ESTIMA DE LA TENDENCIA GENÉTICA EN EL ESQUEMA DE SELECCIÓN DE LA RAZA OVINA MANCHEGA, INCLUYENDO GRUPOS GENÉTICOS

Pérez-Guzmán*, M.D.; Serrano, M.**; Montoro, V*. y Jurado, J.J.**
* C.E.R.S.Y.R.A. Avda. del Vino s/n, Valdepeñas. Ciudad Real
** C.I.T.- I.N.I.A. Area de Mejora Genética Animal. Apdo. 8111. Madrid

INTRODUCCIÓN

El esquema de selección de la raza ovina manchega (E.S.R.O.M.) se basa fundamentalmente en el testaje de machos por descendencia en los rebaños pertenecientes al esquema, mediante inseminación artificial (IA) y difusión de los genéticamente mejores en toda la población. Debido a que un gran número de partos provienen de monta natural de moruecos de los propios rebaños, donde los padres se consideran desconocidos, la genealogía paterna de los animales del esquema es escasa.

La ausencia de gran cantidad de información genealógica de los animales conduce a estimas sesgadas de los valores genéticos de los animales que carecen de información genealógica, ya que la metodología BLUP asume que los animales sin padre ni madre pertenecen a la generación base cuya media genética es cero. Esto determina fundamentalmente una subestima de la tendencia genética realizada a lo largo del proceso de selección.

Por ello se ha considerado necesaria la definición e inclusión de los grupos genéticos en el modelo de evaluación genética de los animales de esta raza, con el fin de suplir la genealogía faltante tanto por vía paterna como materna, e incorporarlos de un modo sistemático en la elaboración del catálogo de sementales y valoración de hembras que se realiza anualmente en el esquema de selección.

Es importante a la hora de definir los grupos genéticos no adoptar estrategias muy complejas ya que la constitución de numerosos grupos con pocas observaciones puede conducir a confusión entre los grupos y otros efectos fijos del modelo y a que las diferencias entre las predicciones de los valores genéticos de los animales no sean invariantes a éstos (Pollack y Quaas, 1983).

El objetivo de este trabajo es obtener una estima de la tendencia genética que se está produciendo en el E.S.R.O.M. incluyendo grupos genéticos en la valoración genética de los animales, y compararla con la obtenida cuando éstos no son considerados. Asímismo se pretende averiguar si la utilización del Muestreo de GIBBS en el contexto de la estima de la tendencia genética con grupos genéticos supone alguna ventaja frente a la metodología más clásica del BLUP.

MATERIAL Y MÉTODOS

Este estudio ha sido realizado con los datos de producciones del control lechero oficial de la raza ovina manchega acumulados en el esquema de selección hasta el año 1996 para el carácter kilogramos de leche en 120 días de lactación. Las lactaciones incompletas fueron extendidas mediante los coeficientes de extensión calculados por Serrano y col. en 1996. Las carácteristicas de los datos productivos y genealógicos de los animales incluídos en el estudio se presentan en la Tabla 1.

La valoración genética de los animales se realizó mediante dos metodologías: la clásica BLUP-Modelo Animal con medidas repetidas utilizando el programa BLUPAM-VERROR (Jurado y Hernández, 1990) y Muestreo de GIBBS usando también software propio (Jurado y col., 1995).

La valoración con BLUP-Modelo animal incluyendo grupos genéticos se realizó siguiendo el modelo descrito por Serrano y col., 1994, cuya ecuación es la siguiente:

$$y_{ijklm(g)n} = \mu + rem_i + nped_j + tp_k + int_l + G_g + U_{m(g)} + Ep_n + \varepsilon_{ijklm(g)n}$$

donde:

$y_{ijklm(g)n}$ = kilogramos de leche tipificada o extendida a 120 días de lactación.
μ = media poblacional.
rem_i = grupo de comparación rebaño-época de parto móvil (1414 niveles).
$nped_j$ = efecto número de parto-edad al parto (114 niveles).
tp_k = número de corderos nacidos (4 niveles).
int_l = intervalo entre el parto y el primer control productivo (3 niveles).
G_g = grupo genético al que pertenece el animal m, considerado como un efecto fijo.
$U_{m(g)}$ = valor genético del animal que produce el dato.
Ep_n = efecto permanente.
$\varepsilon_{ijklm(g)n}$ = residuo.

La ecuación del modelo para la valoración genética con BLUP-Modelo Animal sin grupos genéticos fue igual a la anterior pero suprimiendo el efecto de grupo.

Tabla 1: Características de los datos de producción de leche y genealógia de la población utilizada en el estudio.

Número de ovejas y Número de moruecos	47.383 y 270
Número de lactaciones tipificadas	47.469
Número de lactaciones extendidas	12.001
Número de rebaños	136
Número de ovejas con dato	39.943
Nº animales con padre y madre conocidos	3.505
Nº animales con madre conocida	15.606
Nº animales sin padre ni madre conocidos	28.542

Se utilizaron las reglas de Quaas (Quaas, 1988) para la creacción de la matriz de parentesco con grupos genéticos. De esta forma las estimas del valor genético de los animales llevan incluídas las del efecto de su grupo genético.

Los grupos genéticos fueron definidos en función del año de nacimiento y del sexo de los padres y/o madres desconocidos. Así, se construyeron 15 grupos genéticos, 5 para machos y 10 para hembras. Los grupos de hembras se definieron para cada uno de los años desde 1986 hasta 1994, incluyéndose en el grupo de 1986 los animales nacidos en este año y en años anteriores. Cada grupo de machos incluyó los nacidos en periodos de tres años consecutivos, comenzando en 1985 con un grupo de machos nacidos en este año y años anteriores. Se creó un grupo especial tanto para padres como para madres faltantes de animales de año de nacimiento desconocido.

La heredabilidad y repetibilidad utilizadas para la valoración BLUP del carácter kg. de leche tipificada o extendida a 120 días de lactación fueron de 0.19 y 0.35, respectivamente (Serrano y col., 1996).

La metodología y programas para el Muestreo de Gibbs fueron los utilizados por Jurado y col., en 1995, adaptados para la inclusión de grupos genéticos, con el mismo modelo de evaluación genética citado anteriormente para el caso del BLUP.

A efectos de poder comparar las tendencias genéticas predichas con y sin grupos genéticos, se estableció como año de referencia (media genética en este año igual a cero) el año 1990, con lo que las estimas de las medias geneticas anuales se hacen invariantes al grupo genético que se debe eliminar para que exista solución.

Finalmente se analizaron las posibles diferencias entre las ordenaciones de los machos valorados mediante BLUP Modelo animal con y sin grupos genéticos, y se calcularon los coeficientes de correlación de Pearson y Spearman entre ellas.

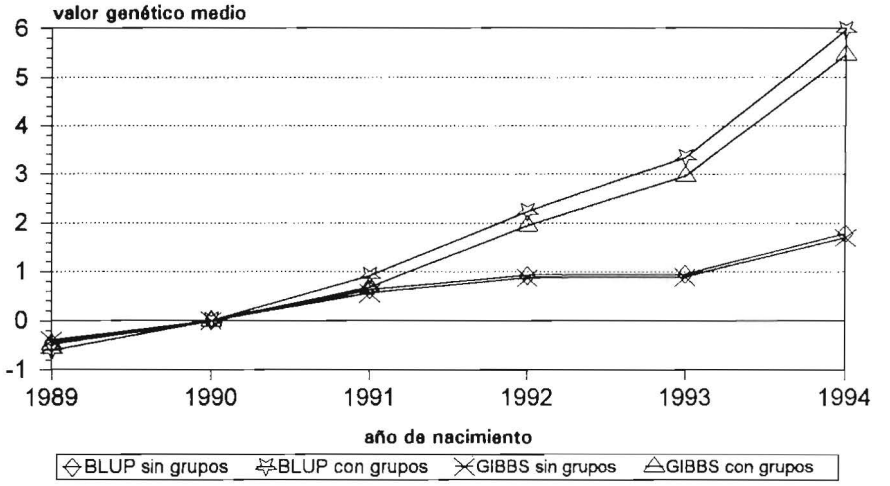
RESULTADOS Y DISCUSION

En la Figura 1 se muestran las tendencias genéticas obtenidas mediante la metodología clásica BLUP Modelo Animal con y sin grupos genéticos, así como las obtenidas utilizando la metodología del muestreo de GIBBS. En el segundo caso, es posible obtener una estima del progreso genético anual cifrado en 1.194±0.189 en el caso de considerar grupos genéticos, frente a 0.386±0.062 en el caso de no utilizar grupos genéticos de valoración. Esto indica que el E.S.R.O.M. presenta una tendencia genética anual del 1% de la media fenotipica

Con la metodología de muestreo de GIBBS incluyendo grupos genéticos, se estimó una heredabilidad para el carácter Kg. de leche en 120 días de lactación de 0.171±0.009 y una repetibilidad de 0.426±0.005.

Los resultados anteriores ponen de manifiesto que la utilización de grupos genéticos permite la detección de la tendencia genética de la población de modo mucho más eficiente que cuando la genealogía no se completa con éstos. No se observan diferencias apreciables entre las estimas del progreso genético bajo la metodología clásica y el muestreo de Gibbs, sin embargo este último permite una estima del progreso genético anual con su error típico asociado.

Figura 1: Tendencia genética para el carácter leche real en la raza ovina Manchega



Los coeficientes de Pearson y de rango de Sperman entre los valores genéticos obtenidos para machos mediante metodología BLUP con y sin grupos genéticos son de 0.965±.0001 y de 0.917±.0001 respectivamente. En el grupo de los 30 mejores machos evaluados con grupos genéticos, se produce un 73,3% de cambios de posición en total, un 50% de cambios en mas/menos dos puestos y un 13,3% de cambios en mas/menos 5 puestos, en relación a la evaluación sin grupos, de tal modo que solo un macho abandona este grupo de los 30 mejores. Esto indica que la incorporación de grupos genéticos no altera de forma sustancial la clasificación de los sementales.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Jurado, J.J. y Hernández, D. 1990. Catálogo de Software de Interés en Agricultura. M.A.P.A. Programa nº 113, Pag: 81.

Jurado, J.J.; Serrano, M.; Montoro, V. y Pérez-Guzmán, M.D. 1995. Estima de componentes de varianza y de respuesta a la selección en la raza ovina Manchega mediante Muestreo de Gibbs. ITEA, Vol. Extra, Nº 16 Tomo I, Pags: 245-247.

Pollack, E.J. y Quaas, R.L. 1983. Definition of group effects in sire evaluation models. J. Dairy Sci. 66: 1503-1509.

Quaas, R.L. 1988. Additive genetic model with groups and relationships. J. Dairy Sci. 71: 1338-1345.

Serrano, M.; Pérez-Guzmán, M.D.; Montoro, V. y Jurado, J.J. 1994. Mejora del modelo de evaluación genética en el esquema de selección de la raza ovina Manchega. Actas de la VII Reunión Nacional Sobre Mejora Genética Animal. Lérida. Pags: 145-147.

Serrano, M.; Jurado, J.J.; Pérez-Guzmán, M.D. y Montoro, V. 1996. Cálculo de los factores de extensión de la lactación a 120 días en ganado ovino Manchego. Investigación Agraria. Producción y Sanidad Animales. INIA Publicaciones del M.A.P.A. Vol. 11(1), Pags: 69-83.