

^(a) DOCENTE PRINCIPAL^(b) FACULTAD DE
MEDICINA
VETERINARIA Y
ZOOTECNIA^(c) UNIVERSIDAD
NACIONAL DEL
ALTIPLANO PUNO -
PERÚ^(e) eaz@peru.comArtículo recibido: 12 de
Febrero del 2012Aceptado para publicación:
11 de Junio del 2013

SELECCIÓN MULTICARACTER PARA RASGOS PRODUCTIVOS CARNICOS EN ESTADIOS TEMPRANOS EN LLAMAS

Edgar Apaza Zuñiga ^{a b c d e}

RESUMEN

Un área escasamente estudiado es la Mejora Genética en la especie Llama (*Lama glama*). Se desconoce el comportamiento genético de caracteres relacionados a su orientación productiva, para Selección. 4002 registros productivos de crías de llamas de los Centros de Investigación y Producción La Raya y Quimsachata de Puno, fueron analizados a objeto de determinar Índices de selección, la precisión, ganancia genética esperada; y la eficiencia relativa de los métodos de selección multicarácter, para caracteres de peso al nacimiento, peso al destete y ganancia de peso medio diario nacimiento-destete. Se demostró que el Índice con valores de cría predichos-mejor predictor lineal insesgado, predice mejor su mérito genético, respecto del Índice Smith-Hazel. En los Índices restringidos el comportamiento es similar, ambos poco explicativos de sus méritos genéticos. La ganancia genética para el agregado genotípico, por los tres métodos de selección multicarácter, el Índice con valores de cría predichos-Mejor predictor lineal insesgado, es el que mejor ganancia genética por generación de

selección reporta. La ganancia genética por generación de selección en Tándem, demuestra que la selección por el carácter peso al destete es mejor que la ganancia de peso medio diario y este a su vez es mejor que peso al nacimiento. La ganancia genética esperada por selección con niveles independientes de descarte, para pares de caracteres: Peso al nacimiento-ganancia de peso medio diario, peso al destete-ganancia de peso medio diario, y peso al nacimiento-peso al destete, reportan secuencialmente de mayor a menor ganancia genética respectivamente, con diferencias muy escasas entre ellos. La eficiencia relativa para los tres métodos de selección multicarácter: Índices/Tandem, Índices/Niveles independientes de descarte y Niveles independientes de descarte/Tandem, concluye que los dos primeros son congruentes a sus esperados teóricos, el tercero ofrece una respuesta irregular respecto de su valor esperado.

Palabras clave: Índices de selección, Índices restringidos, selección multicarácter.

MULTI TRAIT SELECTION FOR MEAT PRODUCTIVE FEATURES IN EARLY STADIUMS IN LLAMAS

ABSTRACT

A barely studied area is the Genetic Improvement in the species Llama (*Lama glama*). The genetic behavior of traits related to its productive orientation is ignored, for Selection. 4002 productive registrations of breedings of llamas of the Centro de Investigacion y Produccion The Raya and Quimsachata of Puno, they were analyzed to object of determining selection Indexes, the precision, prospective genetic gain; and the relative efficiency of multi traits methods of selection, for traits of weight to the birth, weaning weight and average daily gain of birth - weaning weight. It was demonstrated that the Index with breeding values predictions-best linear unbiased prediction, predicts its genetic merit better, regarding the Index Smith-Hazel. In the restricted Indexes the behavior is similar, both not very explanatory of its genetic merits. The genetic gain for the attached genotypic, for the three methods of selection multi trait, the Index with breeding values predictions-best linear unbiased prediction, is that better genetic gain for generation of selection reports. The genetic gain for generation of selection in Tandem, demonstrates that the selection for the weaning weight trait is better than average daily gain weight birth-weaning, and this in turn is better than weight to the birth. The genetic gain waited by selection with independent levels of culling, for even of traits: the birth weight - average daily gain of birth-weaning weight, the weaning weight - average daily gain of birth-weaning weight, and weigh to the birth -weaning weight, they report sequentially respectively of bigger to smaller genetic gain, with very scarce differences among them. The relative efficiency for the three methods of selection multi trait: Index/Tandem, independent Index/independent levels of culling, and independent levels of

culling/Tandem, it concludes that both first they are appropriate to their prospective theoretical, the third offer an irregular answer regarding their prospective value.

keywords: Selection indexes, restricted Indexes, multi trait selection

INTRODUCCION

La Llama (*Lama glama*, Linnaeus, 1.758) es una especie de los camélidos sudamericanos domésticos (CSD) que se ha adaptado perfectamente a las condiciones ambientales Alto Andinas y Altiplánicas. Desde la perspectiva poblacional, constituye un recurso valioso para el país, especialmente para la región sur oriental, en donde está concentrada la mayor parte de esta población, y representa una alternativa económica para las, aproximadamente, 150.000 familias que residen en la zona de cordillera y el Altiplano y que se dedican a la crianza de esta especie animal. La orientación productiva de las Llamas está definida, diferentes estudios definen que son las más adecuadas para producir carne, respecto de la otra especie de CSD: la Alpaca; a la que se considera primordialmente para la producción de fibra. Sin embargo, los sistemas de crianza de Llamas no tienen ningún nivel de especialización dirigida a su orientación productiva, lo que se traduce en los bajos niveles de productividad, que deben ser mejorados con ayuda de instituciones que se dedican a esta explotación y cuentan con asistencia técnica, además están obligados a satisfacer la demanda de recursos proteicos de origen animal para la alimentación humana, y contribuir con la seguridad alimentaria para poblaciones rurales y de los cinturones de pobreza de las grandes ciudades.

Son escasos e incipientes los programas formales de mejora genética en CSD en el Perú. De los que se reporta éstos están orientados únicamente a la mejora de la calidad de fibra en alpacas, siendo ínfima la información respecto a la mejo-

ra en Llamas. Actualmente se dispone de métodos de *Selección genética* que posibilitan la mejora de caracteres productivos, métodos que recurren a modernos procedimientos de valoración genética y predicción de parámetros genéticos, los que se ven facilitados por el desarrollo de programas computarizados y el desarrollo tecnológico en procesadores con gran capacidad de memoria y cálculo para grandes cantidades de datos. Definida la orientación productiva en Llamas y de acuerdo con los propósitos de cría de esta especie, aprovechando de los dos únicos hatos de producción de Llamas controlados del departamento de Puno, se planteó el presente estudio cuyos objetivos fueron: La construcción del Índice de selección genética Smith-Hazel, Índice a partir de predicciones de valores de cría predichos, con sus correspondientes Índices restringidos; determinar la precisión de los mismos, derivar y comparar la ganancia genética esperada, y determinar la eficiencia relativa de los tres métodos de selección multicarácter, para el peso al nacimiento (*PENAC*), peso al destete (*PDEST*) y ganancia de peso medio desde el nacimiento-destete (*GPPD*), en crías de llamas.

MATERIAL Y METODOS

Se recurrió a la data e información generada por Centros de Investigación y Producción (CIPs) de llamas controlados en el departamento de Puno: El CIP «La Raya» de la UNA, Puno, y el CIP «Quimsachata» del INIA Puno. Previo a la estructuración, y determinación de los valores de Índices Smith-Hazel, fue necesario Estandarizar valores originales, y determinar valores de pesos económicos relativos para cada carácter.

Corrección de los pesos al nacimiento (PENACI). Los datos recopilados directamente de la fuente de información (PENACI), fueron sometidos a un análisis de variancia por los efectos fijos: Centro de producción, año de producción, edad de la madre, variedad y sexo de la cría. En consideración a los resultados, los

PENACI fueron corregidos con factores de corrección aditivos (Páez, 1964), por los efectos: Centro de producción y variedad de la cría, únicamente, llevándolos a la base del CIP «La Raya» y a la variedad «K'ara» (Pérez, 2008; Quispe, 2008), generando así la variable PENAC.

Ajuste y corrección de los pesos al destete (*PDESTT*). Los datos de *PDESTT* recopilados fueron ajustados a fecha única de 210 días (*PEDEAJ₂₁₀*), número medio aproximado de días desde el nacimiento al destete. Para el efecto, se utilizó la ecuación referida por Huapaya (1985), y adecuado para llamas.

$$PEDEAJ_{210} = \frac{PDESTT - PENACI}{EDAD - AL - DESTETE} * 210 + PENACI$$

Los datos de *PEDEAJ₂₁₀*, fueron sometidos a un análisis de variancia a través del mismo modelo y por los mismos efectos que para *PENACI*, posteriormente corregidos por factores de corrección aditivos, por los efectos: centro de producción y variedad de la cría, llevándolos a la base fija del CIP «La Raya» y la variedad «K'ara», respectivamente, generando así la variable *PDEST*. **Generación y corrección de la ganancia de peso medio diario (GPPDO).** Los valores de la variable: *GPPDO*, para el período nacimiento-destete, fueron obtenidos a través de la siguiente ecuación:

$$GPPDO = \frac{PEDEAJ_{210} - PENACI}{EDAD}$$

Los datos de *GPPDO* fueron analizados a través del mismo modelo, y corregidos por factores de corrección aditivos por los mismos efectos que para: *PEDEAJ₂₁₀*, llevándolos a la base fija del CIP «La Raya» y la variedad «K'ara», generando la variable *GPPD*.

