

Estimado socio de AIDA:

Es un motivo de alegría y orgullo para todos los socios de AIDA que la Web of Science, del Institute for Scientific Information, haya incluido recientemente a nuestra revista ITEA en sus bases de datos "Science Citation Index Expanded" y "Journal Citation Reports/Science Edition," junto a las revistas científicas más prestigiosas. ITEA es una de las pocas revistas científicas en español incluidas en el ISI.

El proceso ha sido largo. Hace poco más de tres años, la revista de nuestra Asociación (ITEA) comenzó una nueva etapa comprometida con la difusión de la información técnica de calidad en el campo agrícola. El fruto de este esfuerzo ha sido una revista que reúne el interés y el rigor de su contenido con una presentación atractiva. Al mismo tiempo fue solicitada su evaluación para su inclusión en el SCI Expanded, que ahora ha concluido con resultado positivo. A nuestro parecer, dos factores han influido decisivamente en este hecho. Primero, mantener unos criterios de calidad en una revista, tanto en contenidos, como en puntualidad; y segundo, la internacionalización mediante la creciente inclusión de artículos de autores de otros países de habla española.

Desde la Asociación tenemos el convencimiento de la necesidad de una revista científica en el campo agrario con calidad y rigor, que utilice el español. El español es una lengua ampliamente utilizada en el mundo y es, además, el vehículo de información técnica de gran parte de los trabajadores en el campo agrícola, así que sentimos plenamente justificada la existencia de ITEA. Pero solo será posible si se envían trabajos para su publicación y si estos trabajos son reconocidos mediante las oportunas citas en otras publicaciones. De esta manera se reflejará su verdadero impacto.

Próximamente, la revista pasará a gestionarse electrónicamente gracias a la infraestructura proporcionada por RECYT, lo que contribuirá a una mayor accesibilidad y visibilidad de los contenidos de ITEA. Por otra parte, se estudia la futura creación de un Consejo Asesor, formado por profesionales reconocidos que colaboren en la definición de la política editorial y que contribuyan a su evaluación y seguimiento. Estas medidas ayudarán a mantener a ITEA en los estándares de calidad más exigentes.

Sin embargo, es preciso solicitar de nuevo la colaboración de todos los socios de AIDA, bien apoyando la revista con las cuotas de socio, bien aportando los resultados del trabajo en forma de artículos científicos originales, de divulgación, de revisión o de informes. Además, será necesario citar sus artículos en nuestras publicaciones, de manera que su impacto pueda ser medido. Esto será fundamental para seguir manteniendo la calidad de ITEA y su inclusión en las bases de datos más prestigiosas.

Muchas gracias y enhorabuena

Editorial

La XIV REUNIÓN NACIONAL DE MEJORA GENÉTICA ANIMAL se ha celebrado en Sevilla, en concreto en la sede de la Excm. Diputación Provincial de Sevilla, entre los días 19 y 21 de Junio de 2008. En esta edición, el responsable de su organización ha sido el Departamento de Ciencias Agroforestales de la Universidad de Sevilla.

El objetivo general de esta Reunión es fomentar el intercambio de información científica entre grupos españoles y extranjeros dedicados a la "Mejora Genética Animal (MGA)" en un sentido amplio. Se pretende cubrir los aspectos metodológicos de Genética Cuantitativa y la descripción de situaciones concretas de programas de mejora ganadera, actualmente en aplicación. También se pretenden tratar las tecnologías actuales de manejo y conservación de poblaciones animales en peligro de extinción, así como las técnicas moleculares (más metodológicas) para la caracterización de las producciones animales. La Reunión se constituye un punto de encuentro para conocer los avances científicos - tecnológicos - sociales en la MGA, permitiendo el intercambio de conocimientos y de experiencias entre investigadores que trabajan en este campo de la Mejora Genética.

La MGA no sólo se configura en el siglo XXI como una herramienta de importancia para conseguir explotaciones ganaderas rentables sino para lograr incrementar las producciones de alimentos de "calidad" y con "garantía", asegurar el bienestar animal y conservar la biodiversidad de los recursos genéticos animales locales en un marco sustentable. Por ello la práctica de la mejora genética es cada vez más una labor a desarrollar en equipo con la colaboración de especialistas en distintas disciplinas, dentro de las cuales, han tomado gran relevancia en los últimos años la aplicación de nuevas tecnologías reproductivas y el desarrollo tecnológico en los campos de la Genómica y Proteómica, con la decodificación de los genomas de múltiples organismos vivos y el desarrollo de las nuevas tecnologías para la identificación de las funciones de los genes que está permitiendo desarrollar técnicas para obtención de datos genómicos a gran escala (*high throughput*).

Por todo ello, la XIV Reunión Nacional de Mejora Genética Animal consciente de la importancia de la innovación científica como elemento primordial en la mejora del conocimiento ha apostado, de manera decidida, por crear un encuentro activo, donde se dé respuesta a los nuevos retos a los que se enfrenta la MGA en un marco de actuación globalizado que sirva de referencia de la actividad científica e investigadora en el campo de la Genética aplicada a la producción animal. Los temas principales que se han debatido durante el transcurso de la Reunión de MGA son:

- La Genética Molecular Aplicada: Nuevas aplicaciones de la Genética Molecular, Genómica, Transcriptómica y Proteómica.
- Los nuevos criterios de selección y las metodologías de Valoración Genética.
- Los Esquemas de Selección y Mejora. Aspectos organizativos y limitantes en nuestro país.
- Mejora genética y gestión de pequeñas poblaciones.

Mercedes Valera Córdoba
Profesora Universidad de Sevilla
Secretaria de la XIV Reunión
Nacional de Mejora Genética Animal

Fe de erratas

En el artículo titulado "Características de calidad y composición de distintos cultivares de coliflor con destino al procesado mínimo" del vol. 104 (1), en la tabla 3, los resultados deben expresarse en (mg ácidoclorogénico/g MS).

Sumario

Genética Molecular Aplicada: Nuevas aplicaciones de la Genética Molecular, Genómica, Transcriptómica y Proteómica

- Genética Molecular Aplicada: Nuevas Aplicaciones de la Genética Molecular, Genómica, Transcriptómica y Proteómica
Applied Molecular Genetics: New Applications of the Molecular Genetics, Genomic, Transcriptomic and Proteomic
A. Reverter 73
- Análisis del genoma ovino para la identificación de QTL con influencia sobre caracteres de morfología mamaria: resultados preliminares
Analysing the ovine genome to detect QTL for mammary morphology: preliminary results
B. Gutiérrez Gil, M. El Zarei, L. Álvarez, L.F. de la Fuente, Y. Bayón, F. San Primitivo, J.J. Arranz 83
- Estudio de expresión diferencial de genes y distribución de la vinculina en ovario de cerdas
Study on the differential gene expression and distribution of the vinculin in the ovary of sows
M. Martínez-Giner, R.N. Pena, J. Casellas, I. Balcells, A. Fernández, J.L. Noguera 89
- Estudio de la secuencia completa del ADN mitocondrial de 4 razas porcinas para el desarrollo de una herramienta molecular que certifique el origen materno en el ámbito de la norma de calidad del cerdo Ibérico
Study of the complete sequence of DNA mitochondrial of 4 pigs breeds to develop a molecular tool and certification of the maternal origin in the legal framework about Iberian Pig
A. Membrillo, I. Clemente, P.J. Azor, C. Avilés, A.M. Jiménez, E. Santos, A. Rodero, G. Dorado, A. Molina 94
- Luces y sombras del análisis de expresión génica utilizando microarrays. Un ejemplo en cerdo ibérico
Lights and darkness of gene expression analysis using microarrays: an example in Iberian pigs
A.I. Fernández, C. Óvilo, A. Fernández, C. Barragán, M.A. Toro, C. Rodríguez, L. Silió 99
- Mutaciones adyacentes a los codones 136 y 171 del gen PrnP ovino afectan al protocolo diagnóstico basado en RT-PCR acoplado a sondas fluorescentes
Adjacent mutations to ovine PrnP codons 136 and 171 affect performance of the diagnostic protocol based on RT-PCR coupled to fluorescence probes
A. Traoré, L.J. Royo, I. Álvarez, I. Fernández, J.P. Gutiérrez, C. Rincón, L. Pérez-Pardal, F. Goyache 106
- Análisis de agrupamiento de cerdos Ibéricos, Duroc y de sus cruces
Cluster analysis of Iberian, Duroc and crossed pigs
S.T. Rodríguez-Ramilo, J. Fernández, M.A. Toro 110

Nuevos criterios de selección y metodologías de Valoración Genética

- Criterios de selección. Lecciones que se han de sacar del pasado para nuevas perspectivas
Selection criteria; lessons from the past for future prospects
L. Bodin 116
- Estimación de parámetros genéticos para la producción de leche y sus componentes en la raza caprina Papoya mediante técnicas de Regresión Aleatoria
Estimates of genetic parameters of milk yield and milk composition using random regression model in Payoya goat
A. Menéndez-Buxadera, F. Romero, O. González, F. Arrebola, A. Molina 127
- Aplicación de un modelo de regresión aleatoria para la estimación de los parámetros genéticos del rendimiento deportivo en caballos jóvenes de la raza Trotador Español: resultados preliminares
Application of a random regression model for genetic parameters estimation of race performance in young Spanish Trotter horses: Preliminary analysis
M.D. Gómez, M. Valera, A. Molina, A. Menendez-Buxadera 133
- Evaluación genética para caracteres de valoración subjetiva en la raza Pirenaica
Genetic evaluation for subjective traits in the Pirenaica Breed
L. Varona, C. Moreno, J. Altarriba 139
- Influencia genética y de los aplomos sobre la longevidad de cerdas Duroc
Effect of leg conformation of Duroc sow longevity
X. Fernández de Sevilla, E. Fàbrega, J. Tibau, J. Casellas 145
- Efecto fenotípico del alelo BMP15/Fecx^R en la prolificidad de la población de Carnes Oviaragon S.C.L.
Phenotypic effect of the BMP15/Fecx^R allele in prolificacy of the CarnesOviaragon S.C.L. population
J.J. Jurado, A. Martinez-Royo, J.H. Calvo 149
- ¿Pueden usarse animales cruzados en selección genómica?
¿Can crossbred animals be used for genomic selection?
N. Ibáñez-Escriche, R.L. Fernando, J.C.M. Dekkers 155
- Interacción genotipo x tipo de dosis de inseminación artificial para la fertilidad del macho de conejo
Genotype x dose of artificial insemination interaction for buck fertility
M. Piles, Ll. Tusell, M. García-Tomás, M. López-Bejar, I. García-Ispierto, J.Ramon, O. Rafel, M. Baselga 160
- Moderado antagonismo genético entre rendimiento en piezas nobles y contenido en grasa intramuscular en cerdos Ibéricos
Limited genetic antagonism between premium cuts yield and intramuscular fat content in Iberian pigs
J. García-Casco, A. Fernández, E. de Pedro, C. Rodríguez, L. Silió 169

Efecto de la consanguinidad sobre la longevidad de cerdas Landrace
Effect of inbreeding on the longevity of Landrace sows
 J. Casellas, L. Varona, N. Ibáñez-Escriche, J.L. Noguera 175

Asociación entre el picaje de la cloaca y la asimetría fluctuante en gallinas
Association between vent pecking and fluctuating asymmetry in hens
 M.T. Prieto, J.L. Campo, S.G. Dávila 180

