* y b_{Fc}^R y b_{Fc}^{NR}, en las otras dos estirpes); **u**, **p** y **e**, son los vectores de efectos genéticos aditivos, de ambiente permanente y de residuos; **X**, $\mathbf{Z_1}$ y $\mathbf{Z_2}$ son matrices de incidencia que relacionan **u**, **p** y **e** con las observaciones en **y**.

La implementación del análisis bayesiano de este modelo mediante muestreo de Gibbs ha sido descrita por WANG y col. (1994), precisamente con una aplicación a registros procedentes de la estirpe *Gamito*. Otros aspectos relativos a las características del muestreo y análisis post-Gibbs son similares a los descritos por RODRIGÁÑEZ y col. (1998).

Resultados y discusión

El número de cohortes trianuales analizadas ha sido 18 en *Guadyerbas* (1945-1997), 13 en *Gamito* (1945-1983) y 12 en *Torbiscal* (1963-1997). Entre todos los animales fundadores, la cerda *Ruperta* es la de mayor contribución a las tres poblaciones. En la figura 1 se representa su contribución proporcional a las tres estirpes, que tras fluctuaciones iniciales se estabilizó con

valores respectivos de 0,18, 0,29 y 0,09. A lo largo de los períodos analizados, el número efectivo de fundadores N_{fe} pasó de valores iniciales de 11,54, 8,00 y 22,29, en *Guadyerbas*, *Gamito* y *Torbiscal* a valores finales de 10,35, 6,81 y 35,53.

La importancia relativa de *Ruperta* se observa, aunque de forma algo más borrosa, si se utiliza un parámetro alternativo: el número efectivo de ancestros (fundadores o no). Pese a su elevada contribución a *Guadyerbas*, *Ruperta* no figura entre los 13 ancestros que explican la diversidad genética de la población actual (N_{fa} = 6,81). Ello puede atribuirse a un cuello de botella existente en la población hacia 1965. En *Gamito* son también 13 los ancestros (N_{fa} = 5,37) que explican la diversidad de la última cohorte. Aunque la contribución marginal de *Ruperta* es la décima en importancia, dos de sus hijos y uno de sus nietos ocupan los tres primeros puestos. Por último, 54 ancestros explican la diversidad actual de *Torbiscal* (N_{fa} = 14,45), siendo *Ruperta* la única fundadora, la principal hembra y el sexto ancestro en cuanto a contribución marginal.

En cuanto a los resultados obtenidos por goteo de genes, en el que se asignan dos alelos distintos a cada fundador, el número equivalente de genomas fundadores N_{ge} descendió de valores iniciales de 10,76, 5,85 y 11,59, en *Guadyerbas*, *Gamito* y *Torbiscal* a valores finales de 2,02, 2,04 y 4,92, reflejando el efecto de la deriva genética (LACY, 1989). Los respectivos valores del número efectivo de genomas fundadores (BOICHARD y col., 1997) fueron, en las

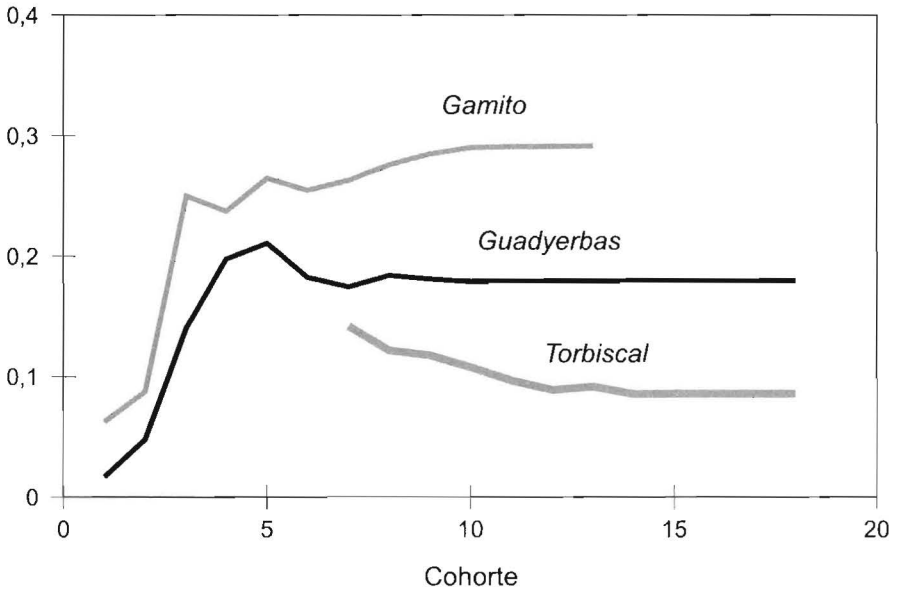


Figura 1. Contribución genética proporcional (p) de la fundadora Ruperta a las estirpes Guadyerbas, Gamito y Torbiscal

cohortes iniciales de cada estirpe: 9,71, 5,40 y 6,67, y en las finales: 1,38, 1,40 y 3,03.

Los cambios registrados en el número medio de alelos fundadores representados y en el número de alelos con origen en *Ruperta* se describen en la figura 2. El máximo de algunos de estos parámetros se observa en las cohortes 2ª ó 3ª, debido a que hasta ellas no se obtuvieron descendientes reproductores de todos los fundadores. Los valores finales respectivos son, en cuanto a alelos fundadores: 4,04 (d.t. 1,06), 4,21 (d.t. 1,12) y 9,90 (d.t. 1,73) y, en cuanto a alelos procedentes de *Ruperta*: 0,70, 1,07 y 0,77.

El tercero de los aspectos respecto al que podemos examinar el rastro de los fundadores, y de *Ruperta* entre ellos, es el de su contribución a la consanguinidad de las estirpes. En el cuadro 2 se sintetizan los valores de los componentes parciales de la consanguinidad , de acuerdo con las agrupaciones previamente descritas, de las 8.890 camadas nacidas en las tres estirpes. La proporción de la consanguinidad media que puede atribuirse a *Ruperta* es 0,193 en *Guadyerbas*, 0,329 en *Gamito* y 0,101 en *Torbiscal*.

En el análisis de la depresión consanguínea del tamaño de camada se obtuvieron resultados relativos a parámetros genéticos de este carácter en las estirpes estudiadas que se resumen en el cuadro 3. Los resultados de *Gamito* concuerdan con los obtenidos por WANG y col. (1994) y los de *Torbiscal* con los obtenidos mediante DFREML en un análisis anterior a partir de una mues-

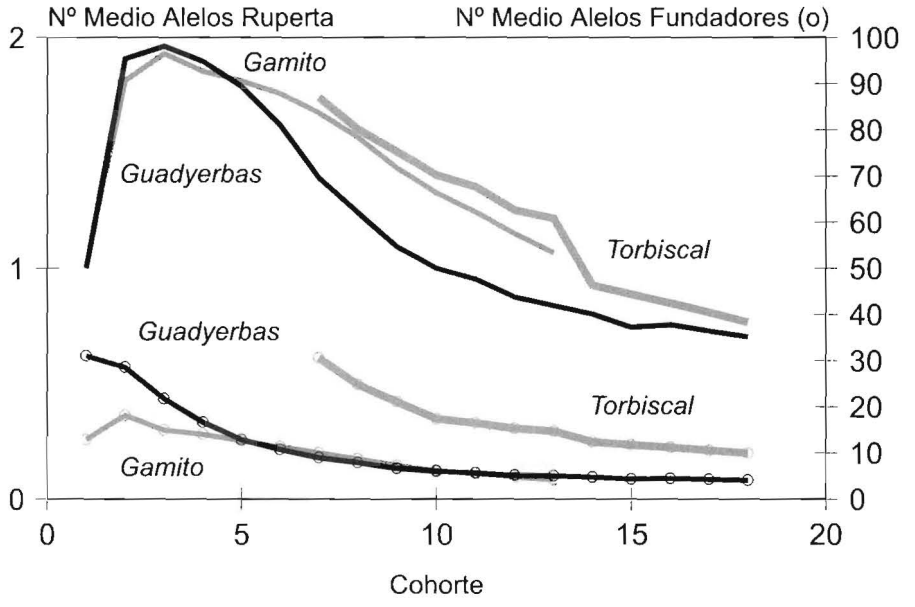


Figura 2. Número medio de alelos de Ruperta y Número medio de alelos fundadores ($\Sigma 2r_i$) en las estirpes Guadyerbas, Gamito y Torbiscal

CUADRO 2
COMPONENTES PARCIALES DE LA CONSANGUINIDAD DE LAS CAMADAS.EN LAS TRES ESTIRPES: CONSANGUINIDAD DEBIDA A LA FUNDADORA RUPERTA (F_C^R) Y AL RESTO DE LOS FUNDADORES EN GUADYERBAS Y GAMITO (F_C^{NR}) Y EN TORBISCAL (F_C^A, F_C^B, F_C^C Y F_C^{FR})

Estirpe		Componentes parciales de consanguinidad de las camadas			
		Media	d.t.	Mínimo	Máximo
Guadyerbas	F_c^R	0,043	0,021	0,000	0,125
	F_c^{NR}	0,180	0,087	0,000	0,424
Gamito	F_c^R	0,097	0,022	0,042	0,183
	F_c^{NR}	0,198	0,055	0,060	0,420
Torbiscal	F_c^R	0,011	0,004	0,000	0,055
	F_c^{NR}	0,029	0,012	0,000	0,164
	F_c^A	0,027	0,014	0,000	0,205
	F_c^B	0,011	0,007	0,000	0,087
	F_c^C	0,025	0,012	0,000	0,113

tra más reducida de madres y camadas (RODRÍGUEZ y col., 1994).

Se realizó un primer análisis de la depresión consanguínea en *Torbiscal* para determinar la importancia relativa del efecto de la consanguinidad de la madre (F_m) y de la camada (F_c) sobre el tamaño de ésta. Los resultados obtenidos (cuadro 4) indican un efecto negativo de la consanguinidad de la camada, con una disminución de -0,13 lechones vivos/camada por cada 10% de incremento de F_c, mientras que el efecto de F_m no es significativo. Un resultado similar se ha obtenido en el análisis de la depresión consanguínea del tamaño de camada realizado en otra piara cerrada (RODRIGÁÑEZ y col., 1998). Por ello, en el modelo de análisis de la depresión consanguínea mediante componentes parciales de consanguinidad, se ha contemplado únicamente la consanguinidad de las camadas.

Los resultados correspondientes a *Guadyerbas* y *Gamito*, se incluyen asimismo en el cuadro 4. Para el rastreo de la huella de *Ruperta*, la partición realizada de la depresión consanguínea distingue un componente atribuible a esta cerda (F_c^R) y otro al resto de los fundadores (F_c^{NR}). En *Guadyerbas*, las medias posteriores de los coeficientes de regresión de ambos componentes ($b_{F_c}^R$ y $b_{F_c}^{NR}$) sobre el número total de nacidos y el de nacidos vivos presentan valores negativos, indicativos de depresión consanguínea. Los valores de las desviaciones típicas posteriores reflejan las limitaciones de la información disponible, en particular la escasa dispersión de F_c^R (cuadro 2). El problema se acentúa en *Gamito*, donde son todavía menores tanto el número de animales y de registros como los coeficientes de variación de los componentes parciales de consanguinidad. Aunque los valores positivos de las medias posteriores de $b_{F_c}^R$ para ambos caracteres resultan sugestivos, los

CUADRO 3
MEDIA Y DESVIACION TÍPICA POSTERIOR DE HEREDABILIDAD (h^2), COEFICIENTE DE AMBIENTE PERMANENTE (p^2) Y REPETIBILIDAD DEL TAMAÑO DE CAMADA EN LAS TRES ESTIRPES

	Guadyerbas	Gamito	Torbiscal
Nacidos			
h^2	0,10 (0,04)	0,08 (0,04)	0,07 (0,02)
p^2	0,07 (0,03)	0,04 (0,03)	0,10 (0,02)
Repetibilidad	0,17 (0,03)	0,12 (0,03)	0,17 (0,02)
Nacidos vivos			
h^2	0,06 (0,03)	0,08 (0,04)	0,06 (0,02)
p^2	0,08 (0,03)	0,03 (0,02)	0,08 (0,02)
Repetibilidad	0,13 (0,03)	0,11 (0,03)	0,14 (0,01)

CUADRO 4
MEDIA Y DESVIACION TÍPICA POSTERIOR DE LOS EFECTOS DE LOS COEFICICIENTES DE CONSANGUINIDAD DE LA MADRE (F_{im}) Y DE LA CAMADA (F_c) Y DE LOS COMPONENTES PARCIALES DE ÉSTA (F_c^i, i= R, NR) SOBRE EL NÚMERO DE LECHONES NACIDOS Y NACIDOS VIVOS EN LAS TRES ESTIRPES

Estirpe	Efecto coeficiente consanguinidad	Nacidos por camada	Nacidos vivos por camada
Guadyerbas	F_c^R	-3,70 (5,35)	-1,64 (5,07)
	F_c^{NR}	-1,49 (1,61)	-1,94 (1,48)
Gamito	F_c^R	8,36 (13,20)	3,97 (12,93)
	F_c^{NR}	-4,70 (5,20)	-3,38 (5,09)
Torbiscal	F_{im}	-0,98 (1,00)	-0,51 (0,92)
	F_c	-0,72 (0,82)	-1,31 (0,80)

amplios valores de las desviaciones típicas posteriores imposibilitan cualquier inferencia sobre estos parámetros. En este punto del análisis, la imagen que podemos obtener de la huella de *Ruperta* aparece muy difuminada. En *Torbiscal*, la huella de *Ruperta* en cuanto a su posible contribución a la depresión consanguínea se pierde por completo. Al reducido valor de F_c^R y de su dispersión en esta estirpe hay que añadir que, agrupado por estirpes el elevado número de fundadores, los cinco coeficientes resultantes F_c^A, F_c^B, F_c^C F_c^R y F_c^{NR} están fuertemente correlacionados lo que hace ilegítimo el análisis de sus efectos.

Las pesquisas en torno al rastro de *Ruperta* nos han proporcionado hallazgos muy dispares, aunque ninguno de gran mé-

rito. Nuestro propósito, más modesto, era ensayar nuevas herramientas de investigación, y en este sentido, creemos que la búsqueda realizada ha sido un ejercicio saludable.

Bibliografía

BOICHARD D., MAIGNEL L. y VERRIER E., 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genetics, Selection, Evolution, 29, 5-23.

GANDINI G.C., SAMORE A. y PAGNACCO G., 1997. Genetic contribution of the Arabian to the Italian Haflinger horse. J. Anim. Breed. Genet. 114, 457-464.

JAMES J.W., 1972. Computation of genetic contributions from pedigrees. Theor. Appl. Genet. 42, 272-273.

LACY R.C., 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. Zoo Biology, 8, 111-123.

LACY R.C., BALLOU J.D., PRINCÉE F., STARFIELD A. y THOMPSON E.A., 1995. Pedigree analysis for population management. En Population management for survival and recovery. Analytical methods and strategies in small population conservation (ed. J.D. Ballou, M. Gilpin y T.J.R. Foose). 57-75. Columbia University Press, New York.

LACY R.C., ALAKS G. y WALSH A., 1996. Hierarchical analysis of inbreeding depression in Peromyscus polionotus. Evolution, 50, 2187-2200.

LACY R.C., 1997. Errata. Evolution 51, 1025.

MACCLUER J.W., VAN DER BERG J.L., READ B. y RYDER O.A., 1986. Pedigree analysis by computer simulation. Zoo Biology, 5, 147-160.

ODRIOZOLA M., 1976. Investigación sobre los datos acumulados en dos piaras experimentales, IRYDA, Madrid.

RODRIGÁÑEZ J., TORO M.A., SILIÓ L. y RODRÍGUEZ M.C., 1997a. Supervivencia de alelos en la piara Large White de la Misión Biológica de Galicia. ITEA Vol. Extra 18 (I), 351-353.

RODRIGÁÑEZ J., TORO M.A., SILIO L. y RODRÍGUEZ M.C., 1997b. Fifty years of conservation of a black hairless strain of Iberian pigs. International Symposium on Mediterranean Animal Germplasm and Animal Challenges. Benevento, 1995., E.A.A.P. Publication, 85, 183-186.

RODRIGÁÑEZ J., TORO M.A., RODRÍGUEZ M.C. y SILIÓ L., 1998. Founder allele survival and inbreeding depression on litter size in a closed line of Large White pigs. Animal Science , 67, 3, (en prensa).

RODRIGUEZ M.C., RODRIGÁÑEZ J. y SILIÓ L., 1994. Genetic analysis of maternal ability in Iberian pigs. J. Anim. Breed. Genet. 111, 220-227.

SÖLLKNER J. y FILIPCIC L., 1997. Genetic variability of population and similarity of subpopulations in cattle breeding evaluated by analysis of pedigrees. 48th Annual Meeting of the E.A.A.P., Viena.