Determinación de los pesos económicos relativos (a). Los pesos económicos relativos (a) para los caracteres: *PENAC*, *PDEST* y *GPPD* en crías de llamas fueron obtenidos a través del método planteado por Falconer y Mackay (1996) y Atil, (2006), quienes sostienen que los pesos económicos son asignados a una desviación estándar del cambio de cada carácter, específicamente, los pesos (a) fueron los recíprocos de la desviación estándar fenotípica σ_p / σ_p^2 .

Construcción del Índice Smith-Hazel (S-H).

Se determinaron variancias y co-variancias fenotípicas y genéticas para y entre los caracteres *PENAC*, *PDEST* y *GPPD*, a objeto de construir las matrices **P** y **G**, de variancias y covariancias fenotípicas y genéticas, respectivamente. Para la matriz **P** con ayuda de la hoja electrónica de cálculo: QPRO v4. y para matriz **G** se recurrió al método de componentes de variancia por mínimos cuadrados (Gill, 1980), sometiendo los datos de cada variable a un análisis de variancia bajo un modelo estadístico anidado doble.

Se planteó un juego de ecuaciones normales simultáneas en términos matriciales ($Pb = Ga$). Los coeficientes del Índice Smith-Hazel fueron obtenidos resolviendo las ecuaciones normales planteadas como:

$b_i = P^{-1}Ga$, como lo establecen Becker, (1985), Van Vleck (1993), Turner y Young (1969) y Lin (1978). Y con ayuda del software MATrix LABoratory v.7.10 (Morales, 2010). El Índice Smith-Hazel fue estructurado con los valores « b_i », quedando estructurado

como: $I = b_1PENAC + b_2PDEST + b_3GPPD$

La variancia del Índice clásico se determinó a través de su expresión matricial: $\sigma_i^2 = b'Pb$ (Lin, 1978; Campo, 1978; Walsh y Lynch, 2000).

Construcción del Índice a partir de VCPs-BLUP.

Se estimaron variancias y co-variancias, fenotípicas y genéticas para y entre los caracteres *PENAC*, *PDEST* y *GPPD* mediante el programa computarizado *Variance Component Estimation* (VCE-6) (Kovac, Groeneveld and García-Cortez, 2008), implementando un modelo estadístico para caracteres múltiples (Jurado, 1994; Jurado *et al.*, 1998), en el que se asumió igual número de datos (Henderson and Quass, 1976) para los tres caracteres, modelo que en términos matriciales fue: $y = X\beta + Zu + \xi$. Los coeficientes (b) para el Índice con VCPs-BLUP fueron determinados resolviendo el sistema de ecuaciones: (Becker, 1985; Van Vleck, 1993; Turner y Young, 1969 y Lin 1978).

Las predicciones BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*) de los valores genéticos aditivos se obtuvieron a través del programa computarizado: *Variance Component Estimation* (Kovac, Groeneveld y García-Cortez, 2008). Con los valores genéticos aditivos se construyó el Índice a partir de VCPs-BLUP, el mismo que quedó estructurado como:

$I = b_1VCP_{PENAC} + b_2VCP_{PDEST} + b_3VCP_{GPPD}$. La

variancia genética de los VCPs-BLUP (σ_H^2) fue determinada a través de la siguiente ecuación:

$$\sigma_H^2 = a'Ga$$

Índice Smith-Hazel restringido.

Inicialmente se decidió que el carácter *GPPD* permanezca restringido, a objeto de construir un Índice de selección sobre la base de los otros dos caracteres: *PENAC* y *PDEST*, método planteado por Kempthorne y Nordskog, (1959) y Tallis, (1962). Los coeficientes del Índice Smith-Hazel restringido, haciendo permanecer un carácter constante, fueron determinados por la ecuación referida por Kempthorne y Nordskog, (1959), Tallis, (1962), Campo (1978), Tallis (1985), Walsh y Lynch (2000) y Romero

$$(2000): b_i = [U - P^{-1}G_i'(G_iPG_i')^{-1}G_i]P^{-1}Ga.$$

El Índice Smith-Hazel con restricción fue estructurado a partir de los coeficientes para Índice S-H restringido, la que quedó estructurado como:

$$I^* = b_1PENAC + b_2PDEST + b_3GPPD$$

Índice de selección a partir VCPs-BLUP restringido. Para su determinación se hizo uso de la matriz de variancias y covariancias genéticas estructurado a partir VCPs-BLUP, los coeficientes

b_i se determinaron a través de la ecuación referida por Jurado, (1994) y Jurado *et al.*, (1998)

: $v = [I - G^{-1}G_r'(G_rG^{-1}G_r)^{-1}G_r]P^{-1}Ga$ y los valores de pesos económicos fueron los mismos. El Índice a partir VCPs-BLUP, con restricción fue

estructurado de la siguiente manera:

$$I^* = b_1H_{PENAC} + b_2H_{PDEST} + b_3H_{GPPD}$$

Precisión teórica de los Índices de selección.

La Correlación entre los valores mejorantes y los del Índice, (Precisión del Índice) fue determinado conforme lo establecen Faconer y Mackay (1996), Campo (1978), Turner y Young (1969) y Lin (1978), quienes proponen la siguiente ecuación, planteada matricialmente:

$$r_{HI} = \frac{bGa}{(b'Pb)^{1/2} * (a'Ga)^{1/2}}$$

Determinación de la ganancia genética. Previamente se determinó el valor de la **Intensidad de selección** (i). Para su determinación se definió que la proporción de la población a seleccionar fuera de un 0.3 ó 30%. Se determino que $i = 1.159$, valor que se utilizó para la determinación de la ganancia genética por los diferentes métodos de selección multi carácter.

Ganancia genética en el agregado genético económico por selección con el Índice Smith-Hazel (ΔH_I), fue determinado por la

ecuación: $\Delta H_I = r_{HI}i\sigma_H$ (Reodecha y Wanasithchaiwat 1996; Blasco 1995; Falconer y

Mackay, 1996; Lin, 1978; Romero 20000 y Restrepo, *et al.*, 2008).

Ganancia genética en el agregado genético económico por selección con el Índice Smith-

Hazel restringido (ΔH_I^*), manteniendo constante el carácter $GPPD$, se determinó procedimentalmente de la misma manera que para el Índice Smith-Hazel clásico (ΔH_I), usando las mismas bases matriciales P y G, excepto que para este caso, se utilizaron coeficientes « b_i » para el Índice restringido, determinados a través de la ecuación:

La Ganancia genética en el agregado genotípico logrado a partir de la selección con el **Índice de selección a partir VCPs-BLUP** (ΔH_B), fue determinado de manera si-

milar que para el Índice Smith-Hazel (ΔH_I), con la diferencia de que se usó la matriz **P** y la matriz **G**, procedentes de la valoración BLUP, y los coeficientes del Índice (b_i), específicos para este Índice, procediendo a su determinación operativizando algebraicamente dichas matrices.

Ganancia genética en el agregado genético económico por selección con el Índice con VCPs-BLUP restringido (ΔH_B^*), inicialmente

se determinó los Coeficientes (b_i) del Índice de selección restringido a partir de predicciones BLUP, sobre la base de información constituida por una matriz P y una matriz G a partir de predicciones BLUP, los pesos económicos que fueron los mismos. El cambio esperado en el valor genético económico logrado a partir de la selección por el Índice de selección restringido con VCPs-BLUP (ΔH_{IB}^*), manteniendo constante el carácter GPPD, se determinó de la misma ma-

nera que para el Índice Smith-Hazel clásico con restricción.