Esquemas de Selección y Mejora. Aspectos organizativos y limitantes en nuestro país

Objetivos, organización y factores limitantes de los programas de selección de las razas autóctonas en España
Objectives, organization and limiting factors of selection programs for indigenous breeds in Spain
 Trabajo colectivo coordinado por J.M. Serradilla 186

Resultados preliminares del efecto de la temperatura y humedad relativa sobre la producción de leche y sus componentes en cabras de raza Payoya
Preliminary results of the effect of temperature and relative humidity on milk yield and components in Payoya breed goats
 F. Romero, A. Molina, O. González, I. Clemente, F. Arrebola, A. Menéndez-Buxadera 243

Identificación genética y control genealógico en equinos mediante secuencias microsatélites de ADN
Genetic identification and pedigree control on horses through microsatellite DNA sequences
 J.A. Bouzada, J.M. Lozano, M.R. Maya, B. Ossorio, A. Trigo, M. Estévez, T. Mayoral, E. Anadón, C. Gómez-Tejedor 249

Efecto semental x ganadería en la estimación de parámetros genéticos en caracteres de tamaño en el caballo Pura Raza Español: Resultados preliminares
Sire x stud effect on estimation of genetic parameters for body traits in Spanish Purebred horse: Preliminary results
 M.D. Gómez, M. Valera, A. Molina, F. Goyache 256

Influencia de los factores ambientales en el rendimiento deportivo del caballo en pruebas objetivas de rendimiento funcional (Salto de Obstáculos)
Influence of environmental factors on the sport performance of the horse, in an objective selection test (Show Jumping)
 E. Bartolomé, I. Cervantes, M.D. Gómez, A. Molina, M. Valera 262

Mejora genética y gestión de poblaciones pequeñas

Mejora genética y gestión de poblaciones pequeñas
Genetic improvement and management of small populations
 M.A. Toro, A. Caballero, J. Fernández 268

- Análisis de la variabilidad y relaciones filogenéticas de las razas equinas autóctonas españolas de aptitud cárnica a partir del ADN mitocondrial
Genetic variability and phylogenetic relationships of the autochthonous horse breed for meat production based on mitochondrial DNA
 P.J. Azor, M.D. Gómez, F. Romero, J. Jordana, M.E. Alonso, M. Valera 283
- Diferenciación genética entre dos subpoblaciones de cabra de raza Bermeya de Asturias
Genetic differentiation between two geographic subpopulations of Bermeya goat
 I. Álvarez, L.J. Royo, I. Fernández, J.P. Gutiérrez, L. Pérez-Pardal, V. Guerra, C. Rincón, A. Traoré, F. Goyache 290
- Análisis preliminar de la estructura genética del Merino: situación de las estirpes tradicionales mediante análisis genealógico y molecular
Preliminary assessment of population structure of Spanish Merino Breed: traditional strain situation using genealogical and molecular analysis
 P.J. Azor, I. Cervantes, M. Valera, J.J. Arranz, C. Medina, J.P. Gutiérrez, F. Goyache, A. Muñoz, A. Molina 295
- El cociente entre incrementos de endogamia y de coascendencia como medida de subdivisión poblacional. Resultados preliminares
Ratio between inbreeding and coancestry rates as a measure of population subdivision. Preliminary results
 I. Cervantes, F. Goyache, J.P. Gutiérrez 303
- Tres pesquisas sobre el origen del *Manchado de Jabugo*
Three inquiries into the origin of Manchado de Jabugo pigs
 E. Alves, A.I. Fernández, M.C. Rodríguez, C. Ovílo, L. Silió 308
- Caracterización de la diversidad genética intrarracial del cerdo Ibérico
Intra-breed genetic diversity characterization of the Iberian pig
 I. Clemente, A. Membrillo, P.J. Azor, O. Polvillo, M. Juárez, E. Santos, A.M. Jiménez, E. Diéguez, A. Molina 314
- Estimación de las relaciones genéticas entre razas caprinas españolas y criollas utilizando microsatélites
Estimation of genetic relationships between Spanish and Creole goat breeds using microsatellite markers
 P.J. Azor, M. Valera, J. Sarria, J.P. Avilez, J. Nahed, M. Delgado, J.M. Castel 323



23-26 Septiembre 2008
Zaragoza

PÓST
ZARA
GOZA
2008

IX Simposio Nacional y VI Ibérico sobre Maduración y Postcosecha

Queridos compañeros y amigos:

En nombre del Grupo de Investigación en Alimentos de Origen Vegetal de la Comunidad Autónoma de Aragón, quiero expresaros nuestro agradecimiento por contar con vuestra confianza para la organización del IX Simposio Nacional y VI Ibérico de Maduración y Postrecolección, que se celebrará en Zaragoza del 23 al 26 de septiembre de 2008.

El programa científico, constará de 5 Sesiones sobre distintos aspectos de interés. Para cada sesión estamos recabando la colaboración de invitados que son autoridades a nivel internacional en su área y que protagonizarán las conferencias plenarias. Habrá también tiempo para la presentación de comunicaciones orales y deseamos prestar una especial atención a los pósters, dejando tiempo para su consulta mientras se toman los cafés y dedicando una hora para su discusión bajo la dirección y moderación de los miembros del Comité Científico.

Estamos organizando el Simposio entre varias instituciones (UZ, CSIC-EEAA, CITA, CTA), reflejando así la multidisciplinariedad de nuestro Grupo de Investigación y del propio ámbito en el que todos nosotros trabajamos. Esta no es la principal novedad del evento. Encontraréis una ciudad milenaria, renovada con ocasión de la EXPO 2008, que manteniendo su tradicional hospitalidad y sin olvidar sus orígenes, ofrece una imagen nueva, moderna y dinámica.

Trataremos de que nuestra reunión bianual sea satisfactoria en todos los ámbitos, científico, social y cultural. Pero para ello es imprescindible vuestra participación y vuestras aportaciones científicas, que en cada edición se van superando en calidad y en cantidad.

La sede escogida para celebrar el congreso se encuentra en el mismo centro de la ciudad, a muy poca distancia de los principales hoteles. Para los viajes hasta Zaragoza se ha negociado un descuento especial con RENFE. Estos y otros aspectos podréis consultarlos en la página www.postcosecha2008.com. No obstante, periódicamente os enviaremos noticias y recordatorios de las fechas clave, que muy pronto tendréis en esa web.

Por último, reiteraros nuestra más cálida invitación a participar en un evento que nos permite conocer los aspectos más actuales de la maduración y la postrecolección, y también mantener y estrechar las relaciones personales entre los investigadores que dedicamos nuestro esfuerzo y nuestra ilusión a estos aspectos de la Ciencia.

Dra. Rosa P. Oria Almudí
*Catedrática de Tecnología de los Alimentos
Universidad de Zaragoza*

Genética Molecular Aplicada: Nuevas Aplicaciones de la Genética Molecular, Genómica, Transcriptómica y Proteómica

A. Reverter

CSIRO Livestock Industries, 306 Carmody Rd., Brisbane, QLD 4067, Australia

E-mail: Tony.Reverter-Gomez@csiro.au

Resumen

En el presente artículo se ofrece una revisión del impacto que hasta la fecha han tenido las nuevas técnicas moleculares en el campo de la evaluación y mejora genética animal. Tres componentes diferenciados se abordan incluyendo la predicción del valor mejorante, la identificación de expresión diferencial a nivel del ARN, y los usos de las técnicas proteómicas. El artículo termina con la presentación, abierta a discusión, de una serie de consejos personales de uso práctico.

Palabras clave: Genética animal, Genómica animal, Proteómica animal

Summary

Applied Molecular Genetics: New Applications of the Molecular Genetics, Genomic, Transcriptomic and Proteomic

The present article offers a review of the impact that the new molecular techniques have had, and are having, in the field of genetic evaluation and improvement of livestock. Three clearly differentiated components are being discussed including the prediction of breeding value, the identification of differential expression at the level of the RNA, and the uses that proteomics techniques have revealed. The article finishes with the presentation, open for discussion, of a series of practical suggestions.

Key words: Animal genetics, Animal genomics, Animal proteomics

Introducción

La avalancha de herramientas moleculares genéticas, genómicas, transcriptómicas y proteómicas de la última década ha dejado al genetista cuantitativo dedicado a la mejora genética animal en una situación que sólo se puede clasificar de perversa. Cuando las características del tipo de datos que una herramienta emergente se consiguen entender hasta el punto de poder usar la información que aporta de una manera coherente, dicha herramienta se ve sustituida por una nueva supuestamente más eficaz y paradójicamente tanto o más asequible que la anterior.

Al mismo tiempo, parámetros tan básicos y perfectamente conceptualizados en el campo de la genética cuantitativa tradicional como es la heredabilidad se ven, en la era genómica, perturbados en su significado e incluso en ocasiones ignorados (Visscher *et al.*, 2008).

Ante semejante incongruencia, resulta pertinente reflexionar sobre cuáles han sido, y están siendo, las aplicaciones de la genética molecular en el campo de la evaluación y mejora genética animal y concentrándose en el impacto, no sólo científico sino también práctico, que se puede atribuir a dichas aplicaciones.

El presente artículo ofrece un recuento, aunque no exhaustivo, si con el suficiente alcance como para abordar los tres componentes principales incluyendo la predicción del valor mejorante, los estudios de expresión de genes a nivel del ARN, y los usos que hasta la fecha se han dado de las técnicas proteómicas. Revisiones similares se encuentran en Prayaga y Reverter (2007) y en Kadarmideen y Reverter (2007). Para el caso particular de los avances y aplicaciones genómicas en especies ganaderas, revisiones útiles incluyen las de Andersson y Georges (2004) y la de Womack (2005).

Finalmente, y puesto que el presente trabajo forma parte de la sesión plenaria que abre la XI Reunión Nacional de Mejora Genética Animal que se celebrará en Sevilla del 19 al 21 de Junio del 2008, me he tomado la libertad de usar una estructura menos rígida que la de los artículos puramente científicos y adoptando un todo divulgativo, y en ocasiones hasta jocosos, con la esperanza de despertar un diálogo ameno y, si cabe, una controversia sana.

Material y métodos y ...a veces Resultados

Predicción del Valor Mejorante –
De 'Caja Negra' a 'Cuarto Oscuro'

La predicción de fenotipos y la estimación de la contribución genética usa herramien-

tas maduras. Sin embargo, la base genética que, en mayor o menor medida, gobierna dichos fenotipos sigue mayormente desconocida. Estimaciones precisas de parámetros genéticos, incluyendo heredabilidades y correlaciones genéticas aditivas para caracteres de interés se obtienen resolviendo las ecuaciones de modelo mixto de Henderson (Henderson, 1984), las cuales implementan ideas que basan su origen en Fisher (1918). Desde mitad de la década de los 80, dichas herramientas se han usado de forma rutinaria para la realización de la evaluación y selección genética de especies ganaderas mediante predicciones lineales e inesgadas de los valores mejorantes. Mientras tanto, los genes causantes del mérito genético, o de la susceptibilidad a enfermedades, así como el mecanismo por el cual dichos genes actúan se han considerado una 'caja negra'.