WANG C.S., RUTLEDGE J.J. y GIANOLA D., 1994. Bayesian analysis in mixed linear models via Gibbs sampling with an application to litter size in Iberian pigs. Genetics, Selection, Evolution , 26: 91-115.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3,** 325-333

MODELIZACIÓN Y ESTIMA DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA LA PRODUCCIÓN DE LECHE Y PROTEÍNA EN EL DÍA DE CONTROL EN LA RAZA OVINA MANCHEGA

M. Serrano*
J.J. Jurado*
M.D. Pérez-Guzmán**
V. Montoro**

* Departamento de Mejora Genética
y Biotecnología. INIA.
Apdo. 8111
28080 Madrid

** CERSYRA
Avda. del Vino 2
13300 Valdepeñas
Ciudad Real

España

RESUMEN

Se realiza un estudio preliminar sobre la modelización y estima de parámetros genéticos de la producción de leche y porcentaje de proteína en el día de control en ovejas de raza Manchega. Para todos los controles y lactaciones los modelos fijos que incluyeron el grupo de comparación rebaño-año-mes de control presentaron mayor coeficiente de determinación que el resto de los modelos tanto para leche como para porcentaje de proteína. Los parámetros genéticos estimados para la producción de leche y porcentaje de proteína en el día de control bajo un modelo animal multicarácter considerando los cuatro controles como caracteres distintos dentro de lactación e incluyendo como grupo de comparación el rebaño-año de control, y el mes de control independiente de éste, tomaron valores similares a los estimados para la producción estandarizada a 120 días –0,15 y 0,28 para leche y % de proteína, respectivamente– en el caso del 2°, 3° y 4° control. El primer control presentó valores inferiores de heredabilidad en todas las lactaciones y ambos caracteres que los estimados para el resto de los controles y para las producciones estandarizadas a 120 días. Las correlaciones genéticas entre los distintos controles productivos en una lactación, aunque positivas y elevadas entre los controles de ambos caracteres, fueron distintas de uno, pudiendo reflejar una distinta base genética subyacente a cada uno de los controles.

Palabras clave: Producción en el día de control, Modelos, Parámetros genéticos, Ovino.

SUMMARY

TEST DAY MODELS AND GENETIC PARAMETERS FOR MILK YIELD AND PROTEIN PERCENTAGE IN MANCHEGA MILK EWES

Test day milk yield and protein percentage models and genetic parameters estimation has been studied in Manchega milk ewes. Test day milk yield and protein percentage fixed models which included herd-test day contemporary group presented higher determination coefficients than those ones with herd-year of test and month of test considered as independent effects. Genetic parameters for test day data were estimated under a multitrait animal model which considered production in successive test days within lactation as different traits. Genetic parameters for 120 day milk and protein percentage production were also estimated separately. Heritabilities for the second, third and fourth test days were similar to those estimated for 120 days standardised milk yield and protein percentage, 0,15 and 0.28, respectively. The first test day yield presented lower heritability values for all lactations and both, milk and protein percentage, than those of the standardised traits ones. Genetic correlations estimates among milk and protein percentage test days yields within each lactation were high and positive but different from one, which could reflect different genetic action for each test day yield.

Key words: Test day yields, Models, Genetic parameters, Milk ewes.

Introducción

Es norma generalizada que la producción de leche de las ovejas en una lactación se estime de forma aproximada mediante el método del día centrado o Fleischman, tipificando la lactación de los animales a una longitud prefijada de la misma. La bondad de dicho método depende principalmente de la calidad del control lechero en cuanto al aspecto temporal de la recogida de las muestras o controles. Es muy frecuente, dado el tipo de manejo de los animales de esta raza, que los controles productivos se realicen con intervalos de tiempo muy variables lo cual tiene como consecuencia la desincronización entre el número cronológico del control y el estado de lactación del animal controlado. Por ello se plantea la necesidad de buscar métodos alternativos que permitan superar estas dificultades.

En los últimos años, en ganado vacuno de leche se han realizado estudios sobre un carácter alternativo a la producción estandarizada de leche, que es la producción diaria de leche o producción en el control, que presenta la ventaja de ser un carácter que depende de una sola medida y no del conjunto de varias y que permite la eliminación de controles anómalos, sin por ello tener que desechar una lactación completa.

Siguiendo por tanto las experiencias realizadas en vacuno de leche, en este trabajo se han llevado a cabo los primeros estudios encaminados a la definición de un modelo de valoración genética para la producción de leche y porcentaje de proteína en el día de control y estimas de parámetros genéticos para dichos caracteres, en ovejas de raza Manchega.

Material y Métodos

El primero de los estudios tuvo como fin la definición del modelo de efectos fijos más adecuado para el tratamiento de la pro-

ducción de leche y porcentaje de proteína en el día de control. Este estudio se basó en aquellos ya realizados en vacuno de leche (STRABEL y SZWACZKOWSKI, 1995; REKAYA, 1997) y algunos existentes en ovino de leche (BARO, 1994; BARRILLET, y BOICHARD, 1994).

Posteriormente se realizaron estimas de componentes de varianza de estos caracteres. Existen referencias en vacuno de leche donde los controles de una misma lactación son tratados como medidas repetidas del mismo carácter, y en las distintas lactaciones como caracteres diferentes (PTAK y SCHAEFFER, 1993 y REENTS y col. 1995). Por otro lado, escasos estudios abordan modelos multicarácter de los controles dentro de lactación (REKAYA, 1997), debido a las grandes exigencias computacionales que requieren. Sin embargo dado que en ovino de leche el número de controles es más reducido (4 controles en ovino frente a 10 en vacuno) se decidió comenzar el estudio realizando estimas de componentes de varianza con modelos multicarácter intralactación, considerando cada control productivo como un carácter independiente.

Para el estudio se han empleado los datos productivos del control lechero oficial de la raza ovina Manchega acumulados hasta Noviembre de 1997 y los registros genealógicos correspondientes a dichos datos. Esto supone 106.515 lactaciones pertenecientes a 67.250 ovejas, y un registro genealógico de 75.759 animales. Del total de los datos se seleccionaron aquellos que cumplían los siguientes requisitos:

– Intervalo parto-primer control entre 30-72 días después del parto.

– Intervalo entre controles 26-34 días.

– Producción de leche en el control mayor o igual a 200 ml. y menor o igual a 3.074 ml.

– Porcentaje de proteína distinto de cero en cada control.

– Cuatro controles registrados como mínimo en la lactación.

– Tener al menos registro genealógico de madre.

– Tener número de lactación y número de crías al parto conocido.

Con estas condiciones se obtuvo una base de datos de 22.954 lactaciones correspondientes a 7.996 ovejas de 1ª lactación que suponen 31.984 controles, 7.882 ovejas de 2ª lactación (31.528 controles) y 7.076 ovejas de 3ª o más lactaciones (28.304 controles). En el cuadro 1 se presenta un resumen de las producciones medias para ml. de leche y % de proteína de cada uno de los controles productivos correspondientes a dichos datos.

Los modelos de efectos fijos para definir la producción en el día de control para leche y % de proteína fueron analizados mediante el procedimiento GLM del paquete estadístico SAS (SAS, 1990). Estos modelos fueron estudiados para cada lactación, 1ª, 2ª y 3ª o más, y control productivo, 1°, 2°, 3° y 4°.

Los modelos analizados fueron los siguientes:

$$\text{Modelo 1: } y = ncr + edp + rba + est + del + \varepsilon$$

$$\text{Modelo 2: } y = ncr + edp + rba + est + del/cov + \varepsilon$$

$$\text{Modelo 3: } y = ncr + edp/cov + rba + est + del + \varepsilon$$

$$\text{Modelo 4: } y = ncr + edp + rdc + del + \varepsilon$$

CUADRO 1
MEDIAS Y DESVIACIONES TÍPICAS PARA LOS DÍAS EN LACTACIÓN, PRODUCCIÓN DE LECHE EN ml. Y % DE PROTEÍNA REGISTRADOS EN EL DÍA DE CONTROL, PARA CADA UNO DE LOS CONTROLES PRODUCTIVOS, EN EL TOTAL DE LOS DATOS Y EN 1ª, 2ª Y 3ª O MÁS LACTACIONES

	Control	Total Lactaciones N = 22.954	1ª Lactación N = 7.996	2ª Lactación N = 7.882	3ª o más Lactaciones N = 7.076
Días en Lactac.	1° C.	47,29±9,49	47,33±9,25	47,20±9,60	47,34±9,68
	2° C.	77,19±9,78	77,23±9,57	77,16±9,83	77,18±10,04
	3° C.	107,05±10,07	107,17±9,86	107,05±10,05	106,88±10,40
	4° C.	136,72±10,43	136,95±10,15	136,67±10,42	136,45±10,83
LECHE (ml.)	1° C.	1327,12±544,53	1225,02±517,66	1370,63±558,47	1414,75±538,98
	2° C.	1108,91±482,69	1113,37±488,37	1117,94±493,64	1089,15±456,86
	3° C.	875,96±409,67	908,84±431,51	866,53±407,64	841,04±374,38
	4° C.	667,96±341,38	691,41±356,43	667,09±343,13	634,49±312,00
PROTE. (%)	1° C.	5,33±0,67	5,21±0,64	5,37±0,66	5,43±0,69
	2° C.	5,65±0,68	5,49±0,65	5,71±0,66	5,79±0,70
	3° C.	6,02±0,76	5,86±0,74	6,08±0,75	6,16±0,78
	4° C.	6,31±0,89	6,22±0,86	6,33±0,88	6,41±0,92

Modelo 5: $y = ncr + edp + rdc + del/cov + \varepsilon$

Modelo 6: $y = ncr + edp/cov + rdc + del + \varepsilon$

Donde:

y = registro de producción (ml. de leche o % de proteína) en el control.

ncr = número de crías al parto (3 niveles).

edp = edad al parto en meses como variable categórica (12 niveles en 1ª lactación, 29 niveles en 2ª lactación y 61 niveles en 3ª lactación).

edp/cov = edad al parto en meses como covariable.

rba = efecto rebaño-año del control (196 niveles en 1ª y 2ª lactación y 201 en 3ª lactación).

rdc = efecto rebaño-año-mes de control (n° de niveles variable según control y lactación, mínimo 658 niveles y máximo 688).

est = estación del control (12 niveles en cada control).

del = días en lactación como variable categórica (43 niveles en el 1° control, 50 niveles en el 2° control, 55 niveles en el 3° control y 58 niveles en el 4° control).

del/cov = días en lactación como covariable.

ε = residuo.

Los componentes de varianza se estimaron mediante el programa VCE 4.2 (GROENEVELD, 1998) con un modelo multicarácter dentro de lactación (1ª, 2ª y 3ª o más lactaciones) basado en el modelo1 de efectos fijos, que incluyó cada uno de los cuatro controles productivos de la lactación de un animal, y cuya ecuación fue la siguiente:

$$y_{ijklmnp} = ncr_j + edp_k + rba_l + est_{m(i)} + \\ + del_{(n)i} + g_{(p)i} + \varepsilon_{ijklmnp}$$

Donde:

$y_{ijklmnp}$ = produción de leche (ml.) o porcentaje de proteína en el control i (i=1,4) de la oveja p.

ncr_j = número de crías al parto j.

edp_k = edad al parto k.

rba_l = grupo de comparación rebaño-año de control l.

$est_{(m)i}$ = mes m del control i.

$del_{(n)i}$ = días en lactación n hasta el control i.

$g_{(p)i}$ = genotipo del animal p para el control i.

$\varepsilon_{ijklmnp}$ = residuo.

En este análisis intervinieron 7.996 ovejas de 1ª lactación con un registro genealógico de 14.311 animales, 7.882 ovejas de 2ª lactación con un registro genealógico de 13.689 animales y 7.076 ovejas de 3ª o más lactaciones con un registro genealógico de 10.357 animales.

Posteriormente se realizó una estima de componentes de varianza de los caracteres leche y porcentaje de proteína tipificados a 120 días de lactación, con el modelo utilizado en el esquema de selección de esta raza (Serrano y col., 1996) sobre el total de los datos (22.954 registros productivos y 23.051 registros genealógicos).

Resultados y discusión

Los resultados de los modelos de efectos fijos probados para todas las lactaciones y cada uno de los controles, se presentan en el cuadro 2. En general para todos los controles, lactaciones y modelos la mayoría de los efectos fueron muy significativos ($p<0,001$). Solo en algunos casos los efectos número de crías al parto y la edad al parto fueron significativos a más del 6% de probabilidad.

En general todos los modelos presentaron un coeficiente de determinación decreciente desde el primer control al cuarto control para ml. de leche en todas las lactaciones y una tendencia contraria, de aumento, para el porcentaje de proteína. El modelo que presentó un mayor coeficiente de determinación, para todas las lactaciones y cada uno de los controles dentro de lactación, fue el modelo 4. Estos resultados coinciden con gran cantidad de estudios en vacuno y ovino de leche (REKAYA, 1997; STRABEL y SZWACZKOWSKI, 1995; BARRILLET y BOICHARD, 1994, etc.) en los que el grupo de comparación rebaño-fecha de control es el efecto sistemático más significativo en la determinación de la producción en el día de control. Sin embargo los modelos que incluyen dicho efecto, presentan problemas, ya que los grupos de comparación así constituidos son de pequeño tamaño, y como indican algunos autores en la revisión realizada por SWALVE en 1995, esto puede ser el obstáculo más importante a la hora de abordar este tipo de modelos.

CUADRO 2
COEFICIENTES DE DETERMINACIÓN (R^2) EN PORCENTAJE DE CADA UNO DE LOS MODELOS DE EFECTOS FIJOS OBTENIDOS PARA CADA LACTACIÓN Y CONTROL PRODUCTIVO MEDIANTE EL PROCEDIMIENTO GLM DEL PAQUETE ESTADÍSTICO SAS, PARA ml. DE LECHE Y % DE PROTEÍNA

		Control 1		Control 2		Control 3		Control 4	
Lacta	Modelo	Leche	Prot.	Leche	Prot.	Leche	Prot.	Leche	Prot.
1ª	Modelo 1	48,81	27,40	47,80	32,74	47,33	31,07	42,46	33,87
LACTA.	Modelo 2	48,49	26,90	47,55	32,27	46,96	30,42	41,81	33,06
	Modelo 3	48,74	27,32	47,69	32,67	47,25	30,87	42,37	33,68
	Modelo 4	55,97	38,76	55,54	43,23	55,14	40,70	50,37	43,71
	Modelo 5	55,70	38,37	55,30	42,82	54,85	43,71	49,80	43,02
	Modelo 6	55,92	38,66	55,45	43,17	55,02	40,58	50,33	43,57
2ª	Modelo 1	43,55	26,47	40,85	30,35	35,16	26,63	31,93	31,80
LACTA.	Modelo 2	43,19	26,10	40,52	29,84	34,82	25,98	31,48	31,25
	Modelo 3	43,34	26,02	40,60	30,05	34,93	26,29	31,64	31,60
	Modelo 4	50,91	36,87	49,68	41,33	43,67	37,45	42,70	43,20
	Modelo 5	50,63	36,53	49,39	40,88	43,34	36,98	42,27	42,77
	Modelo 6	50,71	36,50	49,51	41,19	43,50	37,19	42,50	43,07
3ª	Modelo 1	35,60	21,02	29,61	24,72	29,02	25,91	26,99	31,80
LACTA.	Modelo 2	36,14	21,67	30,00	25,30	29,81	26,15	27,52	32,12
	Modelo 3	35,61	21,22	29,70	24,95	29,26	26,15	27,24	31,84
	Modelo 4	43,64	31,38	38,25	36,05	39,15	37,19	38,10	42,99
	Modelo 5	43,47	31,12	31,12	35,71	38,96	36,77	37,69	42,56
	Modelo 6	42,97	30,70	30,70	35,48	38,48	36,80	37,44	42,44

En nuestro caso para la estima de componentes de varianza, dada la imposibilidad de crear grupos de comparación rebaño-fecha de control para cada control dentro de lactación, con un suficiente número de observaciones por nivel, se recurrió a la utilización de los efectos sistemáticos del modelo 1, en el cual los efectos rebaño-año de control, edad al parto y número de crías al parto son comunes a todos los controles de un mismo animal, y el mes de control y los días en lactación son distintos para cada uno de los controles productivos del animal.

Los parámetros genéticos estimados con el modelo multicarácter intra-lactación antes descrito para la producción de leche y % de proteína en el día de control se presentan en los cuadros 3 y 4, respectivamente. En el caso de 3ª o más lactaciones para leche, las estimas se presentan sin error debido a limitaciones en el software.

Los resultados coinciden en líneas generales con aquellos obtenidos por algunos autores en vacuno de leche. El primer control presenta heredabilidades inferiores tanto para leche como % de proteína frente

al resto de los controles, en todas las lactaciones estudiadas, como ocurre en PANDER y col., 1992 y en REKAYA, 1997 con datos de 1ª lactación en vacuno de leche. Este hecho podría deberse a que es precisamente el primer control aquel que tiene mayor variabilidad en los días en lactación por ser mayor el intervalo de tiempo en el que se puede tomar la muestra (30 a 72 días después del parto según la normativa oficial).

Las correlaciones genéticas entre controles de una misma lactación presentaron valores altos y positivos, y generalmente de mayor magnitud entre controles sucesivos, tanto para leche como para proteína, coincidiendo con la tendencia general observada en las estimas obtenidas en vacuno de leche (REKAYA, 1997, VARGAS y col, 1998). Las correlaciones fenótipicas en todos los casos presentaron valores muy inferiores a las genéticas, coincidiendo de nuevo con los resultados obtenidos en vacuno de leche (PANDER y col., 1992, REKAYA, 1997 y VARGAS y col,, 1998). Las estimas de heredabilidad para la producción de leche y % de proteína tipificadas a 120 días de lactación tomaron los valores de 0,15±0,01 y 0,28±0,01, respectivamente, que resultan muy similares a los encontradas para los distintos controles y lactaciones.

Como conclusión a los estudios preliminares llevados a cabo en este trabajo podríamos apuntar que:

– Las heredabilidades de los distintos controles productivos tanto para leche como % de proteína son similares dentro y entre lactaciones y al valor de ésta para los caracteres tipificados a 120 días de lactación, a excepción del primer control cuyos valores de heredabilidad fueron claramente inferiores a los del resto de los controles en todas las lactaciones.