La ganancia genética esperada debido a una generación de selección en un carácter por selección en Tándem se determinó por la

ecuación: $\Delta G_i = a_i h_i^2 \sigma_p$ (Hazel y Lush, 1943; Turner y Young 1969; Warwick y Legates 1980; Dalton 1980; Cardellino y Rovira 1987; Falconer y Mackay 1996; Campo 1978 y Romero 2000). La ganancia genética esperada en el j -carácter, debido a la selección en el i -carácter (ΔG_j) fue

determinado por la función siguiente: $\Delta G_j = a_i h_i h_j r_{G_{ij}} \sigma_j i$. El cambio genético económico esperado a partir de i -carácter (ΔG_i)

PENAC, *PDEST* y *GPPD* se determinó

por: $\Delta H_i = \sum_{i=1}^3 \Delta G_{i(j)} \quad i = 1, 2, 3.$

Ganancia genética esperada por selección con Niveles Independientes de Descarte en

una generación de selección para cada carácter (ΔG_i) fue determinado considerando selección simultánea para pares de caracteres, y asumiendo independencia entre éstos, se usó la función propuesta por Campo (1978) y expuesta por Blasco (1995b), Turner and Young (1969) y Romero (2000). Los caracteres se asumen no correlacionados y se distribuyen normal y bivariadamente, se reservó un 73 % de la población para el *PENAC*, un 65 % para el *PENAC* y un 65 % para el *PENAC*, los que en conjunto dan una proporción de 0.3 ó 30% de la población seleccionada; tratando de maximizar la respuesta en el Merito genético agregado. Las intensidades (i) de selección fueron: $i_1 = 1.2054$, $i_2 = 0.7846$ y $i_3 = 0.7846$ para *PENAC*, *PDEST* y *GPPD*, respectivamente.

Eficiencia relativa de los tres métodos de selección multicarácter. La eficiencia relativa de

los tres métodos de selección multi-carácter fue ejecutado con términos de ganancia genética esperada. Asumiendo que los tres caracteres *PENAC*, *PDEST* Y *GPPD* son independientes y de similar importancia económica. La eficiencia relativa expresada como la ganancia esperada de un método de selección sobre otro fue determinado por las ecuaciones que plantean Hazel y Lush, (1942); Turner y Young, (1969); Campo, (1978); Walsh y Lynch, (2000), las mismas que fueron:

$$\frac{H_I}{H_T} = \sqrt{n} \quad \frac{H_I}{H_C} = \frac{i}{i_i \sqrt{n}} \quad \frac{H_C}{H_T} = \frac{ni_i}{i}$$

para comparar el Método de Índices respecto de la selección en Tándem, método de selección de Índices respecto de la selección por Niveles independientes de rechazo y selección por Niveles independientes de rechazo respecto de la selección en Tándem, respectivamente.

RESULTADOS Y DISCUSION

Para el presente trabajo de investigación se consideró un total de 4.002 registros productivos de crías de llamas procedentes de los CIPs «La Raya» de la U.N.A. Puno y «Quimsachata» del INIA, Puno.

Pesos económicos relativos para *PENAC*, *PDEST* y *GPPD*. La Tabla 01. presenta los

pesos económicos relativos para: *PENAC*, *PDEST* y *GPPD* en llamas de los CIPs La Raya de la U.N.A. y Quimsachata del INIA, Puno. Se muestra que el valor del peso económico relativo del carácter *GPPD* es alto, debido a procedimientos aritméticos que reducen el valor de la desviación estándar, a pesar de que este carácter muestra ya escasa variabilidad. Los valores de los otros caracteres son razonablemente aceptables.

Tabla 01. Pesos económicos relativos para PENAC, PDEST y GPPD, en crías de Llamas

CARACTERES	σ_p^2	σ_p	PESO ECONOMICOS RELATIVOS
PENAC	2.341264	1.341264	0.57288
PDEST	42.181638	6.494739	0.15397
GPPD	0.000897	0.029953	33.39242

El porqué del método usado para su determinación es prioritario tratar antes que el valor perse, debido a que existe de una variedad de métodos para la determinación de los pesos económicos que ponderan a los valores de cría en el Mérito genético. Según Bobner, (1994) James y Ellis, (1979) y Krupová, *et al.*, (2008), Gabiña *et al.*, (2000), son: Objetivos (aproximación normativa) y subjetivos (aproximación positiva); algunas variantes de estos plantea Saveli, *et al.*, (2003). Por los subjetivos éstos son calculados estableciendo una ganancia genética deseada para cada carácter (Sim *et al.*, 1987; Elsen *et al.*, 1986; Groen, 1989), o son una aproximación ad-hoc, definidos por decisión subjetiva de los criadores, sobre el criterio de precios de mercado de los productos. Existen otros métodos que no pueden ser incluidos en la clasificación anterior (Hermesch *et al.*, 2003; Falconer y Mackay, 1996; Ramón *et al.*, 2005) Romero, (2000) refiere a Grafius (1965).

Otra razón del porqué del método es prioritario, es que estos pueden estar orientados para la construcción de Indices de seleccion (Saveli *et al.*, 2003; Fernández y Alenda, 1999; Kluyts, *et al.*, 2007; Keller y Allaire, 1990; Chen, *et al.*, 2009;

Gibson, *et al.*, 1992) o para definir criterios de selección (Goddard, 1998; Yáñez, *et al.*, 2006; Krupová, *et al.*, 2008; Ravelo da Fonseca, *et al.*, 2000).

Por estas razones es que se elige el método del recíproco de la desviación estándar fenotífica, como el método que mejor se adecúa a los caracteres considerados en el presente estudio, reconociendo que no es el más recomendado, dada la incompatibilidad de los caracteres con los procedimientos metodológicos. Algunos investigadores utilizaron este método para determinar pesos económicos relativos para la construcción de Índices de Selección. (Atil, 2006; Moniem y Salah, 2009; Arian, 2005).

INDICES DE SELECCIÓN: Construcción de los Índices de selección. La Tabla 02. presenta el Índice de selección Smith-Hazel (1), Índice de selección a partir de VCPs-BLUP (2), el Índice de selección Smith-Hazel restringido (3) y el Índice de selección con VCPs-BLUP restringido (4), en estos dos últimos la variable GPPD permaneció constante.

Tabla 02. Índices de selección para caracteres de *PENAC*, *PDEST* y *GPPD* en Llamas

TIPO DE INDICE	ÍNDICES DE SELECCIÓN
1	$I = -0.0246 * PENAC + 0.14517 * PDEST - 12.9918 * GPPD$
2	$I = -0.69152 * VCP_{\hat{P}ENAC} + 0.81141 * VCP_{\hat{P}DEST} - 150.807 * VCP_{\hat{P}GPPD}$
3	$I^* = 0.0415 * PENAC + 0.0392 * PDEST - 8.9161 * GPPD$
4	$I^* = 0.3060 * VCP_{\hat{P}ENAC} - 0.2048 * VCP_{\hat{P}DEST} + 50.3329 * VCP_{\hat{P}GPPD}$

- 1= Índice de selección Smith - Hazel
 2= Índice de Selección, con VCPs-BLUP
 3= Índice de Selección Smith-Hazel, con restricción
 4= Índice de Selección, con VCPs-BLUP, con restricción.

Índice de selección Smith-Hazel e índice construido con VCPs-BLUP. Debe precisarse que los Índice Smith-Hazel, Índice con VCPs-BLUP y sus correspondientes índices restringidos, contruidos como tales, no son expresiones adecuadas para inferir características, cualidades o conclusiones a cerca de sus componentes estructurales u obtener una concepción global del mismo, dada la complejidad de sus componentes, sin embargo, es la única manera de expresarlos textualmente, la más común y adecuada manera para su comunicación.

Los Índices permiten determinar valores para cada individuo: *El valor del Índice*, o *Índice*, específicamente. Valores que se constituyen en la mejor aproximación del valor mejorante (H), al que Gutiérrez, (2008) y Jordana, 1993, consideran un buen predictor del Agregado genético económico, libre de las influencias de efectos fijos o ambientales que distorsionan la predicción del valor mejorante. Para el caso del Índice estructurado con VCPs-BLUP, los valores (H) son considerados como predictores del Genotipo agregado (\hat{H}) (Gutiérrez 2010; Jurado *et al.*, 1998). Metodológicamente, la estructuración y determinación de los valores del Índice Smith-

Hazel responden a procesos específicos, dado la estructura de datos e información disponibles (Becker, 1985; Cardellino y Rovira, 1987 y Vaccaro, 1977).

Los valores de cría predichos (VCPs) para cada individuo y en cada carácter, se determinaron recurriendo al procedimiento moderno más adecuado: La Metodología BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*). Proceso matemático-estadístico usado intensamente en producción animal (Xie y Xu, 1996) como método de valoración genética, permite obtener predicciones del Valor genético aditivo que son comparables entre sí, aunque los genotipos se hayan expresado en ambientes diferentes o los animales pertenezcan a generaciones distintas (Alenda y Béjar, 1995), método que se ha impuesto debido a sus propiedades óptimas, la flexibilidad de su aplicación y al creciente desarrollo de la informática, tanto a nivel de ordenadores como al desarrollo de programas adaptados a la valoración genética (Groeneveld, *et al.*, 1990). Existe referencia sobre la determinación del índice S-H en diferentes especies de animales domésticos (Stonaker (1977; Milagres 1980; Montes, *et al.*, 2008; De Queiroz, *et al.*, 2005;

Vergara e Iriarte 2002; Reodecha y Wanasithchaiwat 1996; Vasely y Robinson 1968 y Robinson, *et al.*, 1960); de manera similar existe referentes del uso de predicciones de valores de cría BLUP en la construcción de Índices de Selección (Conington, *et al.*, 2001; Kabirul y Mazumder, 2011; Jurado, *et al.*, 1998; Valencia, *et al.*, 2008; Cunningham y Henderson 1965 y Ramírez, *et al.*, 2007), algunos determinan parámetros genéticos, específicamente covariancias genéticas con diferentes propósitos.