De cara a entender dicho mecanismo, escaneos genómicos de baja densidad se han usado en varias especies (Patterson *et al.*, 1988; Andersson *et al.*, 1994; Georges *et al.*, 1995) siendo la intención principal la localización de 'quantitative trait loci' (QTL) y usando métodos que en su mayoría se diseñaron en la década anterior (Geldermann, 1975; Soller *et al.*, 1976; Lander y Botstein, 1989; Soller, 1990). Sin duda, QTL se han localizado usando estos procedimientos, y muchos parecían tener un efecto mucho mayor que el inicialmente esperado. La tabla 1 presenta

Tabla 1. Información sobre QTL existentes en cuatro especies ganaderas según la base de datos AnimalQTL (<http://www.animalgenome.org/QTLdb/>) en su versión 6 (8 de Enero del 2008).

Table 1. Information about existing QTLs in four livestock species according to the AnimalQTL Database (<http://www.animalgenome.org/QTLdb/>) as per Release 6 (Jan. 08, 2008).

	Cerdo	Vaca	Pollo	Oveja
Nº Publicaciones	113	71	45	14
Nº QTLs	1.831	1.123	657	53
Nº Caracteres	316	101	112	28

el número de publicaciones, QTLs y caracteres para cuatro especies ganaderas y de acuerdo a la base de datos AnimalQTL (<http://www.animalgenome.org/QTLdb/>). Cabe destacar que, incluso cuando la mutación responsable o causal de algunos de estos QTLs también ha sido identificada, la predicción fiable del fenotipo sigue ausente, excepto en los pocos casos en los que el gen mayor se ha identificado (Dekkers, 2004).

Acto seguido, varios métodos se propusieron para incorporar variaciones del ADN en la selección asistida por marcadores (MAS por 'marker assisted selection') usando modelos de herencia mixta que combinan el componente poligénico con un componente debido al efecto del QTL (Fernando y Grossman, 1989; Goddard, 1992; Hoeschele, 1993; Van Arendonk *et al.*, 1994; Saito y Iwaisaki, 1996; FRISCO y Melchinger, 2005 y 2006; Lee y Van der Werf, 2008). Sin embargo, los beneficios del MAS están limitados por la proporción de la varianza genética explicada por el QTL (Meuwissen y Goddard, 1996) y la incorporación de varios QTL en estos modelos representa una carga computacional prohibitiva.

Anticipando la llegada de escaneos genómicos de alta densidad basados en 'single nucleotide polymorphisms' (SNP), modelos teóricos, denominados selección genómica (Meuwissen *et al.*, 2001; Gianola *et al.*, 2006; Habier *et al.*, 2007) han demostrado, con datos simulados, que dichos métodos serían capaces de producir predicciones del valor mejorante con precisión equivalente o superior a la obtenida con métodos tradicionales. Dependiendo del método usado (medias mínimo cuadráticas, predicciones lineales insesgadas, o métodos Bayesianos), dichos estudios parecen indicar que la selección genómica puede generar predicciones con precisión mayor al 70%. Hasta la fecha, y aunque se sabe que la selección genómica ya se practica a nivel comercial por lo menos

en ganado vacuno lechero, el único estudio publicado con datos reales (Valdar *et al.*, 2006) usó 1.904 ratones y 13.459 SNPs. En dicho estudio, los autores hallaron que la varianza genética basada en QTLs era, como media, un 73% de la estimada con métodos tradicionales basados en pedigrís, aunque no intentaron predecir el fenotipo. La expectativa es que tamaños muestrales limitados resultarán en correlaciones pequeñas entre valores mejorantes estimados vía pedigrís y los estimados vía selección genómica, y que la magnitud de dicha correlación dependerá en gran medida en el método usado (Meuwissen *et al.*, 2001).

Sin embargo, mientras la selección genómica se hace, si se hace, una realidad rutinaria que sustituya a los métodos tradicionales en la selección genética animal, la disponibilidad de genotipados de SNPs en altas densidades ya está dando resultados tanto en el campo de la identificación nuevos QTL (Barendse *et al.*, 2007) como en el de mutaciones causales de fenotipos de interés (Charlier *et al.*, 2008).

Finalmente, y de forma similar a lo que el uso de los SNPs está dando en genética humana con respecto a la caracterización de grupos étnicos, se espera que las mismas técnicas permitan avanzar estudios filogenéticos en razas de especies ganaderas así como la reconstrucción precisa de genealogías. La Figura 1 presenta cómo un simple análisis de grupos jerarquizados aplicado a los 189 terneros genotipados por ~10 mil SNPs en Barendse *et al.* (2007) permite la distinción de las 7 razas ahí representadas.

Libertad de Expresión –
Bienvenido Mr. Microarray

Uno de los mejores intentos a 'iluminar el cuarto oscuro' se debe a los estudios de expresión genética vía microarrays. De forma

resumida, las cadenas de ARN mensajero localizadas a nivel citoplasmático se evalúan de forma exhaustiva. Lo que inicialmente se practicaba creando microarrays específicos a partir de librerías de clones extraídas de tejidos concretos (por ejemplo los casos de músculo y grasa en bovino de Lehnert *et al.* (2004), sistema inmunológico en bovinos (Donaldson *et al.*, 2005) y sistema inmunológico en porcino (Moser *et al.*, 2004)), ha pasado a realizarse usando microarrays de ámbito global y creados por laboratorios comerciales (por ejemplo, Affymetrix y Agilent).

Aunque la aplicación de microarrays en especies ganaderas se limita básicamente a los últimos cinco años, la adopción de dicha técnica

ha sido tan extendida que resulta imposible realizar una revisión exhaustiva. Sin embargo, la mayoría de los experimentos de microarray se pueden clasificar en una o más de las siguientes cuatro categorías: 1) Genes que muestran expresión diferencial entre fenotipos diferentes o extremos; 2) Genes que muestran expresión diferencial entre condiciones ambientales distintas; 3) Genes que muestran expresión diferencial en series de tiempo correspondientes a desarrollos biológicos como crecimiento; y 4) Genes que muestran expresión diferencial entre genotipos distintos. La tabla 2 presenta una serie de estudios publicados en cada una de dichas categorías y para varias especies ganaderas.

Tabla 2. Estudios de expresión genética en especies ganaderas según cuatro posibles categorías de hipótesis biológica

Table 2. Livestock microarray gene expression profiling experiments according to four possible categories of biological hypotheses

Categoría	Especie	Fenotipo	Tejido/Célula	Genes	Referencia
1. Fenotipos	Cerdo	Fertilidad	Ovario	71	Caetano <i>et al.</i> (2004)
	Cerdo	Fertilidad y Respiratorio	Yeyuno	25	Machado <i>et al.</i> (2005)
	Cerdo	Pleuroneumonía	Leucocitos	96	Moser <i>et al.</i> (2008)
	Cerdo	Enteritis	Gástrico	300	Niewold <i>et al.</i> (2005)
	Vaca	Respiratorio	Leucocitos	243	Murphy <i>et al.</i> (2006)
	Vaca	Johne's disease	Leucocitos	52	Skovgaard <i>et al.</i> (2006)
	Oveja	Nemátodos gastro-intestinales	Duodeno	41	Keane <i>et al.</i> (2006)
2. Ambientes	Vaca	Restricción nutricional	Músculo	57	Byrne <i>et al.</i> (2005)
	Vaca	Restricción nutricional	Músculo	78	Lehnert <i>et al.</i> (2006)
	Vaca	Stress del Transporte	Leucocitos	88	Sporer <i>et al.</i> (2008)
3. Desarrollo	Cerdo	Salmonella Choleraesuis	Pulmón	23	Zhao <i>et al.</i> (2006)
	Cerdo	Miogénesis	Músculo	18	Cagnazzo <i>et al.</i> (2006)
	Vaca	Miogénesis y Adipogénesis	Músculo	335	Wang <i>et al.</i> (2005a)
	Vaca	Adipogénesis (in-vitro)	Células madre	158	Tan <i>et al.</i> (2006)
	Vaca	Immunodepresión post-parto	Leucocitos	18	Burton <i>et al.</i> (2003)
4. Genotipos	Oveja	Dermatogénesis	Piel	132	Norris <i>et al.</i> (2005)
	Vaca	Wagyu y Holstein	Músculo	17	Wang <i>et al.</i> (2005b)
	Vaca	Wagyu y Piamontes	Músculo		Lehnert <i>et al.</i> (2007)
	Cerdo	Duroc y Pietrain	Músculo	9	Cagnazzo <i>et al.</i> (2006)
	Pollo	Arbor Acres (broiler) y Bai'er (ponedora)	Grasa	67	Wang <i>et al.</i> (2006)

Muchos grupos de investigación, algunos con carácter internacional, se han especializado en experimentos de microarray a gran escala. Ejemplos incluyen el CSREES en EEUU (<http://www.csrees.usda.gov/nea/animals/animals.html>), el BBRSC en el Reino Unido (<http://www.bbrsc.ac.uk/science/areas/as.html>), el SABRE en Europa (<http://www.sabre-eu.eu>), el FUGATO en Alemania (<http://www.fugato-forschung.de>), el Beef CRC en Australia (<http://www.beef.crc.org.au>) y SheepGenomics también en Australia (<http://www.sheepgenomics.org.au>).

Proteína Linda de Espectrometría de Oro

Proteómica es la más reciente de las aplicaciones de la genética molecular y consiste en el estudio de la identidad y cantidad de proteínas presentes en un tejido determinado. Sin embargo, debido principalmente a su alto costo, las aplicaciones proteómicas en animales se limitan más a la creación de vacunas y/o al estudio de zoonosis transmisibles al hombre, y menos a la producción y mejora genética animal. Otra importante limitación es que sólo se pueden detectar las proteínas que estén caracterizadas y almacenadas en una base de datos a disposición del usuario. Mientras es relativamente fácil detectar la presencia de proteínas cuya secuencia se haya altamente conservada entre especies (y que por lo general son también proteínas altamente expresadas), el cambio de un solo aminoácido en una proteína puede resultar en un cambio drástico en su masa peptídica.

En medicina humana, una alternativa al uso de roedores consiste en el estudio de enfermedades que ocurren de forma natural en especies ganaderas puesto que dichas enfermedades presentan una patología clínica y molecular muy similar a las enfermedades análogas en humanos. Esto ha dado lugar a lo que se conoce como '*Medicina Compara-*

da' y al establecimiento de bases de datos que catalogan enfermedades animales hereditarias como el Online Mendelian Inheritance in Animals (<http://omia.angis.org.au>; Nicholas 2003).

Trabajando con ovino, Morphew *et al.* (2007) realizaron un estudio proteómico de parásitos hepáticos. Comparando el jugo biliar de ovejas infestadas con el de ovejas sanas, los autores identificaron la presencia de seis proteínas que potencialmente se podrían usar como biomarcadores.

También en ovino, la paratuberculosis, conocida también como enfermedad de Johne's, se ha visto implicada como posible factor en el desarrollo de la enfermedad de Crohn's en humanos. Hughes *et al.* (2007) comparó micobacterias obtenidas de muestras de animales enfermos con micobacterias cultivadas *in vitro*. Diez proteínas se identificaron como sobre-expresadas en las muestras animales. Aunque el principal uso de dicho estudio consiste en el desarrollo de vacunas en medicina animal, también dicho estudio aporta conocimientos fundamentales en la relación entre parásito y huésped que son de aplicación a otras especies incluidas la especie humana.

Un ejemplo claro de medicina comparada usando vacuno es el estudio de Weekes *et al.* (1999) sobre dilatación miocárdica, una enfermedad hereditaria en los cruces entre Simmental y Holstein, y cuya etiología en humanos es multifactorial y va desde infecciones virales a excesos de alcohol y otros agentes tóxicos. Los autores identificaron la presencia de 35 proteínas diferencialmente expresadas entre tejido ventricular de vacuno afectado y control.