CUADRO 3
PARÁMETROS GENÉTICOS Y SUS ERRORES TÍPICOS, (HEREDABILIDADES EN LA DIAGONAL, CORRELACIONES GENÉTICAS SOBRE LA DIAGONAL Y CORRELACIONES FENOTÍPICAS BAJO LA DIAGONAL) PARA CADA UNO DE LOS CUATRO CONTROLES PRODUCTIVOS DE LECHE (ml.), ESTIMADOS PARA CADA UNA DE LAS LACTACIONES, PRIMERA, SEGUNDA Y TERCERA O MÁS

		1° Control	2° Control	3° Control	4° Control
1ª	1° Control	0,15±0,02	0,80±0,05	0,82±0,05	0,60±0,08
LACTAC.	2° Control	0,52	0,18±0,01	0,95±0,02	0,77±0,05
7996 reg.	3° Control	0,44	0,61	0,17±0,02	0,91±0,03
14311 ani.	4° Control	0,33	0,50	0,61	0,18±0,02
2ª	1° Control	0,13±0,01	0,89±0,05	0,70±0,08	0,60±0,09
LACTAC.	2° Control	0,53	0,13±0,02	0,94±0,03	0,80±0,07
7882 reg.	3° Control	0,43	0,64	0,16±0,02	0,79±0,06
13689 ani.	4° Control	0,35	0,52	0,64	0,14±0,02
3ª o más	1° Control	0,10	0,95	0,71	0,84
LACTAC.	2° Control	0,56	0,19	0,89	0,96
7076 reg.	3° Control	0,45	0,66	0,14	0,97
10357 ani.	4° Control	0,34	0,53	0,63	0,25

CUADRO 4
PARÁMETROS GENÉTICOS Y SUS ERRORES TÍPICOS, (HEREDABILIDADES EN LA DIAGONAL, CORRELACIONES GENÉTICAS SOBRE LA DIAGONAL Y CORRELACIONES FENOTÍPICAS BAJO LA DIAGONAL) PARA CADA UNO DE LOS CUATRO CONTROLES PRODUCTIVOS DE % DE PROTEÍNA, ESTIMADOS PARA CADA UNA DE LAS LACTACIONES, PRIMERA, SEGUNDA Y TERCERA O MÁS

		1° Control	2° Control	3° Control	4° Control
1ª	1° Control	0,17±0,02	0,68±0,06	0,84±0,06	0,67±0,09
LACTAC.	2° Control	0,38	0,23±0,02	0,93±0,03	0,60±0,07
7996 reg.	3° Control	0,25	0,45	0,19±0,02	0,82±0,05
14311 ani.	4° Control	0,17	0,28	0,43	0,23±0,02
2ª	1° Control	0,13±0,02	0,85±0,06	0,84±0,07	0,50±0,08
LACTAC.	2° Control	0,41	0,25±0,02	0,96±0,02	0,55±0,06
7882 reg.	3° Control	0,26	0,44	0,21±0,02	0,75±0,05
13689 ani.	4° Control	0,18	0,30	0,44	0,24±0,02
3ª o más	1° Control	0,17±0,03	0,83±0,07	0,81±0,07	0,55±0,10
LACTAC.	2° Control	0,48	0,26±0,03	0,99±0,01	0,92±0,05
7076 reg.	3° Control	0,32	0,49	0,21±0,02	0,93±0,04
10357 ani.	4° Control	0,20	0,32	0,48	0,28±0,03

– Las correlaciones genéticas entre los controles de una misma lactación fueron distintas a 1, y mayores entre controles consecutivos, lo cual indica que los controles podrían no responder a la misma base genética.

– La producción de leche y porcentaje de proteína en el día de control podría ser una alternativa como criterio de selección al actual de producción tipificada a 120 días de lactación, ya que las heredabilidades son similares y el primero evitaría los errores cometidos en la propia toma de datos del control lechero.

Son necesarios más estudios, en el sentido de definir el tratamiento de estos caracteres, dentro y entre lactaciones, y de profundizar en el sentido de las correlaciones entre la cantidad de leche y los parámetros de calidad de ésta (porcentaje de grasa, proteína y extracto seco) en los controles productivos. Por otro lado, también será objeto de futuros estudios, la definición del grupo de comparación más adecuado al modelo de valoración de estos nuevos caracteres, y la posible incorporación de otros efectos ambientales que incidan sobre estos caracteres productivos.

Bibliografía

BARO J.A., CARRIEDO J.A. y SAN PRIMITIVO F., 1994. Genetic parameters of test day measures for somatic cell count, milk yield and protein percentage of milking ewes. J. Dairy Sci. 77, 2658-2662.

BARRILLET F. y BOICHARD D., 1994. Use of first lactation test-day data for genetic evaluation of the

Lacaune dairy sheep. Proc. Of the 5th WCGALP, Guelph. 18, 111-114.

GROENEVELD E., 1998. Programa VCE versión 4.2 para SunOS.

JURADO J.J., SERRANO M., PÉREZ-GUZMÁN M.D. y MONTORO V., 1997. Estimas de componentes de varianza y respuesta a la selección en la raza ovina Manchega mediante Muestreo de Gibbs. Investigación Agraria, producción y sanidad animales. Vol. 12 (1, 2 y 3). 27-40.

PANDER N.L., HIL W.G. y THOMPSON R., 1992. Genetic parameters of test day records of British Holstein-Friesian heifers. Anim. Prod. 55,11-21.

PTAK E. y SCHAEFFER L.R., 1993. Use of test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cows. Livest. Prod. Sci. 34, 23-34.

REENTS R., DEKKERS J.M.C. y SCHAEFFER L.R., 1995. Genetic evaluation with a multiple lactation test day model for SCS and production traits. Interbull Open Meeting. Praga.

REKAYA R., 1997. Análisis Bayesiano de datos de producción en los días del control para la selección de caracteres lecheros. Tesis Doctoral. E.T.S.I.A. Univ. Politécnica de Madrid.

SAS 1990., SAS/ETS versión 6. Sas Institute Inc. Cary, NC. USA.

SERRANO M., PÉREZ-GUZMÁN M.D., MONTORO V. Y JURADO J.J., 1996. Genetic parameters estimation and selection progress for milk yield in Manchega sheep. Small Ruminant Research. 23, 51-57.

STRABEL T. y SZWACZKOWSKI T., 1995. The modelling of some nongenetic effects on test day milk yields in dairy cattle. 46th Annual Meeting of the EAAP. Praga.

SWALVE H.H., 1995. Test day models in the analysis of dairy production data –a rewiev. Arch. Tierz., Dummerstorf. 38, 11-30.

VARGAS B., PÉREZ. E. y VAN ARENDONK J.A.M., 1998. Analysis of test day yield data of Costa Rica dairy cattle. J. Dairy Sci. 81, 225-263.

ITEA (1998). Vol. **94A N.° 3,** 334-339

ESTRATEGIAS DE SELECCIÓN PARA CONTROLAR LA CONSANGUINIDAD EN PROGRAMAS DE MEJORA

B. Fernández†
M. Toro*
A. Caballero†

† Dep. Bioquímica, Genética e Inmunología
Facultad de Ciencias
Universidad de Vigo
36200 Vigo

* Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias
Carretera de la Coruña s/n.
28040 Madrid

España

RESUMEN

Se han comparado dos métodos para controlar la consanguinidad en programas de selección: la minimización de las contribuciones de padres a hijos y la minimización del parentesco promedio entre los individuos seleccionados. En poblaciones seleccionadas el segundo método es más eficaz que el primero incluso aunque la población base esté constituida por individuos no emparentados. Se concluye también que los métodos son efectivos cuando se considera ligamiento estrecho, a menos que éste sea total.

Palabras clave: Deriva genética, Selección, Consanguinidad, Conservación.

SUMMARY
SELECTION STRATEGIES FOR CONTROLLING INBREEDING IN SELECTION PROGRAMMES

Two methods for controlling inbreeding in selection programmes have been compared: minimisation of contributions from parents to offspring and minimisation of average coancestry of selected individuals. In selected populations the second method is more efficient than the first one even if individuals in the base population are unrelated. It is also concluded that the methods are effective when linkage is tight, unless this is complete.

Key words: Genetic drift, Selection, Inbreeding, Conservation.

Introducción

La selección con los métodos actuales de evaluación conlleva una mayor precisión y, con ello, una mayor respuesta, pero también conlleva un incremento paralelo en la consanguinidad. Es de todos conocido que la consanguinidad produce efectos indeseables, tales como la reducción de variabili-

dad genética, la depresión consanguínea y la reducción en la probabilidad de fijación de genes favorables. Por ello, en los últimos años se ha llevado a cabo un esfuerzo investigador considerable en la búsqueda de métodos para controlar la consanguinidad en programas de mejora de animales domésticos. Las estrategias investigadas están basadas en métodos de selección (e.g., WRAY y GODDARD, 1994; BRISBANE y GIBSON, 1995; MEUWISSEN, 1997), métodos de apareamiento (e.g., CABALLERO y col., 1996) o combinaciones de ambos (e.g., TORO y PÉREZ-ENCISO, 1990). Todos los métodos sugeridos están basados, de una manera u otra, en el mismo principio. La elección de los parentales debe llevarse a cabo penalizando a aquéllos individuos que tienen un mayor grado de parentesco con sus congéneres. Los métodos más recientes y sofisticados (por ejemplo el de MEUWISSEN, 1997), aunque muy eficientes, pueden resultar difíciles de ejecutar por mejoradores sin una base matemática sólida. En este trabajo, investigamos uno de los métodos más simples y clásicos de control de la consanguinidad, la minimización de la varianza de las contribuciones de ascendientes a descendientes.

La tasa de incremento en consanguinidad viene reflejada por el inverso del doble del censo efectivo de población (Ne). Sin selección y suponiendo apareamiento aleatorio, la expresión del censo efectivo es

$$\frac{1}{Ne} = \frac{1}{16M}\left[2 + S^2_{m\,m} + 2\left(\frac{M}{F}\right)S_{mm,mf} + \left(\frac{M}{F}\right)^2 S^2_{mf}\right] + \frac{1}{16F}\left[2 + S^2_{ff} + 2\left(\frac{F}{M}\right)S_{ff,fm} + \left(\frac{F}{M}\right)^2 S^2_{fm}\right] \quad (1)$$

(HILL, 1979), donde M (F) es el número de reproductores machos (hembras), S^2_{sm} (S^2_{sf}) es la varianza del número de hijos (hijas) con los que contribuyen los parentales de sexo s (m o f), y $S_{sm,\,sf}$ es la correspondiente covarianza. Es bien conocido que minimizando la varianza de las contribuciones de padres a hijos se produce un aumento del censo efectivo y, por tanto, un descenso de la tasa de consanguinidad. Por ejemplo, si cada padre contribuye con un hijo y M/F hijas, y cada madre contribuye con una hija, y con un hijo con probabilidad F/M, el censo efectivo se obtiene mediante la expresión $1/Ne = 3/16M + 1/16F$ (GOWE y col., 1959) y, si $M = F$, $Ne=2N$, aproximadamente. Se pueden obtener, sin embargo, censos efectivos aún mayores si, además de minimizar la varianza de las contribuciones, también se lleva a cabo apareamiento no aleatorio y subdivisión de la población (ver WANG, 1997).

En el contexto de la selección artificial, la mínima varianza de las contribuciones de padres a hijos se consigue con la selección intrafamiliar, pero la precisión de la selección y la respuesta se ven muy reducidas con este método (ver HILL y col., 1996). Se puede, sin embargo, reducir la varianza restringiendo la pérdida en respuesta a un valor aceptable, por ejemplo el 5% de la respuesta que se obtendría sin ningún control en la consanguinidad (TORO y PÉREZ-ENCISO, 1990). Este es el método que llamaremos de aquí en adelante, método MV.

No obstante, la fórmula (1) no es una predicción válida de la tasa asintótica de consanguinidad en programas de selección, ya que no sólo depende de las varianzas de las contribuciones en una generación, sino de las contribuciones a largo plazo. Esto ocurre porque con selección sobre un carácter heredable la ventaja selectiva se transmite a generaciones sucesivas exacer-

bando las asociaciones fortuitas entre genes neutros y seleccionados (ver WOOLLIAMS y col., 1993, SANTIAGO y CABALLERO, 1995). Las contribuciones de ascendientes a descendientes se hacen constantes al cabo de unas pocas generaciones (cuatro o cinco sin ligamiento) y la varianza de estas contribuciones determina el censo efectivo. De esta forma, la ecuación (1) puede validarse si se sustituyen las varianzas y covarianzas de una generación por las correspondientes varianzas y covarianzas de las contribuciones de ascendientes en una generación a descendientes en futuras generaciones. Estas varianzas a largo plazo se pueden predecir en función de la varianza de una generación, la intensidad de selección, y la correlación genética y ambiental entre parientes.

De la discusión anterior parece evidente que la minimización de la consanguinidad pasa por la minimización de las varianzas de las contribuciones de ascendientes a descendientes. Esto implicaría la minimización simultánea de la varianza de las contribuciones de todas las generaciones anteriores a la presente generación *t*, es decir, de la *t*-1 a la *t*, de la *t*-2 a la *t*, de la *t*-3 a la *t*, etc. Un resultado equivalente se obtendría seleccionando aquéllos individuos que presentan un menor parentesco entre ellos, en razón del siguiente argumento. Seleccionar individuos minimizando la varianza de las contribuciones de la generación parental, *t*-1, a la actual, *t* (o sea, maximizar el censo efectivo expresado en la ecuación 1) equivale a seleccionar aquéllos individuos que tienen un parentesco menor en relación a sus padres, es decir, equivale a minimizar el número de hermanos y medios hermanos. Análogamente, seleccionar individuos minimizando la varianza de las contribuciones de la generación *t*-2 a la *t* equivale a seleccionar aquéllos individuos que tienen un parentesco menor en relación a sus abuelos, es decir, equivale a minimizar el número de primos; y así sucesivamente. Por tanto, la selección de individuos con mínimo parentesco equivale a la selección con mínima varianza de las contribuciones a largo plazo y, con ello, a la forma teóricamente más efectiva de controlar la consanguinidad.

La selección de individuos con el mínimo parentesco (que llamaremos método MP) ha sido estudiada mediante métodos aproximados por BRISBANE y GIBSON (1995) y otros autores, y por BALLOU y LACY (1995) en el contexto de poblaciones no seleccionadas. Cuando la población base es una población de individuos no emparentados (o con igual parentesco entre ellos) y no hay selección, los métodos MV y MP deben ser equivalentes. Cuando la población base presenta parentescos desiguales entre los individuos, sin embargo, el método MP es más efectivo hasta que el parentesco medio se uniformice en la población (ver Ballou y Lacy, 1995). Con selección, sin embargo, se espera que la ventaja de MP sea general, ya que la propia selección producirá continuamente parentescos desiguales en la población.

Mediante simulación estocástica por ordenador llevamos a cabo una comparación entre los métodos MV y MP en una población con 16 machos y 16 hembras, de los que se seleccionan durante 10 generaciones los mejores 4 machos y 8 hembras de acuerdo con su fenotipo, y cada macho seleccionado se aparea con dos hembras para obtener de nuevo los 32 individuos evaluados en cada generación. El carácter seleccionado esta controlado por un modelo infinitesimal con heredabilidad 0,1 ó 0,4. En cada generación, de entre los 32 individuos evaluados se buscan todas las posibles combinaciones de machos y hembras seleccionados cuya media fenotípica (desviada

de la media de la población) no sea inferior en una cierta proporción (la máxima respuesta que estamos dispuestos a perder) a la media obtenida seleccionando a los individuos con el mejor fenotipo. A continuación se calcula la varianza de las contribuciones de padres a hijos y el parentesco promedio para la combinación correspondiente. La combinación con mínima varianza (MV) o parentesco (MP) constituye la población parental de la siguiente generación. Puesto que se utilizan todas las posibles combinaciones de individuos, ambos métodos son exactos, a diferencia de estudios anteriores, en los que se usan procedimientos aproximados.

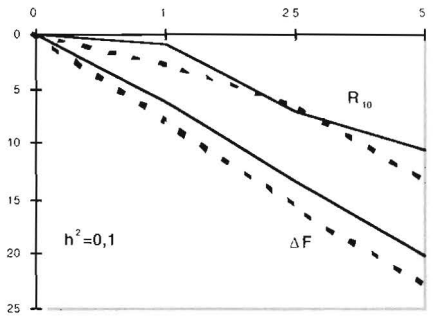
Resultados y discusión

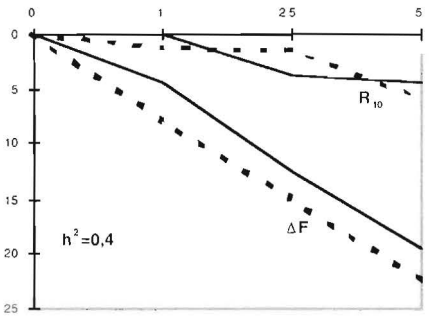
La siguiente figura muestra la reducción porcentual en la tasa de consanguinidad, así como la reducción porcentual en respuesta en la generación 10 para poblaciones con heredabilidad 0,1 y 0,4 y una restricción en el diferencial de selección del 1%, 2,5% y 5%. Los resultados con MV se representan con trazo continuo y los de MP con trazo discontinuo. Mientras que la pérdida en respuesta fue similar para los dos métodos (no hay diferencias significativas), la reducción en la tasa de consanguinidad fue significativamente mayor con el método MP que con el método MV. Estos resultados indican que en poblaciones seleccionadas la minimización del parentesco es un método más eficaz que la minimización de la varianza en una generación, incluso aunque la población base esté constituida por individuos no emparentados. Con heredabilidad alta, la pérdida en respuesta fue similar a la pretendida, pero con heredabilidad baja la pérdida fue mayor, probablemente por una reducción en la precisión de la selección.