Índice Smith-Hazel e Índice con VCPs-BLUP, restringidos. El valor del Índice de selección Smith-Hazel y el Índice con predicciones de VCPs-BLUP, restringidos (I^*) se constituyen la mejor aproximación de su valor mejorante (H), es el mejor predictor de H , tanto como sea posible, con la restricción de que la función lineal (g) que pertenece al carácter *GPPD* permanece constante, o no sufra cambios en el agregado genético económico. Para el caso del Índice con predicciones de VCPs-BLUP restringido se torna en el mejor predictor del genotipo agregado (H) a partir de (\hat{H}).

Procedimentalmente la construcción y determinación de sus valores son similares a los Índice Smith-Hazel e **Índice con predicciones de VCPs-BLUP**, con la diferencia de que en los restringidos se calculan coeficientes de Índice específicos, de manera que cumpliéndose con la condición general de: r_{HI} sea máximo o que $\sum(H-I)^2$ sea mínimo, haga permanecer constante en su nivel productivo óptimo al carácter *GPPD*.

Son limitados los referentes, de los que se dispone todos hacen referencia a procedimientos metodológicos. (Campo, 1978; Lin, 2005; Tallis

1985; Xie and Xu, 1997). Cotterill and Jackson, (1981) discuten las circunstancias en las que las restricciones pueden ser impuestas. Desde la perspectiva de aplicación Kumar, *et al.*, (2008) determinaron Índices de selección restringidos en el mejoramiento genético de Búfalos en India. De manera similar a cerca del **Índice con predicciones de VCPs-BLUP** restringido, la única es proporcionada por Yáñez *et al.*, (2012) quienes determinan un Índice a partir de predicciones BLUP para caracteres de peso en ganado vacuno de la raza Brahman.

Los valores del índice Smith-Hazel y los del Índice con VCPs-BLUP, y sus Índices restringidos correspondientes son específicos para cada individuo de aquella población, se determinan sobre la base de sus coeficientes que son específicos, valores fenotípicos y valores genéticos aditivos, consecuentemente son de aplicación exclusiva para la población de referencia.

Precisión teórica de los Índices de selección.

La Tabla 03. presenta valores de Precisión teórica para los Índices de Selección determinados para llamas de los CIPs La Raya y Quimsachata, del departamento de Puno.

Valores r_{HI} son producto de la correlación entre valores mejorantes y los del Índice, que fueron maximizados al determinar los coeficientes del Índice correspondiente, así mismo presenta a los r_{HI}^2 que explican la magnitud en la que el criterio de selección (I) explica al agregado genético económico (H). La correlación r_{HI} proporciona una medida de cuan bien I predice H , en concepción de Walsh y Lynch (2000). Estos representan la magnitud de la confiabilidad en que I predice a H .

Tabla 03. Precisión de los Índices de selección

TIPO DE INDICE	r_{HI}	r_{HI}^2
1	$r_{HI} = 0.5010$	$r_{HI}^2 = 0.2510$
2	$r_{HI} = 0.6506$	$r_{HI}^2 = 0.4233$
3	$r_{HI} = 0.1226$	$r_{HI}^2 = 0.0150$
4	$r_{HI} = 0.2703$	$r_{HI}^2 = 0.073$

1= Índice de selección Smith - Hazel

2= Índice de Selección, con VCPs- BLUP

3= Índice de Selección Smith-Hazel, con restricción

4= Índice de Selección, con VCPs- BLUP, con restricción.

En la Tabla 03. se observa valores de r_{HI} para cada Índice. Se aprecia que el Índice de Selección, con VCPs- BLUP, es el que mejor valor de r_{HI} presenta en comparación al Índice Smith-Hazel, lo que ratifica que el Índice con VCPs-BLUP es mejor que el Índice clásico en su propósito predictivo, debido a que representa la asociación entre \hat{H} y H . En lo que a Índices restringidos concierne, el Índice con VCPs-BLUP es de mayor valor que el del Índice Smith-Hazel, pero desafortunadamente poco confiables en su papel predictivo, en ambos casos. Para el caso de los Índices con VCPs-BLUP este debe llegar a ser máximo, en opinión de Gutiérrez (2010); debido a que se predice a partir de $\hat{H} = a'G$, considerando a este último como un predictor de $H = a'G$, estructurado con VCPs-BLUP. Circunstancias que responden a la lógica teórica explicada por todas las ramas de la ciencia Genética. El parámetro r_{HI}^2 explica la

magnitud en la que el criterio de selección explica los valores del Agregado genético económico, y son proporcionales a cada uno de los coeficientes r_{HI} , respectivamente.

No son numerosas las referencias de trabajos de investigación específicos acerca de la *Precisión del Índice de selección*, éstos generalmente son consecuencia de la determinación de los Índices de selección. Algunos referentes son proporcionados por Vesely y Robinson (1968), Reodecha y Wanasithchaiwat (1996), Barría, *et al.*, (1998), Atil (2006), Montes, *et al.*, (2008), Ganai, *et al.*, (1998). Los valores de precisión del Índice encontrados en el presente estudio se encuentran dentro del rango descrito por la bibliografía considerada, con los que se puede establecer una relación de comparación en función de su valor, lo que conlleva a decidir técnicamente cuál de ellos es el mejor.

GANANCIA GENETICA: Ganancia genética por selección con índices de selección. La Tabla 04. Muestra valores de la Ganancia esperada en el Genotipo agregado o Mérito genético, al seleccionar un 30% de llamas ($i = 1.159$), para una generación de selección, aplicando el Índice Smith-Hazel (ΔH_I), el Índice con VCPs-BLUP

(ΔH_B), el Índice Smith-Hazel ΔH_I^* e Índice con VCPs-BLUP (ΔH_B^*), restringidos, respectivamente; determinados para llamas de los CIPs «La Raya» y «Quimsachata» de Puno.

Tabla 04. Ganancia genética esperada por selección con Índices de selección en llamas de los CIPs. «La Raya» y «Quimsachata» en Puno.

TIPO DE ÍNDICE	MERITO GENETICO ECONOMICO
1	$\Delta H_I = 1.159 * 0.500974 * 1.123137$ 0.65210 =
2	$\Delta H_B = 1.159 * 0.650679 * 1.154927$ 0.87097 =
3	$\Delta H_I^* = 1.159 * 0.115026 * 1.123137$ 0.14973 =
4	$\Delta H_B^* = 1.159 * 0.27042 * 1.15493$ 0.36025 =

- 1= Índice de selección Smith - Hazel
- 2= Índice de Selección, con VCPs-BLUP
- 3= Índice de Selección Smith-Hazel, con restricción
- 4= Índice de Selección, con VCPs-BLUP, con restricción.

Del valor del Mérito genético económico para cada Índice, se desprende que el Índice a partir de VCPs-BLUP es el que mejor beneficio económico reditúa. El Índice Smith-Hazel es un Índice que también reditúa buen beneficio económico, pero en menor magnitud que al anterior. Los Índices restringidos, muestran tener una escasa ganancia genética en el agregado genético económico, especialmente el Índice clásico restringido.

Es evidente que la ganancia genética en el agregado genético económico depende mucho de , que para el caso del Índice con VCPs-BLUP, es más elevado, respecto del Índice Smith-Hazel, situación similar ocurre con los Índices restringidos. La razón fundamental es que los

Índices con VCPs-BLUP usan estimados insesgados de valores genéticos aditivos para cada individuo en su determinación, situación que conduce incrementar el valor de , del cual depende prioritariamente el valor de la Ganancia genética en el Agregado genético económico.

La Ganancia genética en el agregado genético económico, no es más que la respuesta a la selección expresada en términos de valores económicos relativos; desde este enfoque hay que interpretar los valores de la Ganancia genética producida por selección con Índices en la presente investigación; y de modo similar para los otros métodos de selección multicaracter. Las razones de las diferencias en los resultados son

explicados por Ahlborn, (1994) quien indica que los procedimientos del Índice de selección S-H y el procedimiento BLUP, tienen propiedades estadísticas propias; el Índice de selección S-H es un Mejor Predictor Lineal (BLP, Best Linear Predictor), pero éste es sesgado, el Índice con VCPs, es un BLUP (*Best Linear Predictor Unbiased*) que es insesgado.