Finalmente, y quizás no de forma sorprendente, de entre los caracteres productivos de interés puramente comercial, la calidad de carne ha merecido recientes estudios en proteómica. Sayd *et al.* (2006) estudiaron los mecanismos bioquímicos relacionados con

el color de la carne de cerdo. Los autores encontraron que mientras los músculos oscuros poseen una abundante cantidad de proteínas mitocondriales, indicando un metabolismo oxidativo, los músculos claros presentan una abundancia de proteínas citoplasmáticas relacionadas con la glicolisis. De forma similar, Bauchart *et al.* (2006) aplicaron espectrometría de masas para identificar las proteínas presentes en varias muestras de carne de ternera cocinadas.

Discusión ...y consejos finales

No cabe duda que el furor que las herramientas moleculares ha traído entre los científicos dedicados a la mejora genética animal no está ajeno a una serie de críticas y polémicas que se repiten de forma más o menos constante, pero siempre más evidente entre los asistentes a congresos. Derivados de experiencias personales, a continuación se recogen una serie de conclusiones y consejos finales.

Ojo con la contaminación interdisciplinaria

Una condición necesaria, aunque no suficiente, para un uso exitoso de herramientas moleculares es la inclusión de personal investigador en el grupo de investigación con una buena base biológica en áreas como por ejemplo bioquímica, fisiología, etc. Sin embargo, encontrar el balance adecuado para cada proyecto específico puede conducir a la creación de grupos excesivamente heterogéneo donde las prioridades científicas están poco o mal canalizadas.

Escoge tus cartas y juega a lo grande

“La genética molecular lleva prometiando, prometiando y prometiando, pero hasta la fecha lo que más ha generado ha sido

decepciones” (congresista amigo, 2008). Aunque es posible que la búsqueda de QTLs sea uno de los fallos más espectaculares de la ciencia en la última década, no es menos espectacular el tamaño de los grupos y proyectos que han montado algunos individuos que han sido capaces de transmitir el entusiasmo por las técnicas moleculares.

No descuides la importancia del componente cuantitativo

Una conclusión que se deriva de los dos consejos anteriores es que la demanda por genetistas cuantitativos con habilidad para manejar y analizar de forma rigurosa grandes volúmenes de datos seguirá en aumento.

Fenotipo, fenotipo, fenotipo

Finalmente, una conclusión errónea que se deriva de las promesas ya mencionadas es que cada vez hará menos falta fenotipar a los individuos, o a sus parientes, para poder dar una predicción de su valor genético. Esto es una fantasía. En realidad, los centros que sigan manteniendo sus recursos animales (a ser posible no roedores), con capacidad para fenotipar una gran variedad de caracteres y con una buena colección de bancos de tejidos serán los que en mejor posición se hallen de cara a conseguir financiación.

Agradecimientos

Quisiera agradecer al Comité Organizador de la XIV Reunión Nacional de Mejora Genética Animal por la invitación a participar como ponente que abra la Sección I de dicha reunión. También quisiera agradecer a Eva Chan su asistencia en la generación de la figura 1.

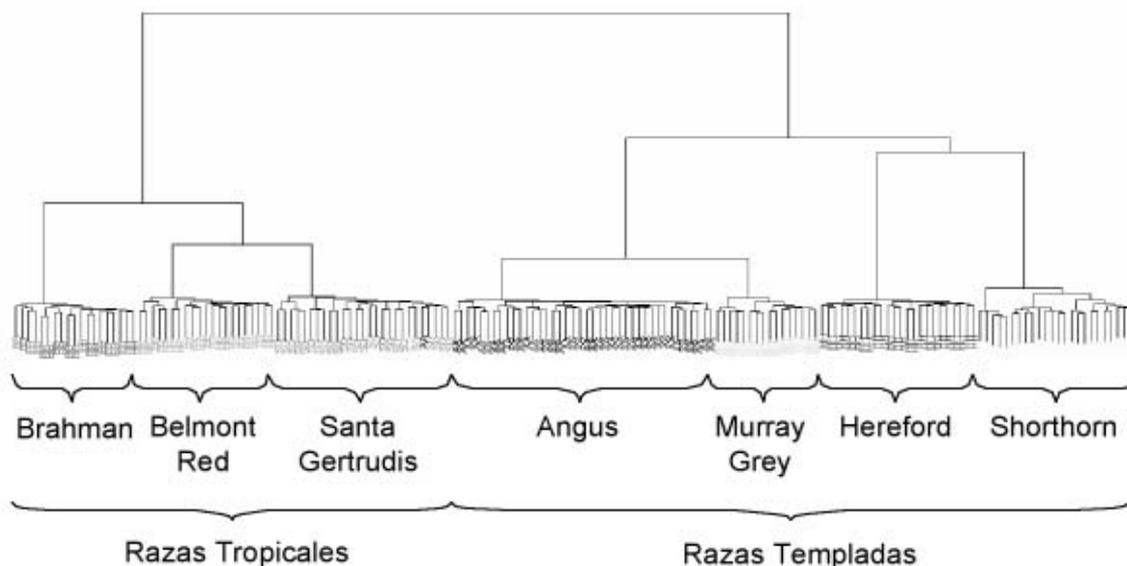


Figura 1. Análisis de grupos jerarquizados aplicado a los 189 terneros genotipados por ~10 mil SNPs en el trabajo de Barendse et al. (2007).

Figure 1. Hierarchical cluster analysis applied to the 189 steers that were genotyped for ~10 thousand SNPs in the work of Barendse et al. (2007).

Bibliografía

- Andersson L, Haley CS, Elengren H, Knott SA, Johansson M, Andersson K, Andersson-Eklund L, Edfors-Lilja I, Fredholm M, Hansson I, Hakansson J, Lundstrom K, 1994. Genetic-mapping of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. *Science*, 263, 1771-1774.
- Andersson L, Georges M, 2004. Domestic-Animal genomics: Deciphering the genetics of complex traits. *Nature Reviews Genetics*, 5, 202-212.
- Barendse W, Reverter A, Bunch RJ, Harrison BE, Barris W, Thomas MB, 2007. A validated whole genome association study of efficient food conversion in cattle. *Genetics*, 176, 1893-1905.
- Bauchart C, Rémond D, Chambon C, Patureau-Mirand M, Savary-Auzeloux I, Reynes C, 2006. Small peptides (<5 kDa) found in ready-to-eat beef meat. *Meat Science*, 74, 658-666.
- Byrne KA, Wang YH, Lehnert SA, Harper GS, McWilliam SM, Bruce HL, Reverter A, 2005. Gene expression profiling of muscle tissue in Brahman steers during nutritional restriction. *J. Anim. Sci.*, 83, 1-12.
- Caetano AR, Jonson RY, Ford JJ, Pomp D, 2004. Microarray profiling of differential gene expression in ovaries and ovarian follicles of pigs selected for increased ovulation rate. *Genetics*, 168, 1529-1537.
- Cagnazzo M, te Pas MF, Priem J, de Wit AA, Pool MH, Davoli R, Russo V, 2006. Comparison of prenatal muscle tissue expression profiles of two pig breeds differing in muscle characteristics. *J. Anim. Sci.*, 84, 1-10.
- Charlier C, Coppieters W, Rollin F, Desmecht D, Agerholm JS, Cambisano N, Carta E, Dardano S, Dive M, Fasquelle C, Frennet JC, Hanset R, Hubin X, Jorgensen C, Karim L, Kent M, Harvey K, Pearce BR, Simon P, Tama N, Nie H, Vandeputte S, Lien S, Longeri M, Fredholm M, Harvey RJ, Georges M, 2008. Highly effective SNP-based association mapping and management of recessive defects in livestock. *Nat Genet.*, 40, 449-54.

- Dekkers JCM, 2004. Commercial application of marker- and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. *J. Anim. Sci.*, 82, E313-E328.
- Donaldson L, Vuocolo T, Gray C, Strandberg Y, Reverter A, McWilliam S, Wang Y, Byrne K, Tellam R, 2005. Construction and validation of a Bovine Innate Immune Microarray. *BMC Genomics*, 6, 135.
- Fernando RL, Grossman M, 1989. Marker assisted selection using best linear unbiased prediction. *Genet. Sel. Evol.*, 21, 467-477.
- Fisher RA, 1918. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. *Trans. Royal Soc. Edinburgh*, 52, 399-433.
- Frisch M, Melchinger AE, 2005. Selection theory for marker-assisted backcrossing. *Genetics*, 170, 909-917.
- Frisch M, Melchinger AE, 2006. Marker-based prediction of the parental genome contribution to inbred lines derived from biparental crosses. *Genetics*, 174, 795-803.
- Geldermann H, 1975. Investigations on inheritance of quantitative characters in animals by gene markers. I. *Methods. Theor. Appl. Genet.*, 46, 319-330.
- Georges M, Nielsen D, Mackinnon M, Mishra A, Okimoto R, Pasquino AT, Sargeant LS, Sorensen A, Steele MR, Zhao X, Womack JE, Hoeschele I, 1995. Mapping quantitative trait loci controlling milk production in dairy cattle by exploiting progeny testing. *Genetics*, 139, 907-920.
- Gianola D, Fernando RL, Stella A, 2006. Genomic-assisted prediction of genetic value with semiparametric procedures. *Genetics*, 173, 1761-1776.
- Goddard ME, 1992. A mixed model for analyses of data on multiple genetic markers. *Theor. Appl. Genet.*, 83, 878-886.
- Habier D, Fernando RL, Dekkers JCM, 2007. The Impact of Genetic Relationship Information on Genome-Assisted Breeding Values. *Genetics*, 177, 2389-2397.
- Henderson CR, 1984. *Applications of Linear Models in Animal Breeding*. University of Guelph Press. Guelph, Ontario, Canada.
- Hoeschele I, 1993. Elimination of quantitative trait loci equations in animal model incorporating genetic marker data. *J. Dairy Sci.*, 76, 1693-1713.
- Hughes V, Smith S, García-Sánchez A, Sales J, Stevenson K, 2007. Proteomic comparison of *Mycobacterium avium* subspecies grown *in vitro* and isolated from clinical cases of ovine paratuberculosis. *Microbiology*, 153, 196-205.
- Kadarmideen HN, Reverter A, 2007. Combined genetic, genomic and transcriptomic methods in the analysis of animal traits. *CAB Reviews: Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources*, 2, 1-16.
- Keane OM, Zadissa A, Wilson T, Hyndman DL, Greer GJ, Baird DB, McCulloch AF, Crawford AM, McEwan JC, 2006. Gene expression profiling of naïve sheep genetically resistant and susceptible to gastrointestinal nematodes. *BMC Genomics*, 7, 42.
- Lander ES, Botstein D, 1989. Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP maps. *Genetics*, 121, 185-199.
- Lee SH, Van der Werf JHJ, 2008. Simultaneous fine mapping closely linked epistatic quantitative trait loci using combined linkage disequilibrium and linkage with a general pedigree. *Genet. Sel. Evol.*, 40, 265-278.
- Lehnert SA, Byrne KA, Reverter A, Natrass GS, Greenwood PL, Wang YH, Hudson NJ, Harper GS, 2006. Gene expression profiling of bovine skeletal muscle in response to and during recovery from chronic and severe undernutrition. *J. Anim. Sci.*, 84, 3239-3250.
- Lehnert SA, Reverter A, Byrne KA, Wang Y, Natrass GS, Hudson NJ, Greenwood PL, 2007. Gene expression studies of developing bovine longissimus muscle from two different beef cattle breeds. *BMC Dev. Biol.*, 7: 95.
- Machado JG, Hyland KA, Dvorak CMT, Murtaugh MP, 2005. Gene expression profiling of jejunal Peyer's patches in juvenile and adult pigs. *Mammalian Genome*, 16, 599-612.
- Meuwissen THE, Goddard ME, 1996. The use of marker haplotypes in animal breeding schemes. *Genet. Sel. Evol.*, 28, 161-176.

