UTILIZACIÓN DE RESTRICCIONES ENTRE Y DENTRO DE FAMILIAS EN PROGRAMAS DE SELECCIÓN

J. L. Campo y H. Turrado

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

INTRODUCCIÓN

Los métodos para maximizar la respuesta a la selección con una proporción de selección determinada son bien conocidos. Sin embargo, QUINTON, SMITH y GODDARD (1992 : J. Anim. Sci. 70, 1060-1067) mostraron que la comparación de métodos de selección al mismo nivel de consanguinidad en vez de con la misma proporción de selección puede cambiar las conclusiones de la teoría. Cuando el objetivo de un programa de selección es maximizar la respuesta conservando la diversidad genética, estos dos conceptos entrarán en conflicto al ser mutuamente antagónicos. Para la producción comercial de animales selectos es recomendable un cierto nivel de diversidad genética como defensa a largo plazo contra las posibles pérdidas derivadas de cambios ambientales drásticos, mientras que una baja diversidad genética es preferible para simplificar la producción a corto plazo. El tamaño de población efectivo (N_e) suele usarse para expresar la magnitud de la diversidad genética, y predice la varianza de muestreo o el ritmo de consanguinidad. La consideración conjunta de la respuesta a la selección y el tamaño efectivo dificulta la decisión sobre el uso de selección individual (mejor para maximizar el tamaño efectivo) o combinada (mejor para maximizar la respuesta). Una restricción sobre el número de familias de las que se seleccionan los mejores animales puede aumentar la respuesta a la selección individual, mientras que una restricción sobre el número de animales seleccionado de cada familia puede evitar la pérdida de tamaño efectivo debido al uso de la selección combinada. La combinación de ambos tipos de restricción puede producir respuestas altas sin pérdida de tamaño efectivo (WEI, 1995a : Hereditas 123, 53-59 ; WEI, 1995b : Theor. Appl. Genet. 91, 389-394). En un experimento con *Tribolium castaneum*, se compararon los ritmos de respuesta y los tamaños efectivos cuando se usaba

restricción entre familias, dentro de familias, o ambos tipos en un índice de selección para dos caracteres. Este tipo de restricciones puede estar más indicado en la práctica que el uso de otros métodos más sofisticados que no producen necesariamente mejores resultados en maximizar la respuesta al mismo nivel de consanguinidad.

MATERIAL Y MÉTODOS

El criterio de selección era un índice de Smith-Hazel para los pesos a 21 y 31 días ($I = b' x$), con coeficientes $b = P^{-1} G a$. Las ponderaciones de los valores de mejora del objetivo de selección ($H = a' g$) se igualaron a los recíprocos de las desviaciones típicas. El experimento seguía un diseño factorial 2 x 2, con dos niveles de restricción entre familias y dos niveles de restricción dentro de familias. La denominación de las líneas era : S, sin restricción ; RE, con restricción entre familias ; RD, con restricción dentro de familias ; RED, con restricción entre y dentro de familias. Se hicieron cuatro repeticiones y cuatro generaciones de selección en cada línea, con 12 pares de reproductores y 96 candidatos por generación (cuatro machos y cuatro hembras en cada familia). En cada repetición había una línea control sin seleccionar. La proporción de selección (25%) se repartía en dos etapas en las líneas con restricción ; en la línea RE se seleccionaba el 50% de las familias en la primera etapa, en la línea RD se seleccionaba el 50% de los hermanos en la primera etapa, y en la línea RED se seleccionaba el 50% de los hermanos en la primera etapa y el 50% de las familias en la segunda etapa.

La respuesta observada se calculó como el coeficiente de regresión de las medias sobre el número de generación, calculando previamente la diferencia entre la línea seleccionada y la control. El error típico de la respuesta era la raíz cuadrada de la varianza entre repeticiones dividida por cuatro. La relación de recurrencia para calcular la respuesta esperada en la línea S teniendo en cuenta el efecto Bulmer se calculó por la fórmula de TALLIS y LEPPARD (1988: Theor. Appl. Genet. 75, 278-281). Para tener en cuenta los efectos del muestreo y de la consanguinidad se utilizaron las correcciones de KEIGHTLY y HILL (1987 : Genetics 117, 573-582) y LANGLOIS (1990 : Génét. Sél. Evol. 22, 119-132). Las respuestas esperadas en las líneas con restricción se obtuvieron añadiendo las ganancias en cada una de las

dos etapas, utilizando los factores que comparan la selección entre o dentro de familias con la selección individual, teniendo en cuenta que había selección entre familias en la primera etapa de la línea RE y en la segunda etapa de la línea RED, y selección dentro de familias en la primera etapa de las líneas RD y RED.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La respuesta para el objetivo de selección fue significativamente mayor en la línea RE (1,53 ± 0,08 ; P < 0,01), mientras que las líneas S, RD, y RED no diferían significativamente entre ellas (1,19 ± 0,02, 1,10 ± 0,07 y 1,04 ± 0,08). Las líneas sin restricción dentro de familias siempre tenían mayor respuesta que las líneas con este tipo de restricción, aunque las diferencias dependían de la presencia o ausencia de restricción entre familias (interacción significativa). Las respuestas esperadas indicaban resultados similares en las líneas U (1,45), RD (1,33) y RED (1,26), siendo superior la línea RE (1,75). La única comparación significativa para el peso a los 21 días fue entre las líneas RE (0,71 ± 0,03) y RED (0,40 ± 0,08), indicando el efecto de la presencia-ausencia de la restricción dentro de familias cuando existe restricción entre familias. Las respuestas en las líneas S y RB eran intermedias (0,53 ± 0,03 y 0,48 ± 0,10). Las respuestas para el peso a los 31 días no diferían significativamente entre líneas. Las respuestas esperadas para ambos pesos seguían el mismo modelo que las esperadas en el objetivo de selección.

El coeficiente medio de consanguinidad en la cuarta generación fue similar en las líneas S, RE y RED (0,094, 0,100 y 0,103), mientras que era menor en la línea RD (0,068). La reducción en tamaño de población en comparación con el número de reproductores (24) no fue muy grande ni en la línea S (N_e/N = 86%), ni en las líneas RD o RED (N_e/N = 80% y 78%), mientras que el tamaño efectivo fue mayor que el número de reproductores en la línea RD (N_e/N = 120%). Estos resultados indican que al mismo nivel de consanguinidad la restricción sobre el número de familias da mayor respuesta que la selección sin restricción, al mismo ritmo de respuesta la restricción sobre el número de animales seleccionados de cada familia disminuye los niveles de consanguinidad, y la aplicación simultánea de ambas restricciones da resultados similares a la ausencia de restricciones tanto en respuesta como en consanguinidad.