Es importante precisar que la magnitud de la ganancia genética esperada por selección con los Índices determinados, son resultados que exclusivamente se esperan en la población de llamas de los CIPs «La Raya» y «Quimsachata» de Puno, como producto de seleccionar con un Índice específico, por lo tanto, no puede esperarse estas ganancias genéticas, si se aplica la selección a otras poblaciones de llamas.

Un único referente contribuye a ratificar, en parte, los resultados obtenidos en el presente trabajo de investigación; Jeyaruban, *et al.* (1995), indican que la respuesta relativa a la selección con el Índices clásico comparando al índice con VCPs-BLUP fue de 94.5 a 99.4 % en favor del Índice con predicciones BLUP.

Ganancia genética en el valor aditivo económico del individuo para cada carácter por selección con Índices. La Tabla 05. Muestra valores de la Ganancia genética para el Genotipo agregado en cada carácter (*PENAC*, *PDEST* y *GPPD*) y del agregado genético económico, que se logra a partir de la selección de un tipo particular de Índice, en la población de llamas de los CIPs «La Raya» y «Quimsachata» de Puno.

Tabla 05. Ganancia genético económico para cada carácter y agregado genético económico, por selección con Índices.

ÍNDICE	ΔG_{PENAC}	ΔG_{PDEST}	ΔG_{GPPD}	ΔH
1	0.140567	1.913586	0.008296	0.652803
2	0.077335	1.748798	0.016692	0.870181
3	0.197674	0.241085	0.000000	0.148479
4	0.186660	1.657363	0.000000	0.360253

- 1= Índice de selección Smith - Hazel
- 2= Índice de Selección, con predicciones BLUP
- 3= Índice de Selección Smith-Hazel, con restricción
- 4= Índice de Selección, con predicciones BLUP, con restricción.

Estos valores constituyen una fracción de la ganancia genética del Agregado genético económico ΔH , debido a la ganancia genética económica (ΔG_i) que aporta cada carácter, los que, obviamente, siguiendo la metodología para su determinación, y multiplicados por sus pesos económicos relativos correspondientes, dan resultados iguales a los obtenidos para los diferentes Índices, como lo muestra ΔH de la Tabla 05.

Ganancia genética por selección en Tándem. La Tabla 06. Muestra valores para el Agregado

genético económico debido a una generación de selección para los caracteres *PENAC*, *PDEST* y *GPPD* (valores sobre la diagonal), y valores de ganancia genética esperada para los otros caracteres cuando se decide seleccionar por un determinado carácter (valores fuera de la diagonal). Para su determinación, en todos los casos, se usó una $i = 1.159$; asumiendo que *PENAC*, *PDEST* y *GPPD* son caracteres correlacionados, los mismos que representan el cambio en una generación de selección.

Tabla 06. Ganancia genética esperada para PENAC, PDEST y GPPD (ΔG_i) por selección en Tándem en llamas.

CARÁCTER POR EL CUAL SE SELECCIONA	ΔG_{PENAC}	ΔG_{PDEST}	ΔG_{GPPD}
PENAC	0.139109	0.079987	0.05130
PDEST	0.080233	0.317866	0.304546
GPPD	0.052014	0.307945	0.300518

De la Tabla 06. se deduce que, en el supuesto que se implemente un programa de mejora de Selección para la población de llamas de referencia, en el que se consideren los caracteres: *PENAC*, *PDEST* y *GPPD*, y se tome la decisión de usar el método de selección Masal o Tándem, la selección por el carácter *PDEST*, será por el que mejor ganancia genética se obtenga, hecho que conlleva además, que la ganancia genética en el carácter *GPPD*, también tenga una buena respuesta, casi en la misma magnitud que en el peso al destete, sin embargo en *PENAC*, es muy bajo.

Es oportuno señalar que estos valores de ganancia genética esperada se obtienen cuando se selecciona por un «único» carácter; sin embargo, el método de selección en Tandem es un método de selección simultánea multicaracter, entonces se genera el dilema de cuál es el orden de los caracteres a seleccionar y cuántas generaciones de selección se aplicará a cada carácter, situaciones que influyen en la ganancia genética del carácter y de los otros caracteres. Es importante mencionar que la eficacia del método depende de las relaciones genéticas entre los caracteres (Romero, 2000; Cardellino y Rovira, 1987; Warwick y Legates, 1980); específicamente de las correlaciones genéticas (Falconer y Mackay, 1996), de la magnitud de la heredabilidad de los caracteres (Blasco, 1995).

Es paradójica la situación de este método de selección, siendo uno de los más citados sea el que menos referencias experimentales ofrezca. La mayoría solo hacen referencia al proceso metodológico del mismo (Turner and Young, 1969; Falconer y Mackay, 1996; Cardellino y Rovira, 1987; Nicholas, 1996; Campo, 1978; Warwick y Legates, 1980). Son inexistentes las referencias experimentales de este método de selección; tal vez por la dificultad que implica determinar el número de generaciones de selección para cada carácter del criterio de selección, o decidir el orden de los caracteres a seleccionar. Al respecto, Ahlborn (1994), indica que la selección en Tándem es raramente usado en la práctica, especialmente en especies de ganado con intervalos de generación largos, o porque este método es el menos eficiente por el progreso genético logrado en relación al tiempo y dinero invertidos (Gonzales y Julio, 2005).

Complementariamente la Tabla 07. presenta valores de respuesta a la selección para el

Agregado genético económico ΔH_i por selección en Tándem para los caracteres: *PENAC*, *PDEST* y *GPPD*. De la Tabla se infiere que el carácter *PDEST* es el que mejor ganancia genética económica permite, seguido del carácter *GPPD*, y el que menos ganancia genética económica posibilita es cuando se selecciona por el carácter *PENAC*.

Tabla 07. Agregado genético económico (ΔH) para PENAC, PDEST y GPPD, por selección en Tándem en llamas.

METODO	ΔH_i
$\Delta H_{PENAC} = \Delta G_{1(i)} + \Delta G_{2(i)} + \Delta G_{3(i)}$	$\Delta H_{PENAC} = 0.27039$
$\Delta H_{PDEST} = \Delta G_{1(j)} + \Delta G_{2(j)} + \Delta G_{3(j)}$	$\Delta H_{PDEST} = 0.702635$
$\Delta H_{GPPD} = \Delta G_{1(k)} + \Delta G_{2(k)} + \Delta G_{3(k)}$	$\Delta H_{GPPD} = 0.660654$

$\Delta G_{i(0)}$ = Merito genético del carácter i cuando se decide seleccionar por el carácter i

$\Delta G_{i(0)}$ = Merito genético del carácter j cuando se decide seleccionar por el carácter i

Una situación es concluyente en este contexto, la que se obtiene comparando el Agregado genético económico ΔH_i de los tres caracteres. De los resultados obtenidos se deduce que la selección por el carácter *PDEST* es definitivamente por el que mejor ganancia genética por selección en Tandem se obtiene, una ganancia genética poco menor, igualmente importante, se obtiene cuando se selecciona por el carácter *GPPD*; una ganancia mucho menor se obtienen cuando se selecciona por el carácter *PENAC*.

Ganancia genética y valor genético económico por selección por Niveles Independientes de Descarte (NID) en llamas. La Tabla 08. Presenta la respuesta a la selección (ΔG_i), valor genético económico para cada carácter (HG_i), así como el valor para el agregado genético económico (ΔH) para los caracteres *PENAC*, *PDEST* y *GPPD* en combinaciones de pares de caracteres, en llamas de los CIPs La Raya y Quimsachata de Puno, cuando se decide seleccionar por el método de los niveles independiente de descarte.

Tabla 08. Respuesta a la Selección, Valor genético económico para cada carácter, Agregado genético económico para los caracteres *PENAC*, *PDEST* y *GPPD* en llamas

CARACTERES POR EL QUE SE SELECCIONA	ΔG_i	HG_i	ΔG_j	HG_j	ΔH
PENAC y PDEST (1)	0.187655	0.10750	1.351970	0.206460	0.328365
PENAC y GPPD (2)	0.201153	0.130689	0.007371	0.240872	0.371561
PDEST y GPPD (3)	1.410897	0.215444	0.004079	0.204006	0.348757

(1): $i = \text{penac}$ y $j = \text{pdset}$

(2): $i = \text{penac}$ y $j = \text{gppd}$

(3): $i = \text{pdest}$ y $j = \text{gppd}$

De la Tabla 08. se observa que el valor del Agregado genético económico (HG_i) para cada carácter se mantienen similares con valores no diferentes en cada combinación de selección, El valor genético económico para cada carácter y el

valor para el Agregado genético económico, debe de interpretarse como la Respuesta a la selección expresada en términos de valores económicos relativos. Por otro lado, la Tabla 08. presenta valores para el genotipo agregado (ΔH) por

selección con niveles independientes de descarte, que involucran combinaciones de pares de caracteres; es evidente que el mayor valor se logra cuando se selecciona la combinación de caracteres: PENAC-GPPD, valores poco menores se obtienen cuando se seleccionan las combinaciones de PDEST-GPPD y PENAC-PDEST, respectivamente.