- Meuwissen THE, Hayes BJ, Goddard ME, 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157, 1819-1829.
- Morphew RM, Wright HA, Lacourse EJ, Woods DJ, Brophy PM, 2007. Comparative proteomics of excretory-secretory proteins released by the liver fluke *Fasciola hepatica* in sheep host bile during *in vitro* culture ex-host. *Mol. Cell. Proteomics*, 6, 963-972.
- Moser RJ, Reverter A, Lehnert SA, 2008. Gene expression profiling of porcine peripheral blood leukocytes after infection with *Actinobacillus pleuropneumoniae*. *Vet. Immunol. Immunopathol.*, 121, 260-74.
- Murphy JT, Sommer S, Kabara EA, Verman N, Kuelbs MA, Saama P, Halgren R, Coussens PM, 2006. Gene expression profiling of monocyte-derived macrophages following infection with *Mycobacterium avium* subspecies *avium* and *Mycobacterium avium* subspecies *paratuberculosis*. *Physiol. Genomics.*, 28, 67-75.
- Niewold TA, Kerstens HHD, van der Meulen J, Smits MA, Hulst MM. 2005. Development of a porcine small intestinal cDNA micro-array: characterization and functional analysis of the response to enterotoxigenic *E. Coli*. *Vet. Immunol. Immunopathol.*, 105, 317-329.
- Paterson AH, Lander ES, Hewitt JD, Peterson S, Lincoln SE, Tanksley SD, 1988. Resolution of quantitative traits into Mendelian factors by using a complete linkage map of restriction fragment length polymorphisms. *Nature*, 335, 721-726.
- Prayaga K, Reverter A, 2007. Precision animal breeding. In *Redesigning Animal Agriculture: The Challenge of the 21st Century*. CABI, Northampton, Wallingford, Oxon OX10 8DE, UK (ISBN: 9781845932237).
- Saito S, Iwaisaki H, 1996. A reduced animal model with elimination of quantitative trait loci equations for marker-assisted selection. *Genet. Sel. Evol.*, 28, 465-477.
- Sayd T, Morzel M, Chambon C, Franck M, Figwer P, Larzul C, Le Roy P, Monin G, Chrel P, Laville E, 2006. Proteome analysis of the sarcoplasmic fraction of pig semimembranosus muscle: Implications on meat colour development. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 54, 2732-2737.
- Skovgaard K, Grell SN, Heegaard PM, Jungersen G, Pudrith CB, Coussens PM, 2006. Differential expression of genes encoding CD30L and P-selectin in cattle with Johnes's disease: progress toward a diagnostic gene expression signature. *Vet. Immunol. Immunopathol.*, 112, 210-24.
- Soller M, Broday T, Genizi A, 1976. Power of experimental designs for detection of linkage between marker loci and quantitative loci in crosses between inbred lines. *Theor. Appl. Genet.*, 47, 35-39.
- Soller M, 1990. Genetic-mapping of the bovine genome using deoxyribonucleic acid-level markers to identify loci affecting quantitative traits of economic importance. *J. Dairy Sci.*, 73, 2628-2646.
- Sporer KR, Xiao L, Tempelman RJ, Burton JL, Earley B, Crowe MA, 2008. Transportation stress alters the circulating steroid environment and neutrophil gene expression in beef bulls. *Vet. Immunol. Immunopathol.*, 121, 300-320.
- Tan SH, Reverter A, Wang Y, Byrne KA, McWilliam SM, Lehnert SA, 2006. Gene expression profiling of bovine *in vitro* adipogenesis using a cDNA microarray. *Funct. Integr. Genomics.*, 6, 235-49.
- Valdar W, Solberg LC, Gauguier D, Burnett S, Klennerman P, Cookson WO, Taylor MS, Rawlins JN, Mott R, Flint J, 2006. Genome-wide genetic association of complex traits in heterogeneous stock mice. *Nat. Genet.*, 38, 861-862.
- Van Arendonk JAM, Tier B, Kinghorn BP, 1994. Use of multiple genetic markers in prediction of breeding values. *Genetics*, 137, 319-329.
- Visscher PM, Hill WG, Wray NR, 2008. Heritability in the genomics era – concepts and misconceptions. *Nature Rev. Genet.*, 9, 255-266.
- Wang YH, Reverter A, Mannen H, Taniguchi M, Harper GS, Oyama K, Byrne KA, Oka A, Tsuji S, Lehnert SA, 2005a. Transcriptional profiling of muscle tissue in growing Japanese Black cattle to identify genes involved with the develop-

- ment of intramuscular fat. *Aust. J. Exp. Agric.*, 45, 809-820.
- Wang YH, Byrne KA, Reverter A, Harper GS, Taniguchi M, McWilliam SM, Mannen H, Oyama K, Lehnert SA, 2005b. Transcriptional profiling of skeletal muscle tissue from two breeds of cattle. *Mamm. Genome*, 16, 201-210.
- Wang H, Li H, Wang Q, Wang Y, Han H, Shi H, 2006. Microarray análisis of adipose tissue gene expresión profiles between two chicken breeds. *J. Biosci.*, 31, 565-573.
- Weekes J, Wheeler CH, Yan JX, Weil J, Eschenhagen T, Scholtysik G, Dunn MJ, 1999. Bovine dilated cardiomyopathy: Proteomic analysis of an animal model of human dilated cardiomyopathy. *Electrophoresis*, 20, 898-906.
- Womack JE, 2005. Advances in livestock genomics: opening the barn door. *Genome Research*, 15, 1699-1705.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Análisis del genoma ovino para la identificación de QTL con influencia sobre caracteres de morfología mamaria: resultados preliminares

B. Gutiérrez Gil, M. El Zarei, L. Álvarez, L.F. de la Fuente, Y. Bayón, F. San Primitivo, J.J. Arranz

Dpto. Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad de León, Campus de Vegazana s/n, 24071 León

E-mail: beatriz.gutierrez@unileon.es; jjarranz@unileon.es

Resumen

El objetivo del presente estudio es la localización de regiones genómicas con influencia sobre caracteres de morfología mamaria en ganado ovino, utilizando la metodología de *genome scan*, o barrido genómico. Con este fin, se ha analizado una población comercial de ganado ovino de raza Churra, organizada en un diseño hija compuesto por 8 familias de medio-hermanas. Un total de 182 marcadores genéticos, distribuidos uniformemente a lo largo del genoma ovino autosómico, fueron genotipados en la población objeto de estudio. Como medidas cuantitativas se utilizaron las desviaciones calculadas para los caracteres de morfología mamaria considerados en el programa de mejora genética de la raza ovina Churra: inserción de la ubre, posición de los pezones, tamaño de los pezones, profundidad y forma global de la ubre. Para la identificación de los QTL se realizó un análisis de regresión de los fenotipos con marcadores flanqueantes. El análisis del genoma para el conjunto de la población permitió la identificación de 11 regiones asociadas con estos caracteres, al nivel *chromosome-wise*, en los siguientes cromosomas: 4, 6, 7, 8, 10, 14, 15, 20, 22, 23 y 26. Para las asociaciones significativas se debe realizar una verificación previamente al abordaje del mapeo fino.

Palabras clave: QTL, Ovino de leche, Morfología mamaria, Barrido genómico

Summary

Analysing the ovine genome to detect QTL for mammary morphology: preliminary results

The objective of this work was the identification of chromosomal regions influencing udder morphology traits in dairy sheep by using the genome scan approach. For this purpose, we have analyzed a commercial population of Spanish Churra sheep organized according a daughter design, which included 8 half-sib families. A total of 182 genetic markers, evenly distributed along the ovine autosome, were genotyped in the studied population. As quantitative measurements for the analysis, we used the yield deviations calculated for each of the udder traits considered in the breeding program of Churra sheep: udder attachment, teat position and teat size, udder depth and udder shape. A multimarker regression analysis was used to detect QTL. The whole genome analysis allowed the identification of 11 chromosome-wide significant regions associated with the traits analyzed in the following chromosomes: 4, 6, 7, 8, 10, 14, 15, 20, 22, 23 y 26. Confirmation of the detected effects is required before attempting future fine mapping studies on these regions.

Key words: QTL, Dairy sheep, Udder morphology, Genome scan

Introducción

Los caracteres relacionados con la morfología mamaria en ganado ovino de leche son de gran importancia ya que determinan la adaptabilidad al ordeño mecánico e influyen de forma significativa en el rendimiento productivo del animal. Al igual que la mayor parte de los caracteres de interés económico en las especies de abasto, estos caracteres están sometidos a un control genético complejo. Desde el punto de vista genético resulta interesante dilucidar la arquitectura de estos caracteres y un primer paso es la detección de los genes o QTL (Quantitative Trait Loci) que controlan las diferencias fenotípicas observadas. En el ganado vacuno se han realizado numerosos estudios sobre diversos caracteres morfológicos, fundamentalmente en el ganado vacuno de raza Frisona (Schrooten *et al.*, 2000; Hiedler *et al.*, 2003, para una revisión general visitar la siguiente URL: http://www.animalgenome.org/cgi-bin/QTLdb/BT/qtraitology?class_ID=1005).

En el ganado ovino la utilización de estos caracteres, en los programas de mejora ha sido mucho más reciente. El programa de mejora genética del ganado ovino de raza Churra incluye, desde el año 2002, cinco caracteres lineales utilizados para valorar la morfología mamaria como objetivo secundario de selección. Dentro de un proyecto general de búsqueda de QTL con influencia sobre los caracteres con importancia económica en el ganado ovino de leche, el objetivo del presente artículo es la identificación de los fragmentos génicos portadores de genes con influencia sobre los caracteres de morfología mamaria en la raza ovina Churra. En este artículo se presentan los resultados globales de este análisis genómico, y su estudio comparativo con QTL previamente descritos en otras poblaciones de ganado ovino y vacuno.

Material y métodos

El “diseño hija” descrito por Soller & Genizi (1978) ha sido utilizado para estudiar la segregación de marcadores genéticos en una población comercial de ganado ovino de raza Churra, que incluyó un total de 542 animales pertenecientes a 8 familias de mediohermanas. Todos los animales incluidos en el estudio formaban parte del Núcleo de Selección de ANCHE (Asociación de criadores de Ganado Selecto de Raza Churra) y fueron generados mediante inseminación artificial. Los marcadores genéticos analizados incluyeron un total de 182 marcadores genéticos (181 microsatélites y 1 SNP), distribuidos uniformemente a lo largo del genoma autosómico ovino. A partir de los datos genotípicos obtenidos para estos marcadores se construyeron los mapas de ligamiento de los 26 autosomas ovinos para esta población, utilizando el programa CRIMAP (Green *et al.*, 1990). Los marcadores incluidos en el análisis de ligamiento, junto con las distancias genéticas entre marcadores han sido descritos previamente (Gutiérrez-Gil *et al.*, 2008).