Los resultados anteriores refieren a la situación en la que los genes seleccionados y neutros son independientes. Con ligamiento y selección se espera que los métodos anteriores sean ineficientes, ya que ambos utilizan la información genealógica, y el coeficiente de consanguinidad obtenido a partir de las genealogías no es un fiel reflejo de la probabilidad de homocigosis por descendencia (ver SANTIAGO y CABALLERO, 1998 y CABALLERO y SANTIAGO 1998).

Para contrastar los métodos en presencia de ligamiento, se corrieron simulaciones similares a las anteriores (con h^2=0,4) en las que el carácter seleccionado estaba controlado por un numero elevado de genes aditivos (300) con igual efecto, y 300 genes neutros intercalados entre los primeros. Se investigaron distintos niveles de ligamiento, con un único cromosoma sin recombinación (L=0), y uno (L=1) o cinco (L=5) cromosomas de un Morgan de longitud cada uno. La tasa de consanguinidad de evaluó a partir del incremento observado en la varianza de las frecuencias génicas de los genes neutros.

El siguiente cuadro indica la respuesta en las generaciones 5 y 10, y la tasa de consanguinidad obtenidas para cada modelo de genoma cuando se aplica selección fenotípica sin ningún método de control de la consanguinidad (primera columna en cada caso), así como las correspondientes reducciones porcentuales cuando la selección se lleva a cabo utilizando el método MV y MP. Como es de esperar, la respuesta a la selección es mucho menor, y la tasa de consanguinidad es mucho mayor cuando hay ligamiento estrecho que cuando hay recombinación libre (L= ∞).





	$L=\infty$			$L=5$			$L=1$			$L=0$	
		MV	MP		MV	MP		MV	MP		MV	MP
R_5	1,628	-4	-1	1,618	0	-4	1,564	-5	-3	1,446	-5	-6
R_{10}	2,92	-4	-1	2,827	-1	-3	2,500	-3	-3	1,816	-2	-3
ΔF	0,046	-12	-15	0,053	-11	-15	0,073	-14	-12	0,134	-5	-5

Los resultados indican que tanto MV como MP son ineficaces en reducir la tasa de consanguinidad cuando existe ligamiento total (L=0,) pero, sorprendentemente, con una mínima recombinación (L=1) el efecto desaparece, y las eficiencias de los métodos son similares a las que tendrían en un genoma con recombinación libre ($L=\infty$).

Agradecimientos

Este trabajo fue financiado por el Ministerio de Educación y Ciencia (proyecto PB96-0304).

Bibliografía

BALLOU J.D., LACY, R.C., 1995. Identifying genetically important individuals for management of genetic variation in pedigreed populations. En Population management for survival and recovery. Ballou, J.D., Gilpin, M., Foose, T.J. (eds.) Columbia University Press. 76-111.

BRISBANE J.R., GIBSON J.P., 1995. Balancing selection response and rate of inbreeding by including genetic relationships in selection decisions. Theoretical and Applied Genetics 91, 421-431.

CABALLERO A., SANTIAGO, E., 1998. Survival rates of major genes in selection programmes. Proc. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production 26, 5-12.

CABALLERO A., SANTIAGO E., TORO M.A., 1996. Systems of mating to reduce inbreeding in selected populations. Animal Science 62, 431-442.

GOWE R.S., ROBERTSON A., LATTER, B.D.H., 1959. Environment and poultry breeding problems. 5. The design of poultry control strains. Poultry Science 38, 462-471.

HILL W.G., 1979. A note on effective population size with overlapping generations. Genetics 92, 317-322.

HILL W.G., CABALLERO A., DEMPFLE L., 1996. Prediction of response to selection within families. Genetics, Selection, Evolution 28, 379-383.

MEUWISSEN T.H.E., 1997. Maximising the response of selection with a predefined rate of inbreeding. Journal of Animal Science 75, 934-940.

SANTIAGO E., CABALLERO A., 1995. Effective size of populations under selection. Genetics 139, 1013-1030.

SANTIAGO E., CABALLERO A., 1998. Effective size and polymorphism of linked neutral loci in populations under directional selection. Genetics 149, 2105-2117.

TORO M.A., PÉREZ-ENCISO M., 1990. Optimization of selection response under restricted inbreeding. Genetics, Selection, Evolution 22, 93-107.

WANG J., 1997. More efficient breeding systems for controlling inbreeding and effective size in animal populations. Heredity 79, 591-599.

WOOLLIAMS J.A., WRAY, N.R., THOMPSON, R., 1993. Prediction of long-term contributions and inbreeding in populations undergoing mass selection. Genetical Research 62, 231-242.

WRAY, N.R., GODDARD M.E., 1994. Increasing long-term responses to selection. Genetics, Selection, Evolution 26, 431-451.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3,** 340-343

SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES PARA CARACTERES NO ADITIVOS

J. Fernández Martín
M.A. Toro Ibáñez

Departamento de Mejora Genética
y Biotecnología
SGIT. - INIA
Crta. Coruña Km 7
28040 Madrid

España

RESUMEN

Se realizaron simulaciones por ordenador de selección asistida por marcadores sobre un carácter controlado por 25 QTL con diferentes acciones génicas (desde aditividad a sobredominancia). Para aprovechar los efectos dominantes se consideraron dos poblaciones: una comercial y un núcleo con los individuos que darían lugar a la siguiente generación. Se probaron diferentes estrategias para seleccionar los individuos para cada una de las poblaciones y distintos esquemas de apareamiento de los reproductores en la población núcleo para cada grado de dominancia.

Palabras clave: Selección asistida por marcadores, QTL, Estrategias de selección y apareamiento.

SUMMARY
MARKER-ASSISTED SELECTION FOR NON ADDITIVE TRAITS

Computer simulations of marker assisted selection were carried out on a character controlled by 25 QTL and different genic actions (from additivity to overdominance). To take advantage of dominant effects two populations were considered: one commercial and a nucleus with the individuals giving next generation. Different strategies to select individuals for each of the populations and different mating schemes in the nucleus are tested for every dominance degree.

Key words: Marker-assisted selection, QTL, Selection and mating strategies.

Introducción

En un programa de mejora se obtendrían mayores respuestas si se aprovechasen los efectos dominantes del carácter sobre el que se ejerce selección. Para ello se necesitan esquemas en los que se consideren dos poblaciones: una con los individuos que se comercializarán y otra con los individuos del núcleo que mantendrán la población (Toro, 1993). En este contexto las diferentes estrategias que pueden seguirse dependerán del criterio elegido para seleccionar los individuos que generarán la pobla-

ción comercial y los reproductores del núcleo y del sistema de apareamiento que se implemente con éstos últimos.

Por otra parte la disponibilidad creciente de marcadores que cubren todo el genoma de las especies de interés hace que la selección asistida por marcadores pueda convertirse en una alternativa real a los métodos tradicionales de selección.

En este trabajo se analizan los resultados de simular selección asistida por marcadores según esquemas con poblaciones comercial y reproductora para aprovechar la dominancia de un carácter.

Métodos

El carácter sobre el que se ejerce selección está determinado por la acción de 25 QTL dialélicos. La diferencia entre los efectos de los dos homocigotos para cada QTL es 2a, siendo *a* valores en progresión geométrica (primer término igual a 10) de manera que la suma de todos ellos es 100 (LANDE y THOMPSON, 1990; GIMELFARB y LANDE, 1994). Los QTL están aleatoriamente distribuidos a lo largo de 20 cromosomas de 100 cM de longitud. La heredabilidad se fijó en 0,2.

En cada generación, compuesta por 64 individuos, se seleccionaron 16 individuos por sexo para obtener la siguiente generación permitiendo un solo apareamiento por individuo y una contribución igual de cada pareja (cuatro hijos y cuatro hijas). También se eligieron 16 individuos por sexo (los mismos que para el núcleo o diferentes) para generar la población comercial mediante apareamiento al azar y contribución igual por parejas.

Cada simulación constó de 10 generaciones de selección y los resultados fueron el promedio de 500 repeticiones.

Para cubrir un amplio rango de acciones génicas el valor del heterocigoto se calculó como el valor del homocigoto para el alelo favorable (a) por un factor que abarcaba desde cero hasta 1,125. En una simulación alternativa el valor de los heterocigotos se hizo proporcional a la magnitud del efecto de manera que al mayor de ellos correspondiese dominancia completa y al menor recesividad completa.

La selección se realizó sobre los efectos aparentes de 11 marcadores bialélicos por cromosoma regularmente espaciados. Para que la asociación con los QTL fuera máxima la población de partida fue una F1 heterocigota tanto para los QTL como para los marcadores; los QTL estaban en fase de repulsión total. Los efectos de cada marcador fueron calculados a través de una regresión múltiple del genotipo de cada marcador en el fenotipo de 1000 individuos provenientes de la F2. Sólo aquellos marcadores con un efecto significativo en la citada regresión fueron considerados en el proceso de selección.

Los esquemas de selección testados consistían en combinaciones diferentes de las siguientes opciones:

Selección

- Aptitud Combinatoria General *(G)*.
- Aptitud Combinatoria Específica *(S)*.
- Valor genotípico individual *(I)*.

Apareamiento

- Al azar *(R)*.
- Mínima Aptitud Combinatoria Específica *(s)*.

- Mínima (Aptitud Combinatoria Específica - Aptitud Combinatoria General) *(s*)*.

Tanto la selección como el apareamiento (cuando no era al azar) se realizó mediante programación lineal entera (en concreto se implementó el algoritmo húngaro para problemas de asignación).

Como medida de la eficiencia de la selección asistida por marcadores se realizó selección sobre el valor fenotípico de los individuos.

Resultados y conclusiones

En los Cuadros 1 y 2 aparecen las estrategias que rindieron mejores respuestas para cada una de las situaciones consideradas a corto, medio y largo plazo (2, 5 y 10 generaciones de selección). Las casillas sombreadas se refieren a la respuesta en la población comercial y las otras a la reproductora. La primera posición de cada terna indica el criterio de elección de los individuos reproductores, la segunda el sistema

CUADRO 1
ESTRATEGIAS QUE GENERAN LA MEJOR RESPUESTA CUANDO TODOS LOS QTL PRESENTAN EL MISMO GRADO DE DOMINANCIA

		Generación 2						Generación 5						Generación 10					
d = 0	p = 0.5	*G*	–	–	*G*	*s*	*S*	*G*	*s*	*S*	–	*s*	*S*	*G*	*s*	*S*	*G*	*s*	*S*
d = 0.5	p = 0.5	*G*	*R*	–	*I*	*R*	*S*	*G*	*R*	–	–	*s*	*S*	*G*	*R*	–	*S*	*s*	*S*
d = 1	p = 0.5	*G*	*R*	–	*S*	*s**	*S*	*I*	*R*	*S*	*S*	*s**	*S*	*I*	*R*	*S*	*S*	*s*	*S*
d = 1.125	p = 0.5	*G*	*R*	–	*S*	*s**	*S*	*I*	*R*	*S*	*S*	*s**	*S*	*I*	*R*	*S*	*S*	*s**	*S*

CUADRO 2
ESTRATEGIAS QUE GENERAN LA MEJOR RESPUESTA CUANDO EL GRADO DE DOMINANCIA DE LOS QTL ES PROPORCIONAL A SU EFECTO

	Generación 2						Generación 5						Generación 10					
p = 0.5	*G*	*R*	–	*G*	*s*	*S*	*G*	*R*	–	*G*	*s*	*S*	*G*	*R*	–	*G*	*s*	*S*

Población reproductora
Población comercial
G.- Aptitud Combinatoria General.
S.- Aptitud Combinatoria Específica.
I.- Valor individual.
R.- Apareamiento al azar.
s.- Apareamiento de mínima Aptitud Combinatoria Específica.
s*.- Mínima (Aptitud Combinatoria Específica – Aptitud Combinatoria General).

de apareamiento seguido con éstos y la tercera el modo de elección de los individuos que generan la población comercial. Cuando aparece un guión en alguna de las posiciones significa que varias estrategias obtuvieron el mismo resultado.

Debemos hacer la consideración de que la eficacia de la selección asistida por marcadores se reduce a lo largo de las generaciones; de hecho a diez generaciones es menos efectiva que la selección fenotípica (resultados no mostrados). La causa es que la recombinación va deshaciendo el desequilibrio de ligamiento entre QTL y marcadores y por tanto debilitando su asociación. Sería recomendable por tanto reevaluar los efectos aparentes cada pocas generaciones a efecto de eliminar los marcadores que ya no son significativos.

A la vista de los resultados algunas de las conclusiones a las que se puede llegar son:

– Respecto de la respuesta en la población comercial:

• Para aditividad y, a corto plazo, dominancia parcial la mejor estrategia es elegir los individuos reproductores siguiendo el criterio *G*.

• Para dominancia completa o sobredominancia es mejor la selección por *S*.

• El sistema de apareamiento idóneo es *s* o *s**.

• El mejor criterio de selección de los individuos que van a producir la población comercial es *S*.

– Respecto de la respuesta en el núcleo:

• Con aditividad o dominancia parcial el criterio de selección óptimo es *G*.

• El apareamiento aleatorio resulta más adecuado (excepto en aditividad a largo plazo).

Cuando la dominancia es proporcional las combinaciones óptimas a cualquier tiempo son *G s S* para la comercial y *G R* – para el núcleo.

Obviamente el interés del mejorador será obtener la máxima respuesta en la población comercial aunque se debe tener en cuenta la consanguinidad que se genera en el núcleo ya que puede dificultar el mantenimiento de la población por los efectos deletéreos sobre eficacia biológica.

Bibliografía

GIMELFARB A. y LANDE R., 1994. Simulation of marker-assisted selection in hybrid populations. Genet. Res., Camb 63, 39-47.

LANDE R. y THOMPSON R., 1990. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. Genetics 124, 743-756.

TORO M. A., 1993. A new method aimed at using the dominance variance in closed breeding populations. Genet. Sel. Evol. 25, 63-74.

ITEA (1998). Vol. **94A N.° 3,** 344-350

ASOCIACIÓN DE UNA LORDOSIS/ESCOLIOSIS/CIFOSIS A LA ESTRUCTURA FAMILIAR EN LA CRÍA INTENSIVA DE DORADA (*SPARUS AURATA*)

J.M. Afonso[*]
D. Montero[**]
L. Robaina[***]
M. Izquierdo[***]
R. Ginés[*]

* Unidad de Producción Animal
Facultad de Veterinaria
Universidad de Las Palmas de Gran Canaria
Trasmontaña. Arucas

** Cultivos
Instituto Canario de Ciencias Marinas
Telde

*** Departamento de Biología
Facultad de Ciencias del Mar
Universidad de Las Palmas de Gran Canaria
Las Palmas

España

RESUMEN

Presentamos la descripción de una malformación esquelética triple, conteniendo lordosis, escoliosis y cifosis (LEC), asociada a la estructura familiar de dorada. Así, sólo en la descendencia de una familia (2H), y en todas sus réplicas, aparecieron más LEC de los que cabría esperar si hubiera independencia entre la familia y la deformidad $Z_{2H.LEC} \geq 3{,}18$ ($P<0.05$).

Palabras clave: Lordosis, Escoliosis, Cifosis, Dorada.

SUMMARY

ASSOCIATION BETWEEN ONE LORDOSIS/SCOLIOSIS/KYPHOSIS DEFORMITY AND THE FAMILY STRUCTURE OF GILTHEAD SEABREAM *(Sparus aurata)* UNDER INTENSIVE BREEDING

We described a complex spinal column abnormality, including lordosis, scoliosis and kyphosis (LEC), associated to family structure in gilthead seabream. This one, only appeared in offspring of family 2H, its three replicas, where were detected more LEC than would be expected under independence between family and deformity $Z_{2H.LEC} \geq 3{,}18$ ($P<0.05$).

Key words: Lordosis, Scolisis, Kyphosis, Gilthead seabream.

Introducción

Dentro de la piscicultura marina en nuestro país, la dorada ocupa un lugar preponderante, habiendo multiplicado por cinco su producción en los últimos siete años (datos de la Subdirección General del Caladero nacional, Acuicultura y recursos marinos, M.A.P.A.), y con perspectivas de seguir creciendo. Uno de los problemas que aparecen con la cría intensiva es la presencia de proporciones importantes de individuos con algún tipo de malformación, fundamentalmente en la pigmentación, en las escamas, en la vejiga natatoria y en el sistema esquelético (DIVANACH *et al.*, 1996), motivos por los cuales hay una notable depreciación del valor final del producto. De las anomalías esqueléticas, las de la columna vertebral son las que tienen mayor importancia porque puede representar hasta el 5% de la producción total de una empresa de engorde (ANDRADES *et al.*, 1996), todo ello a pesar de la criba a la que son sometidos los peces durante su periodo de alevinaje en las empresas multiplicadoras (*hatchery*). Los tipos más frecuentes que afectan a la columna son la lordosis (deformidad dorsal de la columna vertebral, forma de V), la escoliosis (deformidad lateral de la columna vertebral, forma de zigzag) y la cifosis (deformidad de la columna vertebral, forma de Λ).

Se han identificado diferentes factores no genéticos (*post-hacthing*) como causantes de las incidencias de malformaciones esqueléticas, especialmente la escoliosis y la lordosis, en las especies cultivadas más relevantes como el salmón atlántico (*Salmo salar*), la trucha arcoiris (*Oncorhynchus mykiss*), la tilapia (*Tilapia nilotica*), la dorada (*Sparus aurata*), la lubina (*Dicentrarchus labrax*), el pez gato (*Ictalurus punctatus*), el pez limón (*Seriola sp.*) y la dorada japonesa (*Pagrus major*). Entre ellos se encuentran los relacionados con los nutrientes en dieta (deficiencias en triptófano o vitamina C, o excesos en vitamina D o tirosina), las condiciones hidrodinámicas y de cultivo, la calidad del agua (presencia de metales pesados, pesticidas y otros agentes químicos), y el parasitismo (DIVANACH *et al.*, 1996). Por el contrario, son escasos los trabajos que indican alguna naturaleza genética de éstas malformaciones, ya sea mediante herencia mendeliana simple de un gen recesivo o dominante, o por segregación poligénica (PURDOM, 1993; DIVANACH *et al.*, 1996). En dorada, sólo han sido descritas algunas evidencias por ANDRADES *et al.* (1996) en dorada europea y por TANIGUCHI *et al.* (1984) en dorada japonesa, quienes aducen razones genéticas, así como de composición del huevo y factores ambientales en los reproductores o embriones, para explicar el 27% de larvas deformes al día 0 de vida *post-hatching* y las diferencias en incidencias de lordosis entre grupos familiares, respectivamente.