Para la determinación del valor genético económico de cada carácter, así como el valor del Agregado genético económico por el método de selección con NID, existen situaciones o supuestos que fueron absueltos o asumidos previamente, y que permitieron maniobrar sobre el método a objeto de lograr resultados. Primero, que los caracteres PENAC, PDEST y GPPD, no son independientes, son correlacionados; (Young and Weiler, 1959; Blasco, 1995; Campo, 1978; Turner and Young, 1969). Una segunda situación es la asignación de los valores de Intensidad de selección (i) para cada carácter. Los valores de i asignados a cada carácter en el presente estudio fueron: $PENAC = 0.75$, $PDEST = 0.65$ y $GPPD = 0.65$, valores que, se asume, maximizan la ganancia genética del Agregado genético económico, para cada par de caracteres; los que han sido adjudicados en función al valor económico de los mismos y particularidades propias de la ganadería de llamas inherentes para estos caracteres. Piedrafita (1995), al respecto indica que no es fácil intuir la Intensidad de selección óptima a aplicar a cada carácter, a veces se recurre relacionarla con su importancia económica. En este contexto, es necesario puntualizar que existe una gran cantidad de combinaciones de valores asignados a cada carácter cuyo producto se igual al valor de la i global planteado en el presente estudio, el mismo que fue de $p = 0.30$; buscar qué combinación de esos valores maximizan la ganancia genética en el Agregado genético es tedioso (Hazel and Lush, 1942 y Turner and Young, 1969), quienes ante esta disyuntiva plantean recurrir a la importancia económica de cada carácter.

Un tercer aspecto decidido previamente fue el por qué solo dos caracteres en el Agregado genético económico? Situación que conllevó a realizar comparaciones en combinaciones de a dos, de tres caracteres. La razón es concreta: No existe referentes sobre el método que permita incluir tres caracteres específicamente para determinar la Ganancia genética en el Agregado genético económico por selección con NID. Campo (1978) expone detalladamente y de manera simbólica el procedimiento, para cuando se trata dos caracteres independientes.

Resueltos estas tres situaciones se determinaron los valores expuestos en la Tabla 08., en el que se aprecia los valores del Agregado genético económico (ΔH) son valores relativamente similares. Sin embargo el mayor mérito genético se obtiene cuando se seleccionan por los caracteres *PENAC-GPPD*, simultáneamente. Entre seleccionar por *PDEST-GPPD* o *PENAC-PDEST*, los valores pueden considerarse similares por la escasa diferencia entre estos.

Comparación del agregado genético económico. La Tabla 09. presenta valores para el agregado genético económico para Índices de selección y Selección en Tandem, así como la Precisión de los mismos, a objeto de establecer relaciones de comparación. De la Tabla se infiere que el Índice con VCPs-BLUP es el que mejor agregado genético económico (ΔH_B) presenta en relación al Índice Smith-Hazel (ΔH_I), además de que ΔH_B es mucho más confiable por ser más explicativo que ΔH_I . Del mismo modo, se infiere que el Índice con VCPs-BLUP restringido presenta un mejor genético agregado respecto del Índice Smith-Hazel restringido, siendo ΔH_B^* más explicativo que ΔH_I^* , aunque en ambos Índices r_{HI}^2 sean bajos.

Tabla 09. Agregado genético económico para Índices de selección y selección en Tandem en llamas

METODO DE SELECCION		AGREGADO GENETICO ECONOMICO	PRECISION
SELECCIÓN POR INDICES	1	$\Delta H_I = 0.65210$	0.5010
	2	$\Delta H_B = 0.87097$	0.6506
	3	$\Delta H_I^* = 0.14973$	0.1226
	4	$\Delta H_B^* = 0.36197$	0.2703
SELECCIÓN POR TANDEM	5	$\Delta H_{PENAC} = 0.27039$	0.3474
	6	$\Delta H_{PDEST} = 0.70263$	0.5259
	7	$\Delta H_{GPPD} = 0.66065$	0.5142

1. Índice de Selección Smith-Hazel
2. Índice de Selección con VCPs-BLUP
3. Índice de Selección Smith-Hazel, con restricción
4. Índice de Selección con VCPs-BLUP, con restricción
5. Selección Individual para el carácter PENAC
6. Selección Individual para el carácter PDEST
7. Selección Individual para el carácter GPPD

Si la selección fuera ejecutada por el método de selección en Tandem, el mejor valor en el Agregado genético económico se obtiene cuando se selecciona por el carácter PDEST, también por el carácter GPPD, los cuales tienen una buena precisión (*h*) de su valor; en cambio si la selección fuera ejecutada por el carácter PENAC, el valor del Agregado genético económico es bajo y con muy escasa confiabilidad de su valor.

Comparando entre métodos de selección, se deduce que el Índice a partir de VCPs-BLUP es superior a los seleccionados a través del método en Tandem, superioridad que es muy precisa y consecuentemente muy confiable. El Índice Smith-Hazel, solo es superior al carácter PENAC, cuando éste último es seleccionado por el método en Tandem, la selección consecutiva es, por lo tanto, mejor cuando se selecciona por los caracteres PDEST y GPPD, respecto del Índice Smith-Hazel.

Los Índices de selección restringidos (ΔH_I^* y ΔH_B^*) no son mejores que el método de selección en Tandem cuando se seleccionan por los caracteres PDEST y GPPD, inclusive ΔH_I^* no lo es respecto del carácter PENAC. El Índice a partir de VCPs-BLUP restringido solo supera al carácter PENAC cuando éste es seleccionado por el método de Selección consecutiva, desafortunadamente menos precisa que esta última.

Es preciso subrayar la bondad del Índice de selección con VCPs-BLUP que da mejores resultados que el método de selección Individual o Tandem en los tres caracteres. Así mismo, es necesario aclarar que no es viable ejecutar las comparaciones entre Índices de selección y el método de NID, ni este último con el método en Tandem, debido a que el método por NID no permitió incluir a los tres caracteres en un único conglomerado genético.

EFICIENCIA RELATIVA: Eficiencia relativa de los tres métodos de selección multicarácter en llamas. La Tabla 10. muestra el valor de la razón

de la respuesta a la selección para el valor genético económico entre los tres métodos de selección multicarácter, así como sus valores esperados.

Tabla 10. Eficiencia relativa de los tres métodos de selección multi - carácter en llamas.

		$\frac{\sqrt{\sum (k_i h_i^2 \sigma_i^2)^2 in}}{\sum k_i h_i^2 \sigma_i in}$	\sqrt{n}
$\Delta H_I / \Delta H_T$	0.820873 / 0.473931	1.744711	1.732050
		$\frac{\sqrt{\sum (k_i h_i^2 \sigma_i^2)^2 * i}}{\sum k_i h_i^2 \sigma_i * \frac{z}{q}}$	$\frac{i}{\frac{z}{q} \sqrt{n}}$
$\Delta H_I / \Delta H_N$	0.632840 / 1.096111	0.577319	0.585132
		$\frac{\sum k_i h_i^2 \sigma_i \frac{z}{q}}{\sum k_i h_i^2 \sigma_i in}$	$\frac{n \frac{z}{q}}{i}$
$\Delta H_N / \Delta H_T$	1.096111 / 0.473931	2.312807	7.181863

De la Tabla 10. se infiere que el Índice de selección es 1.7447 veces más eficiente que el método de selección en Tándem, así mismo se infiere que el Índice de selección es más eficiente en 0.5771 veces más que el método de selección por Niveles independientes de descarte, en ambos casos son congruentes con su valores esperados. La razón entre Niveles independientes de descarte y Selección en Tándem $\Delta H_N / \Delta H_T$ proporciona un valor de 2.312, el que debe de interpretarse como que el Método de selección por niveles independientes es 2.312 veces mejor que el método de selección en Tándem, desafortunadamente no congruente con su valor esperado.

De los resultados observados en la Tabla 10. Se infiere que el método de selección por el Índice es relativamente mejor en 1.7320 veces que el método de selección en Tándem, el método de selección por Índices de mejor que el método de

selección por Niveles independientes de descarte. A pesar de que el método por NID es mejor a la selección en Tándem, es posible afirmar que este método es intermedio entre los otros dos, con alguna reserva.