Los datos fenotípicos considerados en el análisis fueron los correspondientes a los cinco caracteres lineales que se utilizan para valorar la morfología mamaria en el ganado ovino de raza Churra: el tamaño y posición de los pezones, la profundidad de la ubre, la inserción mamaria y la forma global de la ubre (De la Fuente *et al.*, 1996). Las medidas cuantitativas consideradas en el análisis de QTL fueron los valores YD (*yield deviation*). Estos valores se obtuvieron corrigiendo las valoraciones fenotípicas de cada uno de los caracteres estudiados para los factores ambientales que influyen en la varianza de estos caracteres (la ronda de calificación, la edad de la oveja y la fase de lactación).

El análisis de QTL se realizó utilizando el programa HSQM (Coppeters *et al.*, 1998), que implementa el método de regresión con mar-

cadore múltiples desarrollado por Knott et al. (1996). Este análisis aplica un modelo de un único QTL para cada posición del genoma, de acuerdo con los mapa de ligamiento previamente desarrollados para la población en estudio. El valor máximo del estadístico obtenido en el análisis para cada combinación cromosoma-carácter fue considerado como significativo cuando superó el nivel de significación del 5%, determinado mediante 10,000 permutaciones al nivel *chromosome-wise* (Churchill y Doerge, 1994) y de tendencia en caso de que el valor *chromosome-wise* superase el umbral de significación 10%. Los valores de significación al nivel *genome-wise* se calcularon utilizando una corrección de Bonferroni, siguiendo las indicaciones De Koning et al. (1999). A partir del análisis intrafamiliar se obtuvieron los estimaciones de los efectos de substitución alélica segregantes.

Resultados y discusión

Para el mapa de ligamiento construido para la población en estudio, el contenido de información para la identificación de QTL alcanzó un valor promedio por cromosoma cercano al 60%. El análisis de regresión para toda la población detectó once regiones cromosómicas con una significación sugestiva, cinco de ellas con un valor $P < 0.05$ *chromosome-wise* (P_c). (tabla 1). Ninguna de estas regiones alcanzó el nivel de significación *genome-wise*.

El QTL que presentó una mayor significación ($P_c = 0.0136$) fue localizado en el extremo proximal del cromosoma 7 para el carácter posición de los pezones, seguido por el efecto identificado en el cromosoma 20 para el carácter profundidad de la ubre ($P_c = 0.016$). Los otros tres QTL con $P_c < 0.05$ fueron detectados en los cromosomas 14, 15 y 26 para los caracteres profundidad de la ubre, forma global de la ubre e inserción mama-

ria, respectivamente. Las regiones detectadas con un valor $P_c < 0.10$ afectaron a los caracteres forma global (cromosomas 4 y 23), profundidad de la ubre (cromosomas 6 y 8), posición de los pezones (cromosoma 10) y tamaño del pezón (cromosoma 22). El número de familias segregantes para cada QTL varió entre una y tres.

La respuesta a la selección conseguida mediante la aplicación de los métodos clásicos de la mejora genética podría verse incrementada de manera significativa si se conocieran las variantes alélicas del genoma que influyen sobre los caracteres sometidos a selección. De ahí, el gran esfuerzo que la comunidad científica ha dedicado en la última década a la identificación de regiones cromosómicas o QTL relacionadas con caracteres de interés económico en las especies de abasto (<http://www.animalgenome.org/QTLdb/>).

Los resultados del presente estudio sugieren la segregación de QTL con influencia sobre caracteres de morfología mamaria en el ganado ovino de raza Churra, tal y como se esperaría de una población con un esquema de selección relativamente reciente (descrito por de la Fuente et al., 1995). El análisis de regresión aplicado en el presente trabajo permitió la localización de once regiones con una indicación estadística de ser portadoras de QTL para estos caracteres. Aunque ninguno de estos QTL alcanzó una significación al nivel *genome-wise*, cuatro de ellos fueron significativos al nivel "sugestivo" propuesto por Lander and Kruglyak (1995). Para estudios de asociación en animales de abasto, este nivel de significación es considerado más apropiado que otras correcciones altamente conservadoras, tipo Bonferroni, debido al limitado poder estadístico de dichos experimentos. Siguiendo el método descrito por Weller et al. (1990), el poder de nuestro experimento para detectar un QTL que explica un 0,3 de la varianza fenotípica de un carácter de heredabilidad 0,3, sería aproximadamen-

Tabla 1. Caracterización de los posibles QTL identificados en este estudio, al nivel chromosome-wise ($P_c < 0.1$), en relación con caracteres de morfología mamaria

Table 1. Characterization of the putative QTL identified in the present study for udder morphology traits at the chromosome-wide level ($P_c < 0.1$)

Cromosoma	Carácter	cM (P_c)	Intervalo flanqueante	Efecto de sustitución alélica (puntos de escala lineal)
4	Forma de la ubre	23 (0,057)	[BMS1172-MCM144]	0,58-0,75
6	Profundidad de la ubre	1 (0,06)	[INRA133-MCM53]	1,05-1,13
7	Posición del pezón	17 (0,0136)	[BM3033-BMS528]	0,74-1,53
8	Profundidad de la ubre	25 (0,0524)	[BM1227-CSSM25]	0,74-1,45
10	Posición del pezón	5 (0,082)	[AGLA226-BMS975]	0,57-1,69
14	Profundidad de la ubre	1332 (0,045)	[MCM104-BM6507]	1,7
15	Forma de la ubre	1 (0,036)	[MCMA16-BR3510]	0,47-1,5
20	Profundidad de la ubre	8 (0,016)	[INRA132-DYA]	0,52-0,68
22	Tamaño del pezón	2 (0,067)	[MAF36-TGLA429]	1,23-1,75
23	Forma de la ubre	86 (0,093)	[MCM136-URB031]	1,07-1,65
26	Inserción de la ubre	75 (0,026)	[CSSM43-BM203]	0,61-0,79

te del 30% (asumiendo una tasa de error tipo I del 5%, y un 10% de recombinación entre el marcador y el QTL). Así pues, es probable que un número substancial de auténticos QTL segregantes en esta población no hayan sido identificados en nuestro análisis. Por ello hemos elegido la indicación estadística $P < 0.1$ (*chromosome-wise*) como indicadora de la presencia de QTL en la población. El uso de este nivel estadístico puede determinar que varias de estas regiones sean falsos positivos. Por ello se debe realizar una confirmación de las diferentes regiones en nuevas familias de la población, como paso previo al abordaje

del mapeo fino y la posible identificación de las mutaciones causales responsables de los efectos detectados.

El efecto de mayor significación detectado en nuestro estudio afectó al carácter posición de los pezones en el cromosoma 7. Este carácter es de una gran importancia en producción de leche de oveja, ya que determina la adaptación del animal al ordeño mecánico. No existen estudios anteriores que relacionen esta región con la morfología mamaria en oveja, aunque la región ortóloga bovina, situada en el cromosoma 10, parece estar asociada a este tipo de caracteres (Schrooten *et al.*,

2000; Hiendleder et al., 2003). Para este mismo carácter se identificó otro efecto significativo al 10% *chromosome-wise* en el extremo proximal del cromosoma 10. El otro carácter analizado en relación a los pezones sólo presentó una tendencia significativa ($P_c < 0.1$) en el extremo distal del cromosoma 22. Para el carácter profundidad de la ubre se detectaron dos QTL al nivel *chromosome-wise*, en los cromosomas 14 y 20, y dos regiones con tendencias significativas ($P_c < 0.1$) en los cromosomas 6 y 8. Este carácter está relacionado con el recuento de células somáticas (Fernández et al., 1997; Legarra y Ugarte, 2005), y por lo tanto mediante la selección para el mismo se conseguiría, teóricamente, mejorar indirectamente el estado de salubridad de la leche. Coincidiendo con el QTL localizado en el cromosoma 20, el segundo efecto más significativo de nuestro estudio, se han descrito QTL para altura lateral de la ubre y el grado de separación de las mamas en una población de retrocruzamiento obtenida mediante el cruce de las razas Sarda X Lacaine (Casu et al., 2004).

Para el carácter forma global de la ubre se identificó una región significativa en el cromosoma 15, junto con tendencias significativas en los cromosomas 4 y 23. Este carácter es un índice complejo que engloba a los demás caracteres, y con su mejora se conseguiría una ubre con mayor adaptación al ordeño mecánico.

El QTL identificado en el cromosoma 26 fue el único efecto significativo detectado para el carácter inserción de la ubre, un carácter de gran importancia, ya que se relaciona con la capacidad de la mama para soportar mejor la mayor producción de leche. Este QTL es coincidente con varios QTL relacionados con caracteres de morfología mamaria en el ganado ovino (Casu et al., 2004; Barillet et al., comunicación personal), así como en la región ortóloga del genoma bovino (Schrooten et al., 2000).

Las regiones aquí identificadas suponen el punto de partida para estudios posteriores centrados en el incremento de los marcadores analizados y la re-definición de los intervalos de confianza de los QTL identificados, con el objeto de identificar genes candidatos en relación al efecto detectado en el barrido genómico inicial. Los grandes esfuerzos desarrollados por la comunidad científica en el estudio de la secuenciación y organización de los genomas bovino y ovino [ej. anotación del genoma bovino (www.ensembl.com), genoma virtual ovino (Dalrymple et al., 2007)], así como las expectativas derivadas de los últimos avances metodológicos (secuenciación de última generación, el SNP-chips, etc) facilitarán, en gran medida, la ardua tarea de mapeo fino y clonado de QTL.

Agradecimientos

Trabajo Financiado por los proyectos 1FD97-0225 del Ministerio de Educación y Ciencia y *genesheepsafety* (QLK5-2000-00656) de la Unión Europea. Beatriz Gutiérrez-Gil disfruta de un contrato Juan de la Cierva del MEC

Bibliografía

- Casu S, 2004. Recherche de QTL contrôlant la cinétique de l'émission du lait et la morphologie de la mamelle chez les brebis laitières. Doctoral Thesis. Institut National Agronomique. Paris-Grignon. Paris, France.
- Churchill G, Doerge R, 1994. Empirical threshold values for quantitative trait mapping. *Genetics*, 138, 963-971.
- Coppieters W, Kvasz A, Farnir F, Arranz JJ, Grisart B, Mackinnon M, Georges M, 1998. A rank-based nonparametric method for mapping quantitative trait loci in outbred half-sib pedigrees: application to milk production in a grand-daughter design. *Genetics*, 149, 1547-1555.