El objetivo de la presente comunicación es poner de manifiesto la asociación encontrada entre una lordosis/escoliosis/cifosis a la estructura familiar de dorada bajo condiciones de cría intensiva.

Materiales y métodos

Las doradas utilizadas en éste estudio fueron crecidas bajo las condiciones naturales de luz propias de la latitud 28° 10'N y en régimen de cría intensiva, en el Instituto Canario de Ciencias Marinas, y pertenecen a la primera generación de un programa de selección divergente para los niveles de cortisol plasmático post-estrés de confinamiento (AFONSO *et al.*, 1998). Se utilizaron

los 11640 peces descendientes pertenecientes a familias de hermanos carnales (algunos a familias de medios hermanos y a partir de cruces recíprocos), distribuidos en 2 ó 3 réplicas por familia a lo largo del crecimiento, así como 3 réplicas de una puesta masal de toda la población. Las réplicas de cada familia se establecieron en diferentes momentos de su puesta, la cual se prolongó desde diciembre de 1996 hasta marzo de 1997.

Desde el inicio del experimento, las larvas de dorada fueron crecidas en tanques de fibra de vidrio de 500 litros con circulación de agua, y alimentadas con rotíferos (*Brachionus plicatilis*) enriquecidos con SELCO, *Nannochloropsis sp.* e *Isochrypsis sp.*, a partir del 3°-4° día de vida y hasta el día 21. Entonces se les suministró *Artemia* hasta el día 36 y posteriormente piensos comerciales de la casa comercial E.W.O.S., S.A.. La densidad de los alevines fue de 12 kgs/m^3, el oxígeno, suministrado mediante aireación, estuvo comprendido entre 6 y 8 mg/l y la temperatura del agua osciló entre 18,3°C y 22,8°C.

Entre el 12 de noviembre y el 12 de diciembre de 1997, y con aproximadamente un año de edad, todos los peces de cada tanque fueron analizados morfológicamente, clasificando las diferentes malformaciones por réplica y familia. A una muestra de peces con las deformidades morfológicas más patentes se les hicieron radiografías mediante rayos X sobre placas de mamografía a 150 Kv y 6,8 mA por segundo, a fin de corroborar la valoración macroscópica de las deformidades.

Para el análisis estadístico se utilizó el siguiente modelo loglineal, sobre el paquete estadístico SPSS:

$$\ln \hat{f}_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_i + \alpha\beta_{ij}$$

$\hat{f}_{ij}$ = es la frecuencia esperada de la celda *ij*.

μ = es la media de los logaritmos de las frecuencias esperadas.

α_i = es el efecto de la categoría *i* del factor A.

β_i = es el efecto de la categoría *j* del factor B.

$\alpha\beta_{ij}$ = es el efecto debido a la interacción de la categoría *i* del factor A y la categoría *j* del factor B.

Resultados

Se determinaron 17 deformidades individuales de columna (lordosis, fusiones de vértebras, etc.), prognatismos, opérculos abiertos, mandíbulas dobladas y deformaciones dorso-ventrales. Las 22 clases de deformidades restantes respondieron a combinaciones de dos o más de las individuales. Así, en la familia denominada 2H, y en cada una de sus tres réplicas, apareció una **L**ordosis/**E**scoliosis/**C**ifosis (**LEC**) (figuras 1a), consistente en una repetición sucesiva de las tres deformidades desde la cabeza hasta la cola, y que en comparación a un pez normal (figura 1b) da al pez el aspecto de estar comprimido, permitiéndole sólo mover el pedúnculo terminal de la aleta caudal.

En el cuadro 1 se muestran las frecuencias observadas de las diferentes deformidades encontradas para las familias 2H, 4H, 2mh y 4mh; donde 2mh y 4mh se corresponden con las descendencias de los cruces recíprocos de los padres de las familias 2H y 4H. No hubo interacción estadísticamente significativa dentro de éstas familias entre

el tipo de deformidad y la réplica, ni tampoco entre el tipo de deformidad y las familias 4H, 2mh y 4mh (0,10<P<0,99). Sin embargo, si hubo una asociación estadísticamente significativa entre la familia 2H con la deformidad (P<0,001), de modo que aparecieron más LEC de los que cabría esperar si hubiera independencia entre la familia y la deformidad ($Z_{2H,LEC}$=3,18; P<0,05). Esta asociación también surgió

CUADRO 1
FRECUENCIAS OBSERVADAS DE LAS DIFERENTES DEFORMIDADES EN LAS FAMILIAS 2H, 4H, 2mh Y 4mh

Deformidad	Familia			
	2H	4H	2mh	4mh
Normal	257	280	651	69
Lordosis	8	0	12	0
Prognatismo superior	0	3	2	0
Prognatismo Inferior	1	3	14	0
Mandíbula doblada	2	0	6	0
Opérculo I	0	1	6	0
FRente prominente	2	25	39	10
Opérculo II	1	0	9	0
Ojos	0	0	2	0
Dorso cóncavo	1	0	0	0
L + FR	0	0	2	0
L + I	1	0	0	0
FR + I	0	5	14	0
FR + M	1	0	1	0
LEC	19	0	0	0

CUADRO 2
FRECUENCIAS OBSERVADAS DE LAS 39 MALFORMACIONES PARA TODA LA POBLACIÓN, EXCEPTO LA FAMILIA 2H, AGRUPADAS SEGÚN EL TIPO DE DEFORMIDAD DE COLUMNA

Deformidad	Población
Normal	11.005
Lordosis	321
Fusión de vértebras	21

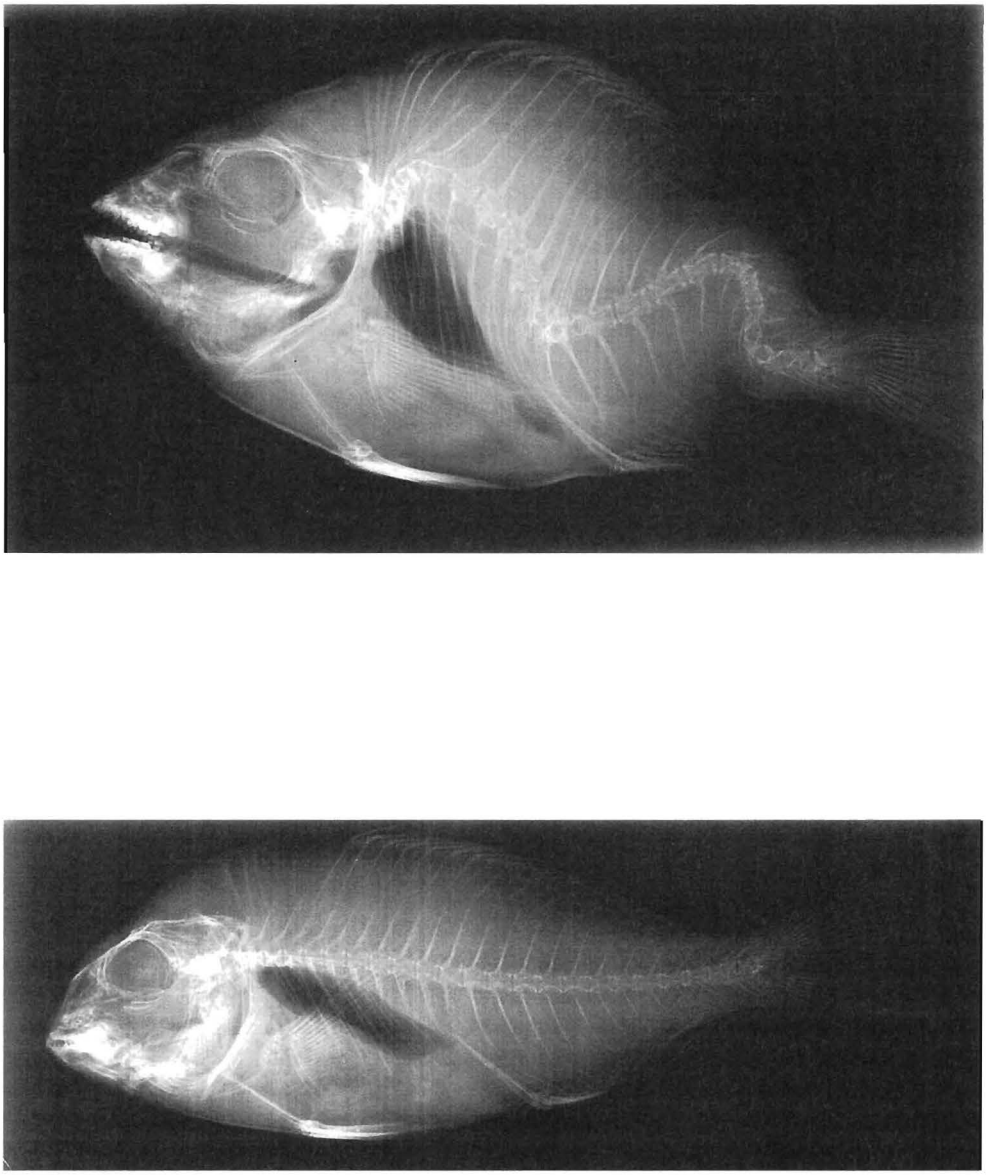


Figura 1. a; Visión lateral de un pez con la deformidad compuesta LEC (Lordosis/Escoliosis/Cifosis). b; Visión lateral de un pez con columna vertebral normal y con una deformidad en la aleta dorsal

considerando toda la población (cuadro 2) ($P<0,001$), con un valor de $Z_{2H.LEC}=4,28$ ($P<0,05$).

Discusión

Las deformidades de columna representaron aproximadamente el 3,2% de todos los peces, y la deformidad LEC sólo el 0,2%, lo cual está dentro de los rangos normales de las empresas donde se lleva a cabo un control de los requerimientos (ANDRADES *et al.*, 1996), y algo por encima de los valores que se han detectado sobre poblaciones naturales de otras especies, 0,7% en *Morone saxatilis* (HICKEY & YOUNG, 1984).

Para desmarcar algo más los condicionantes ambientales, hicimos una comparación de las réplicas de la familia 2H con aquellas réplicas pertenecientes a otras familias de la población, las cuales fueron establecidas el mismo día y por tanto con las condiciones de cría más parecidas posibles, y nuevamente encontramos la asociación estadísticamente significativa entre la familia 2H y la deformidad LEC ($P<0,001$) ($Z_{2H.LEC}=2,77$; $P<0,05$).

Los factores nutricionales juegan un papel importante en el normal crecimiento de los peces (KOENIQ, 1979). Así, deficiencias o excesos de la vitamina C o D, respectivamente, generan altas incidencias de deformidades vertebrales en distintas especies (HILTON *et al.*, 1978; SATO *et al.*, 1978; JOHN *et al.*, 1979; MAHAJAN & AGRAWAL, 1979; WUNDER, 1981; CHÁVEZ DE MARTÍNEZ, 1990; LALL *et al.*, 1990; MGBENKA, 1991; KANAZAWA *et al.*, 1992; DABROWSKI *et al.*, 1996). De igual modo, las deficiencias en triptófano o excesos en tirosina deforman irreversiblemente a los peces (NACARIO, 1983; WALTON *et al.*, 1984; AKIYAMA *et al.*, 1986a; 1986b), y cuyos grados de deformación se pueden acentuar con la velocidad del agua (CHATAIN, 1994). Sin embargo, los efectos nutricionales debieron ejercer una influencia similar sobre las diferentes familias debido a la homogeneidad en la cría, ya que se emplearon los mismos piensos para todas las descendencias.

A fin de contrastar la posible determinación genética de la deformidad LEC, y el modo de segregación, se harán cruces con las descendencias de las familias 2H, 2mh, 4mh y 4H, con el control cuantitativo de parámetros de cultivo que afectan a las incidencias, previo y posterior al apareamiento.

Agradecimientos

Agradecer la ayuda prestada al Dr. Grau-Bassas y al Dr. Pestano en la realización de las placas radiográficas y su adecuación al texto. Este trabajo ha sido financiado por la Unión Europea con el proyecto FAIR-CT95-0152.

Bibliografía

AFONSO J.M., MONTERO D., ROBAINA L., FERNÁNDEZ H., IZQUIERDO M. and GINÉZ R., 1998. Selection programmes for stress tolerance in fish (Review). Options Méditerrannéennes, 34, 235-245.

AKIYAMA T., MURAI T. and NOSE T., 1986a. Oral administration of serotonin against spinal deformity of chum salmon fry tryptophan deficiency. Bull.Jap.Soc.Sci.Fish. Nussuishi., 52(7), 1249-1254.

AKIYAMA T., MURAI T. and MORI K., 1986b. Role of tryptophan metabolites in inhibition of spinal deformity of chum salmon fry caused by tryptop-

han deficiency. Bull.Jap.Soc.Sci.Fish. Nussuishi., 52(7), 1255-1259.

ANDRADES J.A., BECERRA J. and FERNÁNDEZ-LEBREZ P., 1996. Skeletal deformities in larval, juvenile and adult sateges of cultures gilthead sea bream (Sparus aurata L.). Aquaculture, 141, 1-11.

CHATAIN B., 1994. Abnormal swimblader development and lordosis in sea bass (Dicentrarchus labrax) and sea bream (Sparus aurata). Aquaculture, 119, 371-379.

CHÁVEZ DE MARTÍNEZ M.C., 1990. Vitamin C requierement of the mexican native cichlid. Cichasoma urophtalamus. Aquaculture, 86(4), 409-416.

DABROWSKI K., MOERAU R. and EL SAIDY D., 1996. Ontogenetic sensitivity of channel catfish to ascorbic acid deficiency. J.Aquat.Anim.Health., 8(1), 22-27.

DIVANACH P., BOGLIONE C., MENU B., KOUMOUNDOUROS G., KENTOURI M. and CATAUDELLA S., 1996. Abnormalities in finfish mariculture: an overview of the problem, causes and solutions. Seabass and Seabream culture: problems and prospects international workshop: 45-66.

HICKEY C.R. and YOUNG B.H., 1984. Incidence of morphological abnormalities in stripped bass from the Houston river and coastal Long Island, New York. N.Y. Fish Game J., 31(1),104-108.

HILTON J.W., CHO C.Y. and SLINGER S.J., 1978. Effect of graded levels of supplemental ascorbic acid in practical diets fed to rainbow trout (Salmo gairneri). J.Fish Res.Board Can., 35(4), 131-136.

JOHN T.M., GEORGE J.C., HILTON J.W. and SLINGLR S.J., 1979. Influence of dietary ascorbic acid on plasm lipid levels in the rainbow trout. Int.J. Vitam.Nutr.Res., 49(4), 400-405.

KANAZAWA A., TESHIMA S., KOSHIO S., HIGASHI M. and ITOH S., 1992. Effect of L-ascorbyl-2-phosphate-Mg on the ywllowtail Seriola quinqueradiata as a vitamin C source. Nippon Suisan Gakkishi – Bull.Jap.Soc.Sci.Fish., 58(2), 337-341.

KOENIQ J., 1979. Vitamins, macro and micro-mineral trace-elements in fish nutrition. Oceanis Doc. Oceanogr., 5(2), 131-144.

LALL S.P., OLIVIER G., WEERAKOON D.E.M. and HINES J.A., 1990. The effect of vitamin C deficiency and excess on immune response in Atlantic salmon (Salmo salar). 3 Int. Symp. On Feeding and Nutrition in Fish: 427-441.

MAHAJAN C.L. and AGRAWAL N.K., 1979. Vitamin C deficiency in Channa punctatus. J. Fish Biol., 15(5), 613-622.

MGBENKA B.O., 1991. Digestibility of some agricultural by products by African catfish (Clarias gariepinus Burchell 1822) and preliminary investigation on the effects of L-ascorbic acid (vitamin C) in agricultural by product based diet on the African catfidh. Aquaculture Research and Development in rural Africa. Edited by costa, P.B.A. Lightfoot, C., Ruddle, K. And Pullin, R.S.V., 27, 30.

NACARIO J.F., 1983. The effect of thyroxine on the larvae and fry of Sarotherondon niloticus (Tilapia nilotica. Aquaculture, 34(12), 73-83.

PURDOM C.E., 1993. Genetics and Fish Breeding. Chapman & Hall.

SATO M., YOSHINAKA R. and IKEDA S., 1978. Dietary ascorbic acid requirement of rainbow trout for growth and collagen formation. Bull.Jap.Soc.Sci. Fish., 44(9), 1029-1035.

TANIGUCHI N., AZUMA K. and UMEDA S., 1984. Differences due to parents in incedence of vetebral malformation. Bull.Jap.Soc.Sci.Fish Nissuishi, 50(5), 787-792.

WALTON M.J., COLOSO M., COWEY C.B., ADRON J.W. and KNOX, D., 1984. The effects of dietary tryptophan levels on growth and metabolism of rainbow trout (Salmo gairdneri). Br.J.Nutr., 51(2), 279-287.

WUNDER W., 1981. Lateral Curvature of the Vertebral Column (Scoliosis) of Carp (Cyprinus carpio). A Photographic study. Fisch Teichwirt, 32(10), 293-296.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3,** 351-354

INFORMATIVIDAD DE MARCADORES MOLECULARES TIPO MICROSATÉLITE EN DOS POBLACIONES DE CERDOS DE RAZA IBÉRICA Y LANDRACE

A. Clop[*]
C. Ovilo[**]
A. Coll[*]
C. Barragán[**]
J. M. Folch[*]

[*] Unitat de Genètica i Millora
Universitat Autònoma de Barcelona
08193 Bellaterra

[**] Area de Mejora Genética Animal, CIT-INIA
28040 Madrid

España

RESUMEN

Para relacionar determinados caracteres fenotípicos de naturaleza poligénica con regiones concretas del genoma (QTL's) es necesario disponer de marcadores moleculares conocidos y posicionados que permitan detectar la existencia de desequilibrios de ligamiento. Los marcadores tipo microsatélite, por su gran abundancia, el conocimiento que existe de su posición en el genoma porcino y por su elevado polimorfismo, resultan idoneos para realizar esta aproximación. Este trabajo se ha realizado con el objetivo de seleccionar aquellos microsatélites más apropiados para un proyecto pluridisciplinar más amplio encaminado a localizar QTL's relacionados con la calidad de la carne en las razas porcinas Ibérica y Landrace. Para ello hemos tenido en cuenta su posición en el genoma y su variabilidad interpoblacional, es decir, su informatividad. Ésta ha sido calculada mediante un estadístico que tiene en cuenta las frecuencias, en una de las poblaciones, de los alelos presentes en la otra.

Palabras clave: Cerdo Ibérico, Landrace, Microsatélite, QTL, Informatividad.

SUMMARY

MICROSATELLITE MOLECULAR MARKERS INFORMATIVENESS IN TWO POPULATIONS OF PIG, THE IBERIAN AND LANDRACE PIGS

To associate some polygenic phenotypes with discrete regions of the genome (QTL's) it is necessary to have at one's disposal some known and positioned molecular markers to detect linkage disequilibrium that allow us to detect those associations. The microsatellites, due to their abundance, due to the high level of knowledgement of their position in the pig genome and due to the high polymorphism, are suitable to do this approach. This work has been done to select the appropriate microsatellites for a pluridisciplinar project to detect QTL's associated to meat quality in the Iberian pig and the Landrace pig. To manage that we bear in mind their position in the genome

and their interpopulation variability, that means, their informativity. This has been calculated by means of an stadistic based on the frequences, in one population, of the alleles in the other population.

Key words: Iberia Pig, Landrace, Microsatellite, QTL, Informativeness.

Introducción

Este trabajo forma parte de un proyecto pluridisciplinar más amplio, cuyo objetivo es caracterizar regiones del genoma responsables de las características relacionadas con la calidad de la carne en porcino (the IBMAP consortium, 1998).

Gracias al trabajo realizado en el desarrollo del mapa genético del cerdo (Sus scrofa), en el que actualmente se dispone de más de 1000 microsatélites posicionados a lo largo del genoma (ROHRER *et al.*, 1996), se pueden llevar a cabo experimentos para localizar QTL's ligados a estos marcadores.

El diseño experimental realizado se basa en un cruzamiento de tipo F2 entre ejemplares de características bien diferenciadas en cuanto a la calidad de la carne, como son las razas Ibérica y Landrace. En los animales de este cruzamiento se determinará el genotipo para algunos marcadores moleculares de tipo microsatélite y se medirá el valor fenotípico de los caracteres de calidad cárnica. La existencia en la F2 de asociaciones entre los alelos de un marcador con distintos niveles de expresión de alguno de los caracteres estudiados, nos indicará la presencia de factores genéticos, cercanos al microsatélite, responsables de las diferencias observadas entre las razas parentales en dichos caracteres de calidad.

En una primera fase de desarrollo del proyecto el objetivo más inmediato es la elección de los microsatélites, en función de su posición en el genoma y su informatividad en los cruzamientos realizados, para proceder al genotipado de los individuos de este cruzamiento.

Material y métodos

Los animales usados en este trabajo son los que componen la F0 del cruzamiento del proyecto IBMAP Consortium.

Las extracciones del ADN genómico se han realizado mediante un protocolo de precipitación salina con Cloruro Sódico en saturación (5.5 M), (MILLER *et al.*, 1988).

Se han probado 139 microsatélites marcados fluorescentemente con las condiciones de amplificación descritas por ROHRER *et al.* (1996), con algunas modificaciones. El análisis de los productos de PCR se ha realizado mediante electroforesis capilar en un equipo automatizado de detección fluorescente (ABI PRISM 310 Genetic analyzer).

Para valorar la informatividad de cada uno de los microsatélites se ha utilizado el Índice de Ron (Ie) (RON *et al.*, 1995). Este cálculo ha sido adaptado a nuestro diseño experimental para poder aplicarlo a la población parental. Así, siendo Ai, Aj el genotipo para cada macho Ibérico, calculamos:

$$Ie = 1 - 1/2(Pi + Pj)$$

donde: Pi = Frecuencia del alelo Ai en la muestra de hembras Landrace.

Pj = Frecuencia del alelo Aj en la muestra de hembras Landrace.

Una vez calculado el Ie para cada macho, se calcula la media de los tres resultados. Así, cuanto menor sea la frecuencia de los alelos de los individuos Ibéricos en las hembras Landrace, más alto será el valor Ie para aquel microsatélite.

Resultados y discusión

Los microsatélites son repeticiones en tándem de 2 a 5 nucleótidos uniformemente distribuidos por todo el genoma, con una elevada tasa de variabilidad poblacional en el número de repeticiones. Una vez determinada su posición en el genoma, se pueden usar como marcadores para detectar la presencia de QTL's ligados a ellos y asociados a los fenotipos observados.

Para este tipo de experimentos nos interesan solamente los marcadores que sean suficientemente informativos (reflejado en un Ie alto), es decir, aquéllos en los que haya una alta divergencia en los alelos presentes en cada población y en las frecuencias de los mismos, ya que esto permite seguir la herencia de los alelos al analizar la segregación de la F2.

Inicialmente se analizaron los 139 microsatélites para los 3 animales Ibéricos y 5 Landrace, obteniendo los siguientes resultados: Ie = 0 en 3 microsatélites, Ie < 0,5 en 19, Ie =[0,50 -0,69] en 23 casos, Ie = [0,70-0,99] en 69 y Ie = 1 en 25 marcadores (figura 1). La mayoría de estos marcadores presentan un nivel elevado de informatividad que refleja la diferencia genética existente entre las dos poblaciones del experimento. De estos 139 microsatélites analizados, se rechazaron 27 por estar en zonas del genoma suficientemente cubiertas por otros microsatélites más informativos, y 22 debido a su baja informatividad.

Finalmente, los marcadores seleccionados se genotiparon en el resto de hembras de la población F0 (26), y se volvió a calcular el Ie de cada microsatélite. Cuando se comparan los valores de Ie inferidos a partir de una muestra de la población parental con los calculados para la generación parental completa no se encuentran diferencias significativas, concluyéndose que en nuestro caso, y con la muestra de animales utilizada, el cálculo del Índice de Ron ha requerido pocos datos para obtener valores suficientemente fiables.

Los marcadores moleculares finalmente seleccionados, según su posición y su informatividad, son 90 microsatélites, los cuales están siendo usados actualmente para analizar la descendencia del cruzamiento del proyecto IBMAP Consortium. Asimismo se han probado 80 microsatélites mediante tinción con nitrato de plata, con el fin de disponer de una batería adicional de microsatélites polimórficos que permitiría cubrir zonas del genoma en las que no se disponga de suficientes microsatélites fluorescentes informativos. El objetivo siguiente será relacionar los genotipos obtenidos con los caracteres fenotípicos de calidad estudiados.

Agradecimientos

A Nova Genètica, en especial a P. Borrás y E. Ramells, y al Area de Producción Animal del UdL-IRTA (M. Pérez Enciso, J. L. Noguera) por la cesión del material animal. La Junta de Castilla la Mancha cedió muy amablemente los verracos Guadyerbas a Nova Genètica.

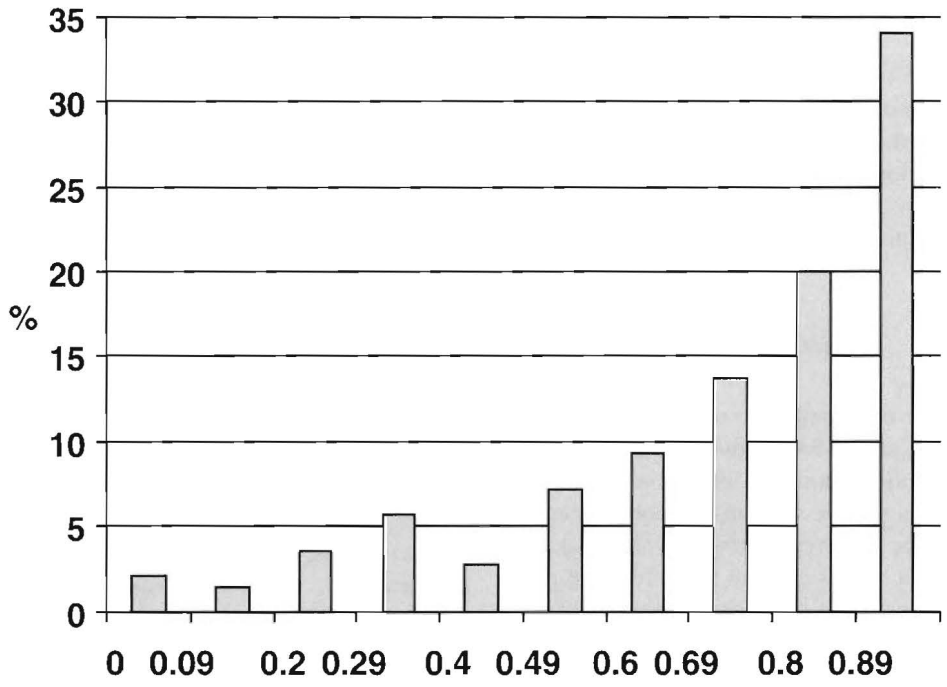


Figura 1. Porcentage de microsatélites (ordenadas) que presentan un determinado valor de Ie (abcisas), en intervalos de 0,1 unidades

Al "THE usda SUPPORTED U.S. Pig Genome Coordination Project" por la contribución de los primers que hemos usado para la elaboración del trabajo molecular del proyecto.

Proyecto financiado por la CICYT AGF96-2510.

Bibliografía

IBMAP CONSORTIUM, 1998. An experiment to detect QTL's affecting meat quality in Iberian and Landrace pigs. Abstract presentado en el "6th world Congress on genetics applied to livestock production", celebrado en Sidney en 1998.

MILLER S.A., DYKES D.D. & POLENSKY H. F., 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells, Nucleic Acid Research, 16, n.° 3, 1215.

ROHRER G., ALEXANDER L., HU Z., SMITH T., KEELE J., BEATTIE C., 1996. A comprehensive Map of the Porcine Genome, Genome Research, 6, 371-391.

RON M., LEWIN H., DA Y., BAND M., YANAI A., BLANK Y., FELDMESSER E. & WELLER J. I., 1995, Prediction of informativeness for microsatellite markers among progeny of sires used for detection of economic trait loci in dairy cattle, Animal Genetics, 26, 439-441.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3**, 355-361

MEJORA Y CONSERVACIÓN GENÉTICA DE LAS VARIEDADES DEL PODENCO ANDALUZ

C.J. Barba[*]
J.V. Delgado[*]
A.C. Sierra[*]
J.M. Afonso[**]

* Unidad de Veterinaria
Departamento de Genética. UCO
Medina Azahara, 9
4005 Córdoba

** Departamento de Producción Animal
F. Veterinaria. Universidad de Las Palmas

España

RESUMEN

Se realiza un estudio de la estructura poblacional del Podenco Andaluz atendiendo a la clasificación de las distintas variedades que componen la raza según su estado de conservación. Nuestros resultados indican que la Talla Media Pelo Liso es la única variedad susceptible de mejora genética, mientras que existen dos variedades (Talla Grande Pelo Duro y Talla Media Pelo Duro) en situación estable de conservación. El resto de variedades se encuentran en estado vulnerable.

En un estudio de los niveles de consanguinidad de la población concluimos valores individuales que oscilan entre el 0 y 25 % de consanguinidad, variando los coeficientes poblaciones de las distintas variedades entre 3,4 y 8 %.

Finalmente se presentan las bases de los programas de conservación, preservación y mejora en las distintas variedades de la raza.

Palabras clave: Perro, Razas autoctonas, Recursos genéticos caninos.

SUMMARY
GENETIC IMPROVEMENT AND CONSERVATION OF ANDALUSIAN HOUND VARIETIES

We have developed a study of the populational structure of the Andalusian hound dog breed, observing the conservation status of all the varieties forming the breed.

Ours results have shown as the short hair-Mid Size is the unique variety prepared for genetic improvement, while two other varieties are in a stable situation (hard hair - Big Size and hard hair - Mid Size). The six remain varieties are under vulnerability.

In the study of the inbreeding of the population we have observed individual values between 0 and 25 %, while the populational mean levels of inbreeding have varying between varieties in a range of 3,4 and 8 %.

Finally, we present the bases of the conservation, preservation and improvement plans of all the varieties of this breed.

Introducción

El Podenco Andaluz es quizás la raza canina autóctona española cuantitativamente más numerosa que a su vez presenta el mayor grado de variabilidad intraracial. Se distribuye fundamentalmente en el sur del País (Andalucía y Extremadura) aunque se pueden localizar ejemplares en el resto de la Península excepto en las regiones de la cornisa Cantábrica.

Esta raza fue oficialmente reconocida en la cinofilia española en 1992, y la aprobación de su patrón racial (HERRERA, 1993) con tres tamaños distintos y tres tipos de pelo diferentes, conlleva el reconocimiento de nueve variedades que cuentan desde ese momento con aislamiento reproductivo entre ellas y gestión genealógica independiente.

Desde 1995, la Unidad de Veterinaria del Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba conjuntamente con el Club Nacional del Podenco Andaluz, como asociación de criadores que vela por la gestión zootécnica, desarrollan un convenio de colaboración con la Unidad de Veterinaria del Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba denominado Planificación de la mejora genética del Podenco Andaluz con objeto de optimizar la gestión genética en las diferentes variedades.

En este trabajo presentamos en primer lugar la estructura poblacional de esta raza y la clasificación de las variedades que la componen en dos niveles: variedades en conservación y susceptibles de mejora. Asimismo describimos las acciones en desarrollo para cada uno de estos niveles y finalmente profundizamos en la metodología de control y de evaluación genética de los candidatos a reproductores.

Material y métodos

En este trabajo se ha utilizado una población de 11.280 ejemplares de las distintas variedades de la raza Podenco Andaluz, de los cuales 2581 animales se encuentran inscritos en los registros genealógicos del Club Nacional del Podenco Andaluz.

En primer lugar se analizaron las estructuras poblacionales de cada variedad estudiando sus censos parciales, el ratio sexual y el número de hembras adultas reproductoras. Por otra parte, utilizando los datos de que disponemos en cuanto a la información genealógica hemos calculado los coeficientes de consanguinidad de dichos animales a través de la fórmula de WRIGHT (1922). Asimismo basándonos en los datos mencionados utilizaremos la fórmula de CAVALLI-SFORZA y BODMER (1971) para calcular el coeficiente de consanguinidad poblacional. A continuación, según los criterios de RODERO y cols (1995), se analiza la situación genética en que se encuentran desde el punto de vista de su conservación con objeto de optimizar las estrategias a seguir en la gestión independiente de cada variedad.

CUADRO 1
SITUACIÓN POBLACIONAL DE LAS VARIEDADES DEL PODENCO ANDALUZ

Variedades	Censo total	N ° reproductoras	Ratio machos/hembras	Situación Actual
Talla grande pelo liso	109	57	≈ 1:1	Crítica
Talla grande pelo duro	1.473	487	≈ 2:1	Estable
Talla grande pelo largo	336	134	≈ 1.5:1	En peligro
Talla media pelo liso	6.046	4.044	≈ 1:2	Normal
Talla media pelo duro	2.617	1.750	≈ 1:2	Estable
Talla media pelo largo	361	242	≈ 1:2	En peligro
Talla chica pelo liso	265	218	≈ 1:8	Crítica
Talla chica pelo duro	44	31	≈ 1:1	Crítica
Talla chica pelo largo	31	23	≈ 1:1	Crítica

Resultados y discusión

De los resultados (cuadro 1) expuestos deducimos la situación en que se encuentran las poblaciones de las distintas variedades del Podenco Andaluz, donde encontramos la talla media de pelo liso como la única variedad susceptible de incorporarse al sustrato de la mejora genética, mientras que otras dos variedades (talla media pelo duro y talla grande pelo duro) se hallan en una situación estable y el resto se consideran variedades minoritarias desde el punto de vista de la conservación de recursos genéticos.

El estudio del nivel de endogamia (cuadros 2 a 10) refleja valores individuales entre el cero y 25 % para todos los ejemplares estudiados y en cuanto al nivel medio de consanguinidad de las poblaciones observamos que varia desde del 3,4 al 8,0 %, pero intuimos niveles mayores de endogamia, especialmente en las variedades minoritarias, ya que gran parte de los animales inscritos en el libro proceden del registro fundacional o auxiliar del libro genealógico donde no conocemos sus antecesores anteriores lo que nos hace sospechar niveles de endogamia subyacentes.

Actualmente, el C.N.P.A. desarrolla en las variedades minoritarias una gestión genética como pequeñas poblaciones con objeto de maximizar la variabilidad intraracial existente al mismo tiempo que contribuye al incremento de sus efectivos. Por el contrario, en la talla media de pelo liso se lleva a cabo el desarrollo de las bases para la optimización de un plan de mejora genética en esta variedad debido a sus elevados censos, su extensa distribución geográfica y la tendencia al alza de su demanda.

La planificación de los programas de conservación y preservación de las variedades minoritarias del Podenco Andaluz se aborda a dos niveles: zootécnico y socioeconómico y cultural. Dentro de los primeros insistimos especialmente en la gestión genética de estas variedades por parte de la asociación de criadores como pequeñas poblaciones, donde tiene particular importancia la correcta llevanza de los libros genealógicos. Como acciones más importan-

CUADRO 2
NIVEL DE ENDOGAMIA POBLACIONAL EN LA TALLA GRANDE PELO LISO, SEGÚN CAVALLI-SFORZA (1971)

N ° de animales	Frec. relativa	Coef. endogamia	$P_i F_i$
47	0,691	0,0	0
0	0,000	0,0312	0
4	0,059	0,0625	0,00369
5	0,0735	0,125	0,00920
12	0,176	0,250	0,04400
Total = 68			0,05689

CUADRO 3
NIVEL DE ENDOGAMIA POBLACIONAL EN LA TALLA GRANDE PELO DURO, SEGÚN CAVALLI-SFORZA (1971)

N ° de animales	Frec. relativa	Coef. endogamia	$P_i F_i$
432	0,613	0,0	0
52	0,074	0,0312	0,00230
115	0,163	0,0625	0,01020
87	0,123	0,125	0,01537
19	0,027	0,250	0,00675
Total = 705			0,03462

CUADRO 4
NIVEL DE ENDOGAMIA POBLACIONAL EN LA TALLA GRANDE PELO LARGO, SEGÚN CAVALLI-SFORZA (1971)

N ° de animales	Frec. relativa	Coef. endogamia	$P_i F_i$
58	0,414	0,0	0
15	0,107	0,0312	0,0033
62	0,443	0,0625	0,0276
4	0,028	0,125	0,0035
1	0,007	0,250	0,0017
Total = 140			0,03615

CUADRO 5
NIVEL DE ENDOGAMIA POBLACIONAL EN LA TALLA MEDIA PELO LISO, SEGÚN CAVALLI-SFORZA (1971)

N ° de animales	Frec. relativa	Coef. endogamia	$P_i F_i$
548	0,547	0,0	0
65	0,064	0,0312	0,02000
236	0,235	0,0625	0,01470
119	0,118	0,125	0,01475
34	0,033	0,250	0,00825
Total = 1002			0,05770

CUADRO 6
NIVEL DE ENDOGAMIA POBLACIONAL EN LA TALLA MEDIA PELO DURO, SEGÚN CAVALLI-SFORZA (1971)

N ° de animales	Frec. relativa	Coef. endogamia	$P_i F_i$
126	0,341	0,0	0
88	0,238	0,0312	0,00230
99	0,268	0,0625	0,01020
21	0,0571	0,125	0,01537
35	0,0949	0,250	0,00675
Total = 369			0,03462

CUADRO 7
NIVEL DE ENDOGAMIA POBLACIONAL EN LA TALLA MEDIA PELO LARGO, SEGÚN CAVALLI-SFORZA (1971)

N ° de animales	Frec. relativa	Coef. endogamia	$P_i F_i$
23	0,211	0,0	0
5	0,046	0,0312	0,0014
55	0,504	0,0625	0,0315
26	0,238	0,125	0,0297
0	0,000	0,250	0,0000
Total = 109			0,0626

CUADRO 8
NIVEL DE ENDOGAMIA POBLACIONAL EN LA TALLA CHICA PELO LISO, SEGÚN CAVALLI-SFORZA (1971)

N.º de animales	Frec. relativa	Coef. endogamia	$P_i F_i$
21	0,175	0,0	0
13	0.108	0.0312	0,00337
32	0,267	0.0625	0,01670
58	0,483	0.125	0,06037
1	0.008	0.250	0,00352
Total = 120			0,08080

CUADRO 9
NIVEL DE ENDOGAMIA POBLACIONAL EN LA TALLA CHICA PELO DURO, SEGÚN CAVALLI-SFORZA (1971)

N.º de animales	Frec. relativa	Coef. endogamia	$P_i F_i$
12	0.293	0,0	0
0	0,000	0,0312	0,00000
15	0,366	0,0625	0,02287
10	0,243	0,125	0,03037
4	0,.097	0,250	0,02425
Total = 41			0,07749

CUADRO 10
NIVEL DE ENDOGAMIA POBLACIONAL EN LA TALLA GRANDE PELO DURO, SEGÚN CAVALLI-SFORZA (1971)

N.º de animales	Frec. relativa	Coef. endogamia	$P_i F_i$
14	0,518	0.0	0
0	0,000	0,0312	0,0000
6	0,222	0,0625	0,0139
4	0,148	0,125	0,0185
3	0,111	0,250	0,0277
Total = 27			0,0601

tes en pleno desarrollo destacamos la incorporación de animales al libro genealógico mediante el registro auxiliar y un programa de acoplamientos optimizando la utilización de matrices de coascendencia y /o división en subpoblaciones con rotación de los reproductores con el fin de maximizar la variabilidad genética y evitar incremen-

tos excesivos de los niveles de consanguinidad (DELGADO y cols., 1996a).

Por otra parte la valoración de los candidatos a reproductores se centra desde el punto de vista morfoestructural en la exclusión de ejemplares con defectos eliminatorios y el control de aptitudes venatorias naturales desde el punto de vista funcional (BARBA, 1997).

Finalmente, se desarrollan otros esfuerzos colaterales en el ámbito socioeconómico y cultural mediante el fomento y promoción de la utilización de las variedades minoritarias en sus zonas de origen: educación de los cazadores. Asimismo también se interviene en la gestión de algunos cotos de caza mediante la optimización de sus planes técnicos de caza y sobre las sociedades de cazadores con una política de cesión de cachorros.

Del mismo modo, abarcamos las bases para la optimización de un programa de mejora en la talla media pelo liso donde las acciones hasta el momento se han centrado en la organización de los circuitos de valoración, tanto en el ámbito morfológico como funcional. En el primero de los casos la valoración morfológica se lleva a cabo en los concursos monográficos donde jueces especialistas adiestrados al efecto califican los ejemplares a la edad de 7 meses, mientras que en la valoración funcional existen circuitos artificiales de caza donde se valoran los animales a edades comprendidas entre 7 y 9 meses (BARBA, 1997).

Es nuestro propósito abordar la evaluación de los candidatos a reproductores mediante el Modelo Animal ya que en esta raza la información genealógica disponible es excelente, las cualidades venatorias se expresan en ambos sexos y el diferencial de selección entre sexos es similar (DELGADO y cols., 1996b).

Bibliografía

BARBA C., 1997. "Organización de la mejora genética en el Podenco Andaluz". Edit. C.N.P.A. Sevilla.

CAVALLI-SFORZA y BODMER, 1971. The Genetics of Human Populations. W.H. Freeman and Company.

DELGADO BERMEJO J.V., RODERO A., BARBA C., CAMACHO M.E. y Gómez, M. 1996. "Conservación de los Recursos Genéticos Caninos". Canis et Felis. n.° 20. Ediciones Luzán. Madrid.

DELGADO BERMEJO J.V.; MOLINA A., CAMACHO M.E., BARBA C y RODERO A. 1996. "Planificación de la mejora genética canina". Canis et Felis. n.° 20. Ediciones Luzán. Madrid.

HERRERA GARCÍA M., 1993. Estándar Racial de Podenco Andaluz. Edic. Club Nacional del Podenco Andaluz. Sevilla.

RODERO E., DELGADO J.V., RODERO A. y CAMACHO M. E., 1995. "Conservación de razas autóctonas andaluzas en peligro de extinción". Ediciones Junta de Andalucía. Sevilla.

WRIGHT S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. Amer. Nat. 56.

ITEA (1998), Vol. **94A N.° 3,** 362-367

CARACTERIZACIÓN MORFOMÉTRICA DE LOS RECURSOS GENÉTICOS OVINOS CANARIOS

S. Álvarez*
J. Capote*
M. Fresno*
J.V. Delgado**
C.J.Barba**
J.M. Afonso***
E. Rodero****

* Unidad de Producción Animal Pastos y Forrajes. ICIA
Apdo. 60. La Laguna. Tenerife

** Unidad de Veterinaria
Departamento de Genética. UCO
Medina Azahara, 9
14005 Córdoba

*** Departamento de Producción Animal
F. Veterinaria. Universidad de Las Palmas

**** Departamento de Producción Animal
F. Veterinaria. UCO
Medina Azahara, 9
14005 Córdoba

España

RESUMEN

Se realiza la caracterización morfológica (12 variables cuantitativas y 7 índices zoométricos) de las razas ovinas autóctonas canarias, la raza Canaria estudiando una muestra de 139 ejemplares y el total de 64 animales que forma la raza Palmera.

De los resultados se deduce la existencia de diferencias altamente significativas entre razas para la mayoría de variables estudiadas ofreciendo a la raza Canaria como unos animales mesocefálicos y de proporciones corporales longilíneas mientras que la raza Palmera, de menor porte corporal que la raza Canaria, resulta claramente dolicocéfala y de proporciones corporales sublongilíneas.

Palabras clave: Raza, Islas Canarias, Genética.

SUMMARY
MORPHOLOGICAL CHARACTERISATION OF THE CANARIAN OVINE GENETIC RESOURCES

We have developed the morphological characterisation (12 quantitative variables and 7 zoometrical indexes) of the Canarian native sheep breeds. In the Canary breed

we have studied 136 animals while the whole population (64 animals) of the Palmera breed have been measured.

We have found highly significant differences between breeds for the most of the studied variables. The Canary breed is shown as mid-cephalic animals, and long body proportions; while the Palmera breed resulted as smaller animals with narrow head, and not as long body proportions.

Key words: Breed, Canary Islands, Genetic.

Introducción

En la actualidad existen en las Islas Canarias dos razas ovinas autóctonas; la raza Canaria y la raza Palmera. La primera de ellas se encuentra fuertemente implantada en algunas islas del Archipiélago, disponiendo de unos censos entre 19.000 y 21.000 cabezas que manifiestan una aptitud láctea muy marcada y de gran interés, con cifras de producción que pueden alcanzar los 180 Kg en lactaciones de 120 días. Por el contrario, la raza Palmera dispone de unos efectivos por debajo del centenar de ejemplares y se encuentra por tanto al borde de la extinción, situación a la que ha llegado por haber quedado desubicada zootécnicamente en la actual estructura del sector agrario canario.

Estas razas mantienen una importancia genética adicional por sus relaciones ancestrales con ovinos ibéricos (Churra, Gallega y Lacha) y norteafricanos (ovinos magrebíes) de lana basta, así como con múltiples agrupaciones raciales criollas de Iberoamérica como puedan ser el Churro Chiapas, el Navajo Churro Sheep y los ovinos criollos argentinos y uruguayos, entre otros.

En el presente trabajo se ha realizado un estudio estadístico concienzudo para la caracterización morfológica de ambas razas y para el establecimiento de diferencias y similitudes entre ellas, sentando las bases para futuros estudios filogenéticos de la línea de emigración de los ovinos de lana basta desde Europa hacia América a partir del siglo XV.

Material y métodos

Este estudio se realizó utilizando una muestra aleatoria de la raza Canaria compuesta por 139 ejemplares (127 hembras y 12 machos) y la población total de la raza Palmera consistente en 64 individuos, de los cuales 60 son hembras y 4 machos. En ambos casos se trataba de animales adultos.

Se consideraron 12 variables morfológicas y siete índices zoométricos para los estudios de caracterización racial (Aparicio, 1960 y Sotillo, 1985). Se realizó un análisis de los estadísticos descriptivos de las variables e índices zoométricos, obteniendo la media ($\bar{X}$) como valor de tendencia central y el error típico de la media (E.E.), máximos (MAX.) y mínimos (MIN.) y el coeficiente de variación porcentual (C.V.) como estadísticos dispersivos. Asimismo, se llevó a cabo un análisis de varianza entre razas utilizando solamente la

población de las hembras, donde se procedió a una comparación directa mediante pruebas de homogeneidad de medias. Todos los cálculos se realizaron con programa STATISTICA for Windows, versión 5.1 (STATSOFT, 1997).

Resultados

En los cuadros 1, 2, 3 y 4 ofrecemos los estadísticos descriptivos de las muestras estudiadas de las razas Canaria y Palmera

CUADRO 1
ESTADÍSTICOS DESCRIPTIVOS PARA LAS VARIABLES MORFOLÓGICAS DE LAS HEMBRAS DE RAZA CANARIA

Variables	N	Min.	Media	Max.	E.E.	C.V.
Longitud de la cabeza	127	20,00	23,05	26,00	0,16	0,07
Anchura orbital	127	11,00	14,00	18,00	0,10	0,08
Anchura de la cabeza	127	09,00	10,91	19,00	0,14	0,14
Alzada a la cruz	127	53,00	63,27	75,00	0,34	0,06
Alzada a la grupa	127	57,00	65,35	78,00	0,31	0,05
Diámetro longitudinal	127	60,00	69,71	81,00	0,39	0,06
Diámetro dorsoesternal	127	23,00	33,77	40,00	0,24	0,08
Diámetro bicostal	127	20,00	25,23	34,00	0,23	0,10
Anchura de la grupa	127	13,00	18,00	23,00	0,16	0,10
Longitud de la grupa	127	18,00	22,74	27,00	0,16	0,28
Perímetro torácico	127	72,00	91,34	108,0	0,16	0,07
Perímetro de la caña	127	07,00	08,00	10,00	0,05	0,06

CUADRO 2
ESTADÍSTICOS DESCRIPTIVOS PARA LAS VARIABLES MORFOLÓGICAS EN LOS MACHOS DE RAZA CANARIA

Variables	N	Min.	Media	Max.	E.E.	C.V.
Longitud de la cabeza	12	22,00	26,08	32,00	0,87	0,11
Anchura orbital	12	13,00	15,33	17,00	0,35	0,08
Anchura de la cabeza	12	11,00	13,00	15,00	0,32	0,08
Alzada a la cruz	12	62,00	74,08	90,00	2,07	0,09
Alzada a la grupa	12	65,00	75,83	90,00	2,17	0,10
Diámetro longitudinal	12	72,00	82,66	100,0	2,25	0,09
Diámetro dorsoesternal	12	32,00	39,42	44,00	1,09	0,09
Diámetro bicostal	12	23,00	29,50	34,00	1,01	0,12
Anchura de la grupa	12	15,00	20,25	25,00	0,82	0,14
Longitud de la grupa	12	21,00	25,92	30,00	0,85	0,11
Perímetro torácico	12	90,00	103,8	114,0	2,08	0,07
Perímetro de la caña	12	09,00	09,92	12,00	0,29	0,10

CUADRO 3
ESTADÍSTICOS DESCRIPTIVOS PARA LAS VARIABLES MORFOLÓGICAS DE LAS HEMBRAS DE RAZA PALMERA

Variables	N	Min.	Media	Max.	E.E.	C.V.
Longitud de la cabeza	60	19,00	22,63	29,00	0,24	0,08
Anchura orbital	60	11,00	13,37	15,00	0,12	0,07
Anchura de la cabeza	60	09,00	10,08	12,00	0,11	0,09
Alzada a la cruz	60	54,00	61,33	70,00	0,48	0,06
Alzada a la grupa	60	55,00	63,88	70,00	0,44	0,05
Diámetro longitudinal	60	60,00	66,53	80,00	0,56	0,06
Diámetro dorsoesternal	60	25,00	32,63	38,00	0,34	0,08
Diámetro bicostal	60	20,00	24,18	32,00	0,34	0,11
Anchura de la grupa	60	14,00	17,30	26,00	0,27	0,12
Longitud de la grupa	60	18,00	22,50	26,00	0,23	0,08
Perímetro torácico	60	75,00	88,75	107,0	1,02	0,09
Perímetro de la caña	60	06,00	07,55	09,00	0,08	0,08

CUADRO 4
ESTADÍSTICOS DESCRIPTIVOS PARA LAS VARIABLES MORFOLÓGICAS EN LOS MACHOS DE LA RAZA PALMERA

Variables	N	Min.	Media	Max.,	E.E.	C.V.
Longitud de la cabeza	4	22,00	25,00	27,00	1,08	0,09
Anchura orbital	4	13,00	15,00	16,00	0,71	0,11
Anchura de la cabeza	4	10,00	11,50	13,00	0,64	0,11
Alzada a la cruz	4	64,00	67,75	72,00	1,93	0,06
Alzada a la grupa	4	65,00	67,25	72,00	1,60	0,05
Diámetro longitudinal	4	62,00	73,75	84,00	4,51	0,12
Diámetro dorsoesternal	4	32,00	38,00	40,00	2,00	0,11
Diámetro bicostal	4	23,00	28,25	34,00	2,28	0,16
Anchura de la grupa	4	13,00	17,50	20,00	1,66	0,19
Longitud de la grupa	4	22,00	24,25	26,00	0,85	0,07
Perímetro torácico	4	87,00	100,5	113,0	5,56	0,11
Perímetro de la caña	4	13,00	17,50	20,00	1,65	0,19

separadas por sexos, donde apreciamos un escaso grado de variación en la mayoría de variables, según el coeficiente de variación porcentual inferior al 15 %. Asimismo, también podemos observar como en ambas razas los mayores valores en las variables estudiadas corresponden a los machos mientras que las hembras presentan valores

siempre inferiores. Del mismo modo, la raza Canaria presenta mayores valores a la raza Palmera en todas las variables estudiadas.

Por otra parte, en los cuadros 5 y 6 se expresan los resultados de los estadísticos descriptivos de siete índices zoométricos de interés en la caracterización racial de ambas poblaciones estudiadas en ambos sexos.

Finalmente en el cuadro 7 presentamos un análisis de varianza entre la muestra de hembras en ambas poblaciones donde resaltamos la existencia de un alto grado de significación entre ambas razas en la mayoría de variables estudiadas a excepción de la longitud de la cabeza y la anchura de la grupa.

Discusión

De los resultados expuestos deducimos la existencia de dos razas ovinas autóctonas en el Archipiélago Canario perfectamente diferenciadas desde el punto de vista morfológico lo que podría corroborar diferentes orígenes en la formación de ambas poblaciones, por un lado la raza Canaria de orientación eminentemente láctea que puede provenir de la influencia de los troncos ovinos ibéricos ancestrales (Churra, Galle-

CUADRO 5
ESTADÍSTICOS DESCRIPTIVOS PARA LOS ÍNDICES ZOOMÉTRICOS EN LA RAZA CANARIA

Índices Zoométricos	N	Min.	Media	Max.	E.E.	C.V.
Índice cefálico	139	0,45	0,48	0,59	0,69	0,09
Índice de proporcionalidad	139	0,85	0,89	0,90	0,89	0,08
Índice corporal	139	0,61	0,69	0,82	1,02	0,11
Índice torácico	139	0,62	0,75	0,85	0,98	0,10
Profundidad relativa del pecho	139	0,38	0,53	0,65	0,65	0,12
Índice pelviano	139	0,56	0,79	0,83	1,14	0,11
Índice metacarpo-torácico	139	0,08	0,09	0,11	0,45	0,08

CUADRO 6
ESTADÍSTICOS DESCRIPTIVOS PARA LOS ÍNDICES ZOOMÉTRICOS EN LA RAZA PALMERA

Índices Zoométricos	N	Min.	Media	Max.	E.E.	C.V.
Índice cefálico	64	0,34	0,45	0,53	1,10	0,09
Índice de proporcionalidad	64	0,86	0,93	0,90	0,95	0,08
Índice corporal	64	0,52	0,69	0,77	1,23	0,08
Índice torácico	64	0,76	0,78	0,92	0,96	0,11
Profundidad relativa del pecho	64	0,40	0,53	0,57	0,87	0,09
Índice pelviano	64	0,59	0,78	0,88	0,69	0,12
Índice metacarpo-torácico	64	0,07	0,08	0,09	0,63	0,10

CUADRO 7
ANÁLISIS DE VARIANZA ENTRE LAS HEMBRAS DE AMBAS POBLACIONES PARA LAS VARIABLES MORFOLÓGICAS ESTUDIADAS

Variables	Canaria	Palmera	Significación
Longitud de la cabeza	23,05	22,63	n. s.
Anchura orbital	14,00	13,37	***
Anchura de la cabeza	10,91	10,08	***
Alzada a la cruz	63,27	61,33	**
Alzada a la grupa	65,35	63,88	**
Diámetro longitudinal	69,71	66,53	***
Diámetro dorsoesternal	33,77	32,63	**
Diámetro bicostal	25,23	24,18	*
Anchura de la grupa	18,00	17,30	*
Longitud de la grupa	22,74	22,50	n. s.
Perímetro torácico	91,34	88,75	*
Perímetro de la caña	08,00	07,55	***

ga y Lacha) sobre los ovinos prehispánicos, mientras que la raza Palmera tendría más influencia de las poblaciones magrebíes y presentaría una orientación zootécnica hacia la producción cárnica (DELGADO y cols., 1990).

La raza Canaria presenta un mayor formato que la raza Palmera siendo superior en todas las variables estudiadas. Esta población presenta unas características mesocefálicas ya que la anchura de la cabeza tiende a guardar relación de equilibrio con la longitud de la cabeza, mientras que la raza Palmera presenta un índice cefálico claramente dolicocéfalo donde predomina fundamentalmente su longitud (APARICIO, 1960). En cuanto a las proporciones corporales encontramos a la raza Canaria como típicamente longilínea con una profundidad relativa del pecho que recuerda unos animales ni lejos ni cerca de tierra. Por el contrario, la proporcionalidad corporal en la raza nos hace pensar en una población sublongilínea con tendencia a cerca de tierra (SOTILLO, 1985).

Este trabajo puede servir para el establecimiento de diferencias y similitudes entre estas razas y sus posibles relaciones con múltiples agrupaciones raciales criollas de Iberoamérica, sentando las bases para futuros estudios filogenéticos de la línea de emigración de los ovinos de lana basta desde Europa hacia América a partir del siglo XV. Estos estudios morfológicos se podrán ampliar en el futuro a una contrastación genética con aplicación de marcadores zdel ADN, fundamentalmente mitocondrial.

Bibliografía

APARICIO G., 1.960. "Zootecnia Especial". Imprenta Moderna. Córdoba, 5-27.

DELGADO J. V., CAPOTE J. F., FRESNO M., y CAMACHO E., 1990. Exposición de Animales Domésticos Autóctonos Canarios. Publ. Consejería de Agricultura y Pesca del Gobierno de Canarias. Tenerife.

SOTILLO RAMOS J. L. y SERRANO TOME V., 1.985. "Producción Animal. Etnología Zootécnica". Tomo I. Imp. Flores. Albacete.

STATISTICA, 1.997. StatSoft, Inc. Tulsa, USA

REAL ESCUELA DE AVICULTURA
Plana del Paraíso 14
08350 Arenys de Mar
(Barcelona)
Tel. +34 93-792 11 37
Fax 24h: +34 93-792 15 37
E-mail: castello@intercom.es
www.avicultura.com

La comercialización del avestruz, tema principal de las V JORNADAS PROFESIONALES del AVESTRUZ

17-20 febrero 1998



La comercialización y la mejora del manejo, las dos líneas de trabajo de las V JORNADAS PROFESIONALES DEL AVESTRUZ.

Debido a la mayor madurez del sector del avestruz en España, estas Jornadas Profesionales se han diseñado con un doble objetivo: 1) Optimizar el manejo., 2) Enseñar que se está haciendo en España para la promoción y venta de los productos del avestruz.

La innovación en los temas tratados y el interés práctico de las Jornadas, que se celebrarán del 17 al 20 de febrero de 1999, están garantizados por la Real Escuela de Avicultura, el primer Centro de Formación Avícola en España.

Para impartir la veintena de temas y mesas redondas del programa, se contará con la participación de más de una docena de técnicos con amplia experiencia práctica.

En resumen, unas Jornadas Profesionales de asistencia obligada para todo aquel que quiera estar al día en en este nuevo y prometedor sector.

El programa de estos 4 días es el siguiente:

JORNADA DE INICIACIÓN

Miércoles 17 de febrero.

Mañana

- Introducción a la cría de avestruces y otras aves corredoras.
- Formas de iniciarse en el negocio del avestruz.
- Ejemplos de instalaciones en funcionamiento.

Tarde

- Inversión necesaria y costes de producción en la incubación, engorde y ciclo completo.
- Subvenciones y ayudas a la cría y comercialización.
- Errores más frecuentes al iniciarse en la cría de avestruces.

OPTIMIZACIÓN DEL MANEJO

Jueves 18 de febrero.

Mañana

- Diseño de una sala de incubación y manejo de los huevos.
- Fisiología del pollito.
- Manejo del pollito, desde el nacimiento a los tres meses.
- Manejo de la alimentación.

Tarde

- Comportamiento del avestruz adulto.
- Principales problemas sanitarios en la cría del avestruz: prevención y tratamiento.
- Los 10 mejores trucos para un manejo óptimo del avestruz.

PRODUCTOS Y COMERCIALIZACIÓN

Viernes 19 de febrero.

Mañana

- La experiencia de Avecor, la primera cooperativa de criadores de España.
- ADS de Murcia, experiencia de la primera área de Defensa sanitaria del avestruz.
- Sacrificio y comercialización del avestruz en Valladolid.
- Mataderos de avestruces en España.
- Comercialización y venta de los productos del avestruz a través de Internet .

Tarde

- Cría en integradoras: la experiencia francesa.
- Comercialización del avestruz en Italia.
- Claves para el éxito en el negocio del avestruz.

VISITA A GRANJAS

Sábado 20 de febrero.

- Visitas comentadas a dos granjas de ciclo completo.

Puede solicitarse información sin compromiso a:
REAL ESCUELA DE AVICULTURA
Plana del Paraíso 14
08350 Arenys de Mar (Barcelona)

Tel. 93-792 11 37.
Fax. 93-792 15 37
E-mail: castello@intercom.es
www.avestruz.net

INSCRIPCIÓN EN AIDA

* Si desea Ud. pertenecer a la Asociación, rellene la ficha de inscripción así como la carta para la domiciliación del pago de la cuota de asociado y envíelas a AIDA. Aptdo. 727. 50080 Zaragoza.

El abajo firmante solicita su inscripción como miembro de la Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario.

Apellidos ..... Nombre .....

Dirección postal .....

Teléfono .....

Profesión..... Empresa de trabajo .....

Área en que desarrolla su actividad profesional .....

CUOTA ANUAL: Firma.

❑ Sólo una Serie de ITEA { ❑ P. Animal / ❑ P. Vegetal } 4.000 ptas.

❑ Ambas Series 5.500 ptas.

FORMA DE PAGO:

❑ Cargo a cuenta corriente o libreta
❑ Cheque bancario
❑ Cargo a tarjeta
❑ VISA
❑ MASTERCARD

Tarjeta número:

□□□□□□□□□□□□□□□□ Fecha de caducidad: ..... / .....

SR. DIRECTOR DE .....

Muy Sr. mío:

Ruego a Vd. se sirva adeudar en la cuenta cte./libreta n.°..... que matengo en esa oficina, el recibo anual que será presentado por la "Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario".

Atentamente,

Firmado:

BANCO O CAJA DE AHORROS: .....

SUCURSAL: .....

DIRECCIÓN CALLE/PLAZA: ..... N.° .....

CÓDIGO POSTAL: .....

POBLACIÓN: .....

INFORMACIÓN PARA AUTORES

Tipo de artículos que pueden ser enviados para su consideración al Comité de Redacción: se admite todo aquel que contribuya al intercambio de información profesional y trate de los más recientes avances que existan en las distintas actividades agrarias.

Una *información para autores* más detallada puede ser solicitada al Comité de Redacción. Rogamos sea leída detenidamente, prestando atención especial a los siguientes puntos:

CONDICIONES GENERALES

Los artículos, en castellano, serán enviados por triplicado a:
Sr. Director de la Revista ITEA - Apartado 727 - 50080 ZARAGOZA

RECOMENDACIONES EN LA PREPARACIÓN DE LOS ORIGINALES

La extensión máxima será de 25 folios de texto mecanografiado a doble espacio, cuadros y figuras incluidos. Los artículos que superen dicha extensión serán considerados sólo excepcionalmente.

Los artículos se remitirán a dos evaluadores anónimos expertos en el tema y el autor recibirá un informe del Comité de Redacción con las correcciones de dichos evaluadores. Una vez realizadas las correcciones el autor enviará un sólo ejemplar mecanografiado y una copia en disquete, para agilizar el trabajo en imprenta. Si el Comité de Redacción considera que se han atendido las consideraciones del informe, enviará una carta de aceptación al remitente, y el artículo pasará de inmediato a imprenta.

Los autores recibirán un juego de las primeras pruebas de impresión que deberán ser revisadas y devueltas rápidamente a la Redacción. El retraso en el retorno de las pruebas determinará que el artículo sea publicado con las correcciones del Comité de Redacción.

El título no incluirá abreviaturas y será corto y preciso. En la misma página se incluirán los nombres completos de los autores, así como la dirección postal y nombre de la Entidad en donde se haya realizado el trabajo.

Se incluirá en primer lugar un resumen corto de 200-250 palabras y hasta seis palabras clave. Además, se añadirá un resumen en *inglés* de la misma extensión, sin olvidar el *título* traducido y las palabras clave (Keywords).

A continuación del resumen vendrá el artículo completo, procurando mantener una disposición lógica, considerando cuidadosamente la jerarquía de títulos, subtítulos y apartados.

Los dibujos, gráficos, mapas y fotografías deben titularse todos *figuras*. Los *cuadros* y *figuras* deben llevar numeración diferente, pero ambos en cifras árabes.

Los pies o títulos de cuadros y figuras deben redactarse de modo que el sentido de éstos pueda comprenderse sin necesidad de acudir al texto. Los títulos, pies y leyendas de los cuadros y figuras se traducirán al inglés y se incluirán en letra cursiva, bajo el correspondiente en español.

Los dibujos, gráficos, mapas, fotografías y diapositivas serán presentados en la mejor calidad posible.

En general se evitará el uso de abreviaturas poco conocidas, que en todo caso serán debidamente explicadas.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

En el *texto* las referencias deben hacerse mediante el apellido de los autores en mayúsculas seguido del año de publicación, todo entre paréntesis.

Al final del trabajo, y precedida de la mención *Referencias Bibliográficas*, se hará constar una lista alfabética de todas (y únicamente) las referencias utilizadas en el texto. En el caso de incluir varios trabajos del mismo autor se ordenarán cronológicamente.

Cuando se citen revistas[1], libros[2], capítulos de libro[3] y comunicaciones a congresos[4] se hará según los siguientes ejemplos:

(1) HERRERO J., TABUENCA M.C., 1966. Épocas de floración de variedades de hueso y pepita. An. Aula Dei, 8 (1), 154-167.

(2) STELL R.G.D., y TORRIE J.H., 1986. Bioestadística: principios y procedimientos (segunda edición) 622 pp. Ed. McGraw-Hill. México.

(3) GAMBORG O.L., 1984. Plant cell cultures: nutrition and media, pp. 18-26. En: Cell Culture and Somatic Cell Genetics of Plants. Vol. 1, I.K. Vasil (Ed.), 825 pp. Ed. Academic Press, Orlando (EEUU).

(4) ANGEL I., 1972. The use of fasciculate form (determinate habit) in the breeding of new Hungarian pepper varieties. Third Eucarpia Meeting on Genetics and Breeding of Capsicum, 17-24, Universidad de Turín (Italia).

I T E A

Información Técnica Económica Agraria
Revista de la Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario

AÑO XXIX (1998), Vol. 94A N.º 3

ÍNDICE

Página

N. Charffeddine, R. Alenda.- Conceptos económicos en un programa de mejora genética en vacuno de leche. 179

M. San Cristóbal-Gaudy, L. Bodin, J.M. Elsen, C. Chevalet.- Selección para un óptimo: aplicación al tamaño de la camada en ovino. 206

C. Díaz, A. Moreno.- Mejora genética de la producción de fibras de Cachemira. 216

M.ª E. Seldas, J.J. Jurado, M. García, V. Montoro, M.ª D. Pérez-Guzmán.- Primeros resultados de la morfología mamaria en ganado ovino manchego. 226

F. San Primitivo, U.M. El-Saied, J.A. Carriedo.- Concentración de células somáticas en leche de oveja y resistencia a la mamitis: nuevos objetivos de selección. 236

J.L. Campo, M. García Gil.- Nuevos caracteres en los objetivos de selección de los programas de mejora avícola. 244

E.A. Gómez, O. Rafel, J. Ramon.- Caracteres de crecimiento simple entre líneas de conejo especializadas. 250

A. Sánchez-Palma, E. Manfredi, J.M. Serradilla.- Selección de ganado caprino utilizando la información del gen de la caseína α_{s1}. 255

L. Varona, M. Pérez-Enciso.- Detección de QTLS mediante la partición de la varianza genética en función del parentesco atribuible a segmentos del genoma. 265

G. Yagüe, García-Cortés L.A., Moreno C.- Teoría de juegos y optimización de los programas de mejora: fábula del mejorador egoísta y del mejorador altruista. 271

A. Fernández, M.C. Rodríguez, R. Ipinza.- Estimación Bayesiana de parámetros genéticos y efectos de procedencia de caracteres de crecimiento en Eucalyptus. 279

S. Espinel, A. Aragonés.- Mejora genética del pino radiata (Pinus radiata d.Don) en el País Vasco. 290

Mª. J. Espinosa Pascual, J.J. Jurado García.- Estima de parámetros genéticos para prolificidad en ganado ovino mediante muestreo de Gibbs. Resultados preliminares. 297

D. Hernández, M.J. Carabaño, R. Rekaya.- Estima de parámetros genéticos para poblaciones de vacuno lechero mediante metodología bayesiana. 305

J. Rodrigáñez, M. Toro, C. Rodríguez, L. Silió.- La huella de Ruperta. 316

M. Serrano, J.J. Jurado, M.D. Pérez-Guzmán, V. Montoro.-Modelización y estima de parámetros genéticos para la producción de leche y proteína en el día de control en la raza ovina Manchega. 325

B. Fernández, M. Toro, A. Caballero.- Estrategia de selección para controlar la consanguinidad en programas de mejora 334

J. Fernández Martín, M.A. Toro Ibáñez.- Selección asistida por marcadores para caracteres no aditivos. 340

J.M. Afonso, D. Montero, L. Robaina, M. Izquierdo, R. Ginés.-Asociación de una lordosis/escoliosis/cifosis a la estructura familiar en la cría intensiva de dorada (*Sparus aurata*). 344

A. Clop, C. Ovilo, A. Coll, C. Barragán, J. M. Folch.- Informatividad de marcadores moleculares tipo microsatélite en dos poblaciones de cerdos de raza Ibérica y Landraca. . 351

C.J. Barba, J.V. Delgado, A.C. Sierra, J.M. Afonso.- Mejora y conservación genética de las variedades del Podenco andaluz. 355

S. Álvarez, J. Capote, M. Fresno, J.V. Delgado, C.J. Barba, J.M. Afonso, E. Rodero.- Caracterización morfométrica de los recursos genéticos ovinos canarios. 362