CONCLUSIONES

Se ha construido la ecuación y determinado el valor individual del Índice de selección genética Smith-Hazel e Índice de selección a partir de las predicciones de valores de cría obtenidos a través de la metodología BLUP para los caracteres PENAC, PDEST y GPPD. Se han construido y determinado los valores individuales del Índice Smith-Hazel y el Índice a partir de predicciones de valores de cría obtenidos a través de la metodología BLUP, ambos restringidos, manteniendo constante el carácter GPPD. El Índice estructurado a partir de VCPs-BLUP, presenta el más alto valor de Precisión del Índice, así como el mayor valor en el Criterio de selección

que explica el Merito genético, respecto del Índice Smith-Hazel. El Índice con VCPs-BLUP restringido es más preciso que el Índice Smith-Hazel restringido, en estos dos últimos, el Criterio de selección no explica muy bien el Mérito genético, pertinente. El Índice estructurado a partir de VCPs-BLUP, es por el que mejor ganancia genética por generación de selección se logra en el Merito genético, este es muy confiable; respecto del Índice Smith-Hazel. El Índice con VCPs-BLUP restringido, presenta mejor ganancia genética respecto del Índice Smith-Hazel restringido, poco confiable.

La ganancia genética debido a una generación de selección si la selección fuera ejecutada por el método de selección consecutiva, el mejor valor en el Agregado genético económico se obtiene cuando se selecciona por el carácter PDEST, seguido del carácter GPPD, los cuales además tienen una buena precisión (*b*) de su valor; si la selección fuera ejecutada por el carácter PENAC, el valor del Agregado genético económico es relativamente bajo y con muy escasa confiabilidad de su valor. La ganancia genética esperada por selección con Niveles Independientes de descarte, para pares de caracteres: (PENAC-GPPD), (PDEST-GPPD) y (PENAC-PDEST), reportan secuencialmente de mayor a menor ganancia genética respectivamente, con diferencias muy escasas entre ellos. Los índices de selección son más eficaces comparado con el método de selección secuencial o Tándem.

Los Índices de selección son más eficientes respecto de la Selección por Tándem, Los Índices de selección son más eficientes, que el método de selección por Niveles independientes de descarte. El método de selección por niveles independientes de descarte (NID) es más eficiente que el método en Tándem, en este último, el valor esperado es considerado sobre valuado.

BIBLIOGRAFIA

- Ahlborn, G. (1994) Aspects of selection for economic merit in dairy cattle. Thesis presented in partial fulfillment of the requirements for the degree of Doctor of Philosophy. Massey University.
- Alenda, J. R., y Bejar V., F. (1995) Predicciones del Valor Genético: Métodos. In Zootecnia Bases de Producción Animal. Tomo IV. Genética, Patología, higiene y Residuos Animales. Ediciones Mundi-prensa. Madrid-Barcelona-México.
- Arian-EL, M.N. (2005) Selection Index for Friesian cows using two methods of calculating relative economic values for some important productive and reproductive traits. *J. Agric. Sci. Mansoura Univ. Egypt* 30, 7285-96
propósito. <<http://redalyc.uaemex.mx/src/inicio/ArtPdfRed.jsp?iCve=95916108>>
- Atil, H. (2006). A comparison of different selection indices for genetic improvement for milk traits in Holstein Friesian cattle in turkey by using one standard deviation as relative economic weight. *Pakistan Journal of Biological Science*. 9(2): 285-288.
- Becker, W. (1985). Manual of quantitative Genetics. First reprinting. Academic Enterprises. Pullman.U.S.A.
- Barría, N., Montaldo, H., Jara, A. y Martínez, V. (1998) Selection Index construction for the corriedale Breed in Magallanes, Chile. Proceedings of the 6th World congress on Genetics applied to livestock production, Armindale, NSW, Australia, 24:39-42
- Blasco, A. (1995) Los pesos económicos en la mejora genética. ITEA. Vol. 91A. N° 2. 59-79.
- Blasco, A. (1995 b) Genética cuantitativa La Selección Individual. En: Línea

- <<http://www.mastergr.upv.es/Asignaturas/Apuntes/07%20Cuantitativa%202/Selecion>>
- Bobner, C. (1994) Schatzung wirtschaftlicher Gewichte für sekundäre Leistungsmerkmale bei schweizerischeb zweinutzungsrrindem unter anwendum der dynamischen optimierum. Dissertation, ETH Zurich, 127 p.
 - Campo, CH., J. L. (1978) Revisión de la teoría de Índices de selección y métodos alternativos. Ministerio de Agricultura. Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias. Madrid España.
 - Cardellino, R. y Rovira, J. (1987). Mejoramiento Genético Animal. Editorial Hemisferio Sur.
 - Chen, J., Wang, Y., Zhang, Y., Sun, D. and Zhang, Y. (2009) Estimation of Economic values for production and functional traits in Chinese Holstein. *Journal of Animal and Veterinary Advances* 8 (11): 2125-2132.
 - Conington, J., Bishop, S.C., Grundy, B., Waterhouse, A. and Sim, G. (2001) Multi trait selection index for sustainable UK Hill sheep production. *Aminal Science*. 73:413-423
 - Cunninham, E P. and Henderson, C. R. (1968) An iterative procedure for estimating fixed effects and variance components in mixed model situations. En línea <<http://www.jstor.org/pss/2528457>>
 - Dalton, D.C. (1980) An Introduction to Practical Animal Breeding. Granada Publishing Limited-Technical Books Division. Ontario, Canada.
 - De Queiroz S, Pelicioni L, Silva B, Sesana B, Martins M, Sanches. A. (2005) Índices de Seleção para um Rebanho Caracu de Duplo Propósito. *R Bras Zootec*, 34(3):827-837.
 - Elsen, J. M., Bibe, B., Landais, E., Ricordeau, G. (1986) Twenty remarks on economic evaluation of selection goals. In: Proc. 3rd Wld. Cong. Genet. Appl. Livest. Prod. Lincoln. N° 12, p. 321-327.
 - Falconer, D.S. y Mackay, T.F.C. (1996). Introducción a la Genética Cuantitativa. Editorial ACRIBIA, S. A. Primera reimpresión. Zaragoza, España.
 - Fernández, M. y Alenda, R. (1999?) Pesos económicos en vacunos de carne de la raza avileña negra ibérica para la aplicación a un programa de mejora. <<http://acteon.webs.upv.es/CONGRESOS/AIDA%201999/mfernandez.htm>>
 - Gabiña, D., Ugarte, E., Santamaría, P. (2000) The definition of breeding objectives in the Lacha dairy Sheep breed. In: Analysis and definition of the objectives in general improvement programmes in sheep and goats. Proceeding of the meeting of the sub Network on Genetic Resources of the FAO-CIHEAM.
 - Ganai, N.A., Yadav, S.B.S., Kachawha, R.N. Singh, V.K. (1998) Selection index for Marwari sheep. *Indian Journal of Animal Science*. Vol 2, 68: 163-166
 - Gill, J. L. (1981) Design and analysis of experiments in the animal and medical sciences. *Iowa state Press*. USA.
 - Gibson, J.P., Graham, N. and Burnside, E. B. (1992) Selection index for production traits of Canadian dairy sires. *Can. J. Anim. Sci.* 72:477-491
 - Gonzáles, P., L.E. y Julio, P., F.A. (2005) Determinación de un Índice de Selección en ganado bovino de la raza Brahman en la hacienda Mundo nuevo, San Onofre-Sucre. Tesis para obtener el grado académico de Ing° Zootecnista. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Zootecnia. Sincelejo Colombia. En Línea <<http://www.biblioteca.unisucre.edu.co:8680/dspace/bitstream/123456789/54/1/t63.213G693pdf>>
 - Groen, A. (1989) Cattle breeding goals and production circumstances. Dissertation,

- Wageningen Agricultural University, The Netherlands. 167 p.
- Groeneveld, E. (1994) VCA-A Multivariate Multimodel REML (Co) variance Component Estimation Package. Proceedings of the Fifth World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 22, 47-48, Guelph: University of Guelph
 - Groeneveld, E., Kovac, M., Wang, T. (1990). PEST a general purpose BLUP package for multivariate prediction and estimation. Proc. 4th WCGALP. Edimburg. XII :488-491
 - Gutiérrez, G., P.P. (2008) Valoración de reproductores. El Modelo Animal: Planteamiento y Resolución. AECL. Curso: Gestión genética de poblaciones ganaderas. FMV - UNMSM. Lima, Perú.
 - Hazel, I.N., Lush, J.L. (1942) The efficiency of three methods of selection. *Jour of Heredity.*, 33, 393-399.
 - Henderson, C.R. and Quaas, R.L. (1976) Multiple trait evaluation using relatives records. *J. Anim. Sci.* 67: 1946
 - Hermes, S., Kanis, E., and Eissen, J.J. (2003) Economic weights for feed intake in the growing pig derived from a growth model and an economic model *J. Anim. Sci.* 81:895-903
 - Huapaya, G. M. (1985) Estimación de parámetros genéticos y fenotípicos para el peso vivo, peso de vellón y longitud de mecha en ovinos Junín, Corriedale y progenie Junín x Corriedale. Tesis para obtener el Grado de Magister Scientiae. Escuela de Post Grado. Universidad Nacional Agraria. La Molina. Lima Perú.
 - James, A. D. and Ellis, P.R. (1979) The evaluation of production and economic effects of disease. In: *Proceedings 2nd International Symposium on Veterinary Epidemiology and Economics*, Canberra, pp. 363
 - Jordana, J. (1993) Valoración genética de reproductores destinados a la monta natural en vacunos de carne I. Aproximación al problema y metodología de valoración Genética. *Med Vet.* Vol 10 N° 10
 - Jurado, G., J.J., Carabaño, L. y Díaz, M. (1998) Curso superior sobre modernas metodologías en mejora genética animal. Santa Cruz de la Sierra. Bolivia. 27-31 de julio 1998.
 - Jurado, G., J.J. (1994) I Curso sobre evaluación genética de reproductores y estimación de componentes de variancia. 17-21 octubre 1994. Lima Perú.
 - Jurado, J., Espinoza, M^a J., Valdemoros, F., Mantova, E., Ciudad, M. A., Vijil, E., Sevilla, E., Quintin, F., Alabart, J. L., Floch, J. y Sin, E. (1998,) Valoración genética de reproductores para prolificidad en el esquema de selección de la URPA Carne Aragón. Producción Ovina y Caprina. XXIII 201-204. En línea: <www.Expol.com/seoe/docs/v834y5q.pdf>
 - Kabirul, I. K., Mazumder, J., (2011) Economic selection index using different milk production traits of Holstein and its crossbreeds *Turk. J. Vet. Anim. Sci.*; 35(4): 255-261
 - Kempthorne, O., and Nordskog, A.W. (1959) Restricted selection indices. *Biometric.* 15:10-19.
 - Keller, D.S. and Allaire, F.R. (1990) Economic weights for genetic changes in ilk components yields at the Herd level. *J. Dairy Sci.* 73:1631-1643
 - Kluyts, J.F., Naser, F.W.C., and Bradfield, M.J. (2007) Derivation of economic values for the Simmentaler breed in South Africa. *South African Journal of Animal Science.* 37 (2)
 - Kovac, M., Groeneveld, E. and Garcia-Cortez, A. (2008) VCE-6 User's guide and reference manual. Version 6.0.2.

SELECCIÓN MULTICARACTER PARA RASGOS PRODUCTIVOS CARNICOS EN ESTADIOS TEMPRANOS EN LLAMAS

- Krupová, Z., Oravcová, M., Krupa, E., Peskovicová, D. (2008) Methods for calculating economic weights of important traits in sheep. *Slovak J. Anim. Sci.*, 41, pp:24-29
- Lin, C.Y. (1978) Index selection for genetic improvement of quantitative characters. *Theor. Appl. Genet.* 52, 49-56.
- Milagres, J. (1980) Melhoramento animal. Seleo. Minas Gerais. Brasil: Universidade Federal de Vicosa.
- Moniem, K. A. and Salah, A. (2009) A comparison between different selection indices for some productive traits on Egyptian buffaloes. *Archiv Tierzucht* 52 (2009) 5, 476-484, ISSN 0003-9438
- Montes V, D., Vergara G. O., y Prieto M, E. (2008) Determinación de un Índice de selección para el peso al nacer y al destete en ganado bovino de la raza Brahmán. *Rev. MVZ Córdoba* 13(2):1365-1368. En línea <<http://redalyc.uaemex.mx/pdf/693/69311191012.pdf>>
- Morales, M., H. (2010) Matlab. R2010a. Métodos numéricos con visualización gráfica. Primera edición. Grupo editorial Megabyte s.a.c. Lima, Perú
- Nicholas, F. W. (1996) Introducción a la genética veterinaria. Editorial ACRIBIA, S.A. Zaragoza, España.
- Páez, G. (1964) Métodos de investigación en producción animal. Instituto Interamericano de enseñanza e investigación. Turrialba. Costa Rica.
- Pérez, L. G. (2008) Influencia de la edad de la madre sobre el peso al nacimiento y pesa al destete en llamas. Tesis para optar el Título de Médico veterinario y Zootecnista. FMVZ-UNA
- Piedrafita, A., J. (1995) Predicción de la respuesta a la selección. En. Genética, Patología, Higiene y residuos animales. Tomo VIII. Ediciones Mundi-Prensa. Madrid, Barcelona, México.
- Quispe, R. (2008) Constancia del peso vivo al nacimiento en crías de llamas de las variedades K'ara y Ch'aco. Tesis para optar el Título de Médico veterinario y Zootecnista. FMVZ-UNA
- Rabelo Da Fonseca, G.E., Pruzzo, L., Maizon, D.O., Mirande, S.L. (2000) Definición del objetivo económico de selección para un sistema de producción porcina en Argentina. *Invest. Agr.:Prod. Sanid Anim.* Vol. 15 (1-2).
- Ramón, M., Legarra, A., Pérez-Guzmán, M. D. y Ugarte, E.(2005?) Obtención de pesos económicos para selección por rentabilidad. Hallado en línea: <http://acteon.webs.upv.es/CONGRESOS/AIDA%202005/pesos_revisión_3_ramon.pdf>
- Ramírez, R., Hernández, C., Núñez, R. (2007) Análisis univariado vs multivariado en la evaluación genética de variables de crecimiento en dos razas bovinas. Publicado como Artículo en *Agrociencia* 41:271-282.
- Reodecha, Ch. y Wanasithchaiwat, V. (1996) A proposed index for that pig Industry. Hallado en lined <<http://161.200.35.96/mutin/<UFVS-02348.pdf>>
- Restrepo, G., Pizarro, E.J., Quijano, J.H. (2008) Índices de selección y niveles independientes de descarte para dos características productivas y reproductivas en un hato holstein (*Bos taurus*). *Revista Colombiana de ciencias pecuarias.* 21:239-250.
- Robinson, O.W., Chapman, A. B., Self, H. L. (1960) Swine selection indexes including live animal measurements as indicators of carcass merit. Paper from the Department of Genetics N° 785 and the department of animal Husbandry Univ. Of Wisconsin in cooperation with the Regional Swine Breeding Laboratory. *J. Ani.Sc.* 1024-1030
- Romero, P., J.M. (2000) Métodos de selección para caracteres múltiples.

- Universidad Autónoma Chapingo. División de ciencias forestales. Tesis para obtener el grado de Licenciado en Estadística. Chapingo, Texcoco, Edo. de México.
- Saveli, O., Parna, E., Dewi, I. A. (2003) Derivation of economic values of beef production traits of Estonian Holstein cattle. EFITA Conference. Debrecen, Hungary
 - Stonaker, H. H. (1977) Genética para el mejoramiento Animal. Herrera Hermanos. Sucs., S.A. México.
 - Tallis, G. M. (1962) A selection index for optimum genotype. *Biometrics*. 18:120-122.
 - Tallis, G. M. (1985) Constrained selection. *Jap. J. Genet.* 60:151-155 [Corrigendum and addendum. *Jap. J. Genet.* 61:181-184] *Theor. Appl. Genet.* 52, 49-56.
 - Turner, H. N., Young, S.S.Y. (1969) Quantitative Genetics in Sheep Breeding. Cornell University Press. Ithaca, New York. U.S.A.
 - Valencia, P., M., Montaldo, H. H., Ruiz, de J. (2008) Parámetros genéticos para características de conformación, habilidad de permanencia y producción de leche en ganado Holstein en México. *Téc, Pecu. Mex.* 46:235-248
 - Vesely, J.A. and Robinson, O. W. (1968) Conventional Selection Indexs for Birth and Weaning traits in beef calves. *J. Anim. Sci.* 33:537-540
 - Vergara, G., O. C. Iriarte M. (2002) Determinación de Un Índice de Selección para el peso al nacer y peso al destete en ganado cebú MVZ- Córdoba, 7(1) pp: 148-151
 - Walsh, B. and Lynch, M. (2000) Theory of Index selection.
Hallado en línea <<http://nitro.biosci.arizona.edu/Nordicpdf/WLChapter23.pdf>>
 - Wang, C. T. and Dikerson, G. E. (1991) A deterministic computer model for simulation of life-cycle lamb and wool production. *J. anim. Sci.* 69:4321-4323.
 - Warwick, L. E. y Legates, J. (1980) Cría y Mejora del Ganado. 3ra edición. Mc. Graw-Hill de México. S.A. México.
 - Xie, C., and Xu, S. (1996) Best linear unbiased prediction under selection. *J. Genet. & Breed.* 50:287-294.
 - Yáñez, L., Aranguren-Méndez, J., Villasmil-Ontiveros, Y., Rojas, N. (2006) Modelo Bio-económico de simulación para orientar la definición del objetivo de Selección en el sistema de doble propósito. pp : 382. *Revista Científica. FCV- LUZ / Vol XVI n° 4.* 381-392. En línea <<http://redalyc.uaemex.mx/pdf/959/95911650007.pdf>>