- Dalrymple BP, Kirkness EF, Nefedov M, McWilliam S, Ratnakumar A, Barris W, Zhao S, Shetty J, Maddox JF, O'Grady M, Nicholas F, Crawford AM, Smith T, de Jong PJ, McEwan J, Oddy VH, Cockett NE, International Sheep Genomics Consortium, 2007. Using comparative genomics to reorder the human genome sequence into a virtual sheep genome. *Genome Biol.* 8:R152.
- De Koning DJ, Janss LL, Rattink AP, van Oers PA, de Vries BJ, Groenen MA, van der Piel JJ, de Groot PN, Brascamp EW, van Arendonk JA, 1999. Detection of quantitative trait loci for backfat thickness and intramuscular fat content in pigs (*Sus scrofa*). *Genetics*, 152, 1679-1690.
- De la Fuente LF, Fernández G, San Primitivo F, 1995. Breeding programme for the Spanish Churra sheep breed. *Cahiers Options Méditerranéennes*, 11, 165-172.
- De La Fuente LF, Fernández G, San Primitivo F, 1996. A linear evaluation system for udder traits of dairy ewes. *Livest. Prod. Sci.*, 45, 171-178.
- Fernández G, Baro JA, De La Fuente LF, 1997. Genetic parameters for linear udder traits of dairy ewes. *J. Dairy Sci.*, 80, 601-605.
- Green P, Falls K, Crooks S, 1990. Documentation for CRI-MAP, version 2.4. Washington University school of Medicine, St Louis, USA.
- Gutiérrez-Gil B, El-Zarei MF, Bayón Y, de la Fuente LF, San Primitivo F, Arranz JJ, 2007. Genome Scan analysis for detection of QTL influencing somatic cell score in dairy sheep. *J. Dairy Sci.*, 90, 422-426.
- Hiendleder S, Thomsen H, Reinsch N, Bennewitz J, Leyhe-Horn B, Looft C, Xu N, Medjugorac I, Russ I, Kühn C, Brockmann GA, Blümel J, Brenig B, Reinhardt F, Reents R, Averdunk G, Schwerin M, Förster M, Kalm E, Erhardt G, 2003. Mapping of QTL for Body Conformation and Behavior in Cattle. *J. Hered.*, 94, 496-506.
- Knott SA, Elsen JM, Haley CS, 1996. Methods for multiple-marker mapping of quantitative trait loci in half-sib population. *Theor. Appl. Genet.*, 93, 71-80.
- Lander E, Kruglyak L, 1995. Genetic dissection of complex traits: guidelines for interpreting and reporting linkage results. *Nat. Genet.*, 11, 241-247.
- Legarra A, Ugarte E, 2005. Genetic parameters of udder traits, somatic cell score, and milk yield in Latxa sheep. *J. Dairy Sci.*, 88, 2238-2245.
- Schrooten C, Bovenhuis H, Coppieters W, Van Arendonk JA, 2000. Whole genome scan to detect quantitative trait loci for conformation and functional traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 83, 795-806.
- Soller M, Genizi A, 1978. The efficiency of experimental designs for the detection of linkage between a marker locus and a locus affecting a quantitative trait in segregating population. *Biometrics*, 34, 47-55.
- Weller JI, Kashi Y, Soller M, 1990. Power of daughter and granddaughter designs for determining linkage between marker loci and quantitative trait loci in dairy cattle. *J. Dairy Sci.*, 73, 2525-2537.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Estudio de expresión diferencial de genes y distribución de la vinculina en ovario de cerdas

M. Martínez-Giner*, R.N. Pena*, J. Casellas*, I. Balcells**, A. Fernández***, J.L. Noguera*

* Genètica i Millora Animal. IRTA. Lleida. Spain

** Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. UAB. Bellaterra. Spain

*** Departamento de Mejora Genética Animal. SGIT-INIA. Madrid. Spain

E-mail: maria.martinez@irta.cat

Resumen

El objetivo de este estudio es analizar las diferencias en la expresión de genes y proteínas en tres estadios reproductivos en cerdas. Con el fin de caracterizar los cambios en los perfiles de expresión, se hibridó RNA de ovario de cerdas en celo, 15 y 45 días de gestación en microchips porcinos. Se detectaron diferencias de expresión en 281 genes (probabilidad posterior $<10^{-11}$) entre los tres momentos reproductivos analizados en ovario. Uno de estos genes, la vinculina, mostró una expresión 100 veces mayor en celo comparado con 45 días de gestación. Por ello, fue escogido para realizar un análisis de expresión proteica mediante inmunohistoquímica y análisis *western blot*. Los resultados obtenidos mediante inmunohistoquímica muestran mayor cantidad de vinculina en celo que a 30 días de gestación. Para esta misma proteína, los resultados sugieren la existencia de diferencias significativas entre ovarios de cerdas en celo y a 45 días de gestación mediante la técnica *western blot*.

Palabras clave: Vinculina, Inmunohistoquímica, *Western blot*, *Microarrays*

Summary

Study on the differential gene expression and distribution of the vinculin in the ovary of sows

The objective of this experiment is to study genes and proteins differing across reproductive stages in swine. RNA from ovary, from sows on heat, 15 and 45 days of pregnancy have been hybridised in porcine oligonucleotide microchips to characterize changes in gene expression profile between different reproductive stages. Expression differences in 281 genes (posterior probability $<10^{-11}$) have been found between expression at different stages in ovary. One of these genes, vinculin, showed 100 times more expression on heat than at 45 days of pregnancy, so we chose that gene for immunohistochemistry and *western blot* analysis. On immunohistochemistry we found that ovaries of sows on heat showed stronger vinculin staining than ovaries stroma of sows at 30 days of pregnancy. On *western blot*, significant differences appeared only between heat and 45 days of pregnancy.

Key words: Vinculin, Immunohistochemistry, *Western blot*, *Microarrays*

Introducción

El tamaño de camada es un carácter de gran importancia económica en porcino. Por ello, conocer la arquitectura genética del tamaño de camada, así como de sus componentes principales, como la tasa de ovulación, puede resultar de gran ayuda en la selección de la prolificidad. Además, el análisis proteómico de aquellos genes diferencialmente expresados permite comprobar si la expresión diferencial de los genes se corresponde con una expresión diferencial a nivel proteico. Con el objetivo de caracterizar dichas diferencias, se realizaron experimentos de *microarrays*, inmunohistoquímica y *western blot* con tejido ovárico de cerdas.

Material y métodos

Microarrays

Se recogieron muestras de ovario de un total de 22 hembras F₂ provenientes de un cruce de una población de raza *Ibérica* con una de raza china *Meishan*. Las hembras se encontraban en distintos momentos del ciclo reproductivo (celo, 15 y 45 días de gestación, tabla 1). Se extrajeron muestras de ARN que fueron hibridadas en *microchips* de porcino

(*GeneChip® Porcine Genome Array*, Affymetrix). El control de calidad fue realizado con los paquetes *Affy* y *Simpleaffy* del programa Bioconductor (R, www.bioconductor.org). Todos los *arrays* pasaron con éxito el control de calidad y fueron utilizados en los análisis posteriores, que consistieron en un procesamiento previo de los datos con el algoritmo RMA (Bolstad et al., 2003) y un análisis estadístico utilizando estadística Bayesiana (GEAMM; Casellas et al., 2008). Las diferencias se testaron mediante el modelo mixto siguiente, $y = XA + Z_1G + Z_2TE + e$, donde y era el vector de registros de expresión génica, X , Z_1 y Z_2 eran las matrices de incidencias para los efectos de *array* (A), gen (G) e interacción entre tejido y estado fisiológico dentro de gen (TE), (para este trabajo sólo se tuvieron en cuenta los niveles de TE correspondientes al ovario), y e era el vector de residuos.

Inmunohistoquímica

Utilizamos muestras de ovario de 4 cerdas comerciales, dos en celo y dos a los 30 días de gestación (tabla 1). El anticuerpo primario utilizado fue anti-vinculina monoclonal de ratón (clon 7F9, Chemicon) en una dilución 1:800, y como anticuerpo secundario anti-IgG de ratón biotinilado (Vectastain ABC kit, Vector).

Tabla 1. Número y tipo de cerdas usadas en cada experimento
Table 1. Number and type of sows used in each experiment

Tipo de cerdas Estadío reproductivo	Microarray Cruce F2	Western blot Cruce F2	Inmunohistoquímica Comercial
Celo	8	8*	2
15 días de gestación	8	8*	
30 días de gestación		8*	2
45 días de gestación	6	6*	
60 días de gestación		6*	

* Las muestras para el análisis western blot no están totalmente analizadas.

Western blot

Utilizamos muestras de ovario proveniente de los animales F_2 utilizados en el experimento de *microarrays* (celo, 15 y 45 días de gestación), además de otras hembras F_2 a 30 y 60 días de gestación (tabla 1). La extracción de proteína se realizó según el protocolo descrito en Lonergan *et al.* (2001). El anticuerpo primario utilizado fue anti-vinculina monoclonal de ratón (clon 7F9, Chemicon) en una dilución 1:1000 y como control utilizamos anti- β -actina monoclonal de ratón (ab8226, abcam) en una dilución 1:2000. El anticuerpo secundario fue anti-IgG de ratón conjugado con peroxidasa (A2554, Sigma) en una dilución 1:400. El análisis de los datos se realizó mediante el modelo siguiente, $y = XG + Z_1E + e$ donde y era el vector de registros de intensidad de banda, X y Z_1 eran las matrices de incidencias para los efectos de gel (G) y estadio reproductivo (E) y e era el vector de residuos.

Resultados y discusión

Microarrays

Los resultados de *microarrays* mostraron una gran cantidad de genes diferencialmente expresados en ovario a lo largo del ciclo reproductivo de la cerda (figura 1). Se observaron 2.829 genes con una probabilidad posterior de semejanza menor a 0,01 y 1,5 veces mayor/ menor expresión. Siendo más restrictivos y tomando una probabilidad posterior menor a 10^{-11} y un ratio de 10 veces mayor o menor expresión, aún observamos 281 genes diferencialmente expresados. Uno de estos genes fue el de la vinculina, que mostró una expresión más de 100 veces mayor en celo comparada con 45 días de gestación. Por esta razón fue escogida para realizar un análisis de expresión proteica mediante inmunohistoquímica y *western blot*. La vinculina es una proteína importante en la unión entre células y está presente sobre todo en los tejidos epiteliales.

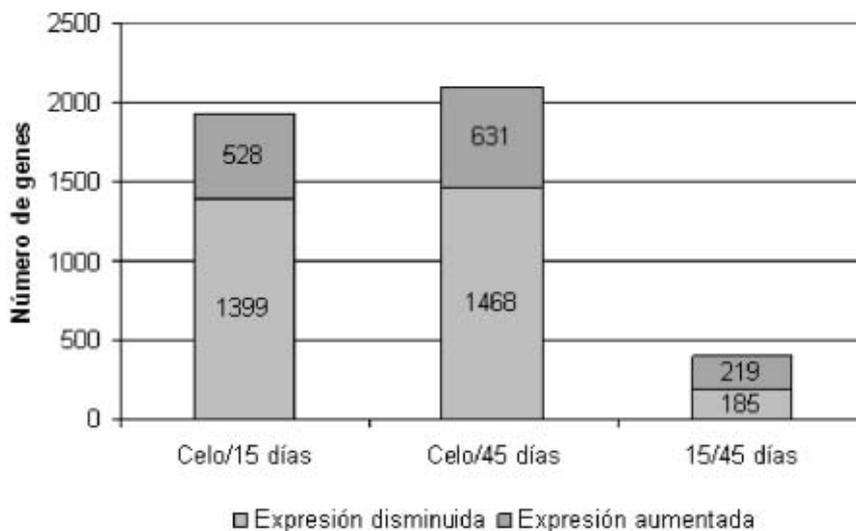


Figura 1. Número de genes diferencialmente expresados al comparar distintos estadios reproductivos con una probabilidad posterior $<0,01$ y un ratio $>1,5$ ó $<0,66$.

Figure 1. Number of genes differentially expressed by comparison between reproductive stages with posterior probability $p < 0.01$ and ratio > 1.5 or < 0.66 .

Inmunohistoquímica

Observamos una mayor cantidad de vinculina en las células de la teca y la granulosa en todos los estadios de desarrollo folicular y en epitelio, comparado con el estroma ovárico. Al ser la vinculina una proteína importante en la formación de las uniones entre células, resulta esperable encontrar niveles más altos en células con mayor adhesión, como es el epitelio. También observamos una mayor cantidad de vinculina en ovarios de hembras en celo (figura 2) comparado con los ovarios de hembras a 30 días de gestación, lo que corrobora los resultados obtenidos en el experimento de *microarrays*,

relacionándose así el nivel de expresión génica con la expresión de proteínas.

Western blot

Los resultados preliminares obtenidos con la técnica del *western blot* sugieren la existencia de diferencias entre el ovario de animales en celo y a 45 días de gestación ($P < 0,05$), mientras que no aparecen diferencias entre hembras gestantes a 15, 30 y 45 días de gestación (figura 3). Sin embargo, el número de muestras es por ahora insuficiente, y los errores estándar son elevados. Actualmente, estamos realizando el análisis de más muestras del experimento.

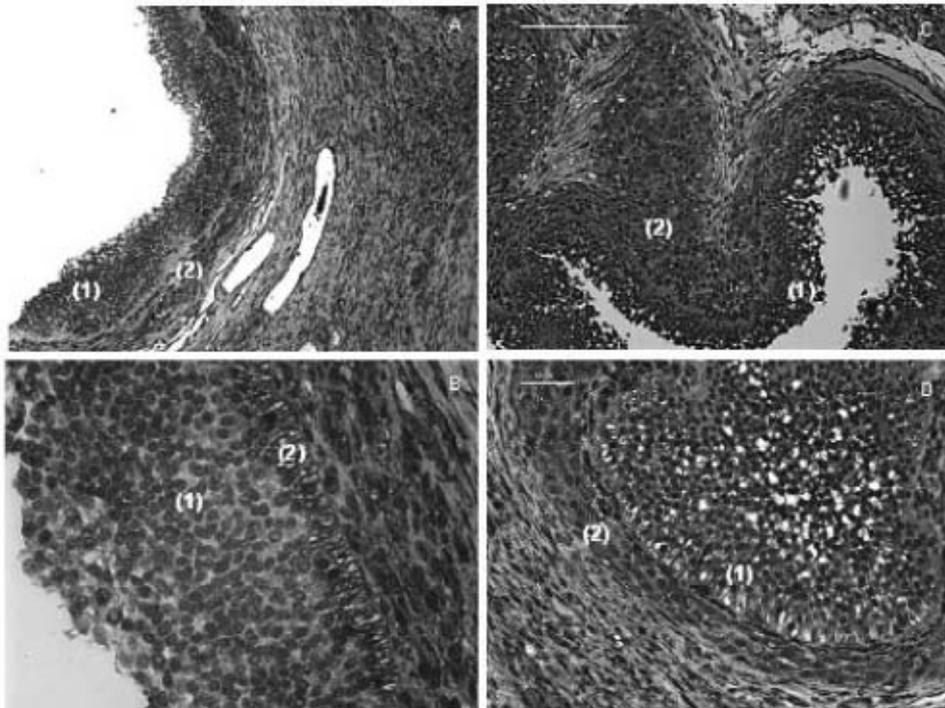


Figura 2. Inmunohistoquímica de la granulosa (1) y la teca (2) de ovario usando anticuerpo anti-vinculina. A y B a 30 días de gestación (A: 10x; B: 40x). C y D en celo (C: 10x; D: 20x).
 Figure 2. Immunohistochemistry of granulosa (1) and theca cells (2) of ovary using anti-vinculin antibody. A and B at 30 days of pregnancy (A: 10x; B: 40x). C and D at heat (C: 10x; D: 20x).

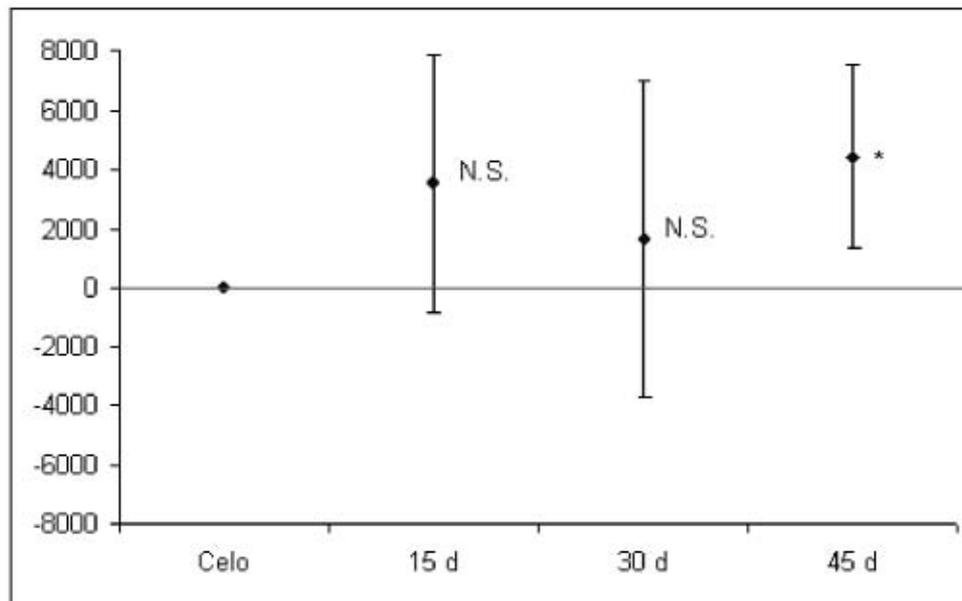


Figura 3. Representación gráfica de la intensidad de bandas por estadio reproductivo. N.S.: no significativo; *: diferencias significativas con $P < 0,05$.

Figure 3. Graphic representation of intensity of bands by reproductive stages. N.S.: non-significant; *: significant differences with $P < 0.05$.

Agradecimientos

Este trabajo se enmarca en el proyecto AGL2004-08368-C03, financiado con fondos del Ministerio de Educación y Ciencia. María Martínez Giner disfruta de una beca FPI del MEC. Así mismo, agradecemos la colaboración de Luis Varona, Ángela Cánovas y de todo el personal del Laboratorio de Medicina de la Reproducción y el Desarrollo de la Universidad de Sheffield.

Bibliografía

- Bolstad BM, Irizarry RA, Astrand M, Speed TP, 2003. A Comparison of Normalization Methods for High Density Oligonucleotide Array Data Based on Bias and Variance. *Bioinformatics*, 19(2), 185-193.
- Casellas J, Ibáñez-Escriche N, Martínez-Giner M, Varona L, 2008. GEAMM v1.4: a versatile program for mixed model analysis of gene expression data. *Animal Genetics*, 39, 89-90.
- Lonergan SM, Huff-Lonergan E, Rowe LJ, Kuhlert DL, Jungst SB, 2001. Selection for lean growth efficiency in Duroc pigs influences pork quality. *J. Anim. Sci.*, 79, 2075-2085.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Estudio de la secuencia completa del ADN mitocondrial de 4 razas porcinas para el desarrollo de una herramienta molecular que certifique el origen materno en el ámbito de la norma de calidad del cerdo Ibérico

A. Membrillo*, I. Clemente*, P.J. Azor*, C. Avilés*, A.M. Jiménez*, E. Santos*, A. Rodero*, G. Dorado**, A. Molina*

* Grupo Meragem (AGR158). Dpto. Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba.

** Grupo AGR248. Dpto. Bioquímica y Biología Molecular. Universidad de Córdoba.

E-mail: agr158.ldgv@gmail.com

Resumen

Con la aprobación de la Norma de Calidad para los productos del Cerdo Ibérico (R.D. 1469/2007 de 2 de noviembre) se establece como requisito el origen materno Ibérico puro para los productos comercializados como "de Ibérico" dentro de la Norma. Debido a la herencia materna del ADN mitocondrial, su estudio y análisis se erige como una herramienta útil en combinación con otras herramientas moleculares para garantizar el cumplimiento normativo. La secuenciación completa del ADN mitocondrial (ADNmt) de cerdos pertenecientes a las razas Ibérica, Duroc, Large White y Mangalitza ha permitido localizar 199 polimorfismos de base sencilla (SNP). Estos resultados forman parte de un desarrollo genómico más amplio para el análisis y genotipado del cerdo Ibérico y sus productos derivados.

Palabras clave: Cerdo Ibérico, origen materno, ADN mitocondrial, Norma de Calidad del cerdo Ibérico

Summary

Study of the complete sequence of DNA mitochondrial of 4 pigs breeds to develop a molecular tool and certification of the maternal origin in the legal framework about Iberian Pig

The law about the Quality Standard for Iberian pig products (RD 1469/2007 from November 2) establishes a requirement Iberian pure maternal origin for products sold as "from Iberian" within the Standard. Because of the maternal inheritance of mitochondrial DNA (mtDNA), its study and analysis is an useful tool in combination with other molecular tools to ensure regulatory compliance. The complete sequencing of the mtDNA from Iberian, Duroc, Large White and Mangalitza pigs allowed identifying 199 type SNP polymorphisms located in the mitochondrial genome. These results belong to a wider genomic development for the analysis and fingerprinting of the Iberian pig and its products.

Key words: Iberian pig, maternal origin, mitochondrial DNA, Quality Standard for products of the Iberian pig

Introducción

Se ha demostrado que el ADN mitocondrial (ADNmt) es muy útil para el estudio de los orígenes maternos de las razas porcinas actuales. Estudios evolutivos (Giuffra *et al.*, 2000; Larson *et al.*, 2005; Kijas *et al.*, 2001; Alves *et al.*, 2003; Kim *et al.*, 2002) lo han utilizado para estudiar las relaciones filogenéticas de distintas razas porcinas analizando y comparando fragmentos de la región D-loop y de la secuencia del gen del citocromo b del ADNmt. La norma de Calidad para los productos del cerdo ibérico (Real Decreto 1469/2007, de 2 de noviembre) establece la obligatoriedad de que éstos procedan de madre Ibérica pura, inscrita o no en el Libro Genealógico, por lo que, el aporte de sangre Duroc, permitido hasta en un 50% por la mencionada norma, sólo puede proceder por vía paterna. El ADNmt, complementariamente con otras técnicas moleculares, puede erigirse como una herramienta útil para garantizar el cumplimiento de este aspecto normativo, garantizando la calidad y controlando posibles fraudes. Se ha realizado un primer estudio por Alves *et al.*, (2007) en el que ya estudian el origen materno y los polimorfismos encontrados en el ADNmt en las razas Duroc e Ibérica. El objetivo del presente estudio es determinar los lugares polimórficos del ADNmt capaces de diferenciar el origen materno de individuos de 4 razas porcinas (Ibérica, Duroc, Large White y Mangalitza), todo ello tendente a evitar el posible fraude en el ámbito de la Norma de Cali.

Material y métodos

Para la realización de este estudio, se han tomado muestras de cuatro animales pertenecientes a las cuatro principales estirpes diferenciadas en el Libro Genealógico de la

Raza Porcina Ibérica: Entrepelado, Lampiño, Torbiscal y Retinto. Esta diferenciación se ha puesto de manifiesto por varios autores a partir del estudio de microsatélites y fragmentos del ADNmt (Martínez *et al.*, 2000 y 2001; Membrillo *et al.*, 2007; Alves *et al.*, 2003). Además de los individuos de dichas estirpes, se han secuenciado un individuo de cada una de las siguientes razas: Large White, Mangalitza y Duroc, por su importancia cualitativa en el sector porcino o por ser posibles fuentes de fraude en los productos comercializados como ibéricos.

El ADN total se extrajo a partir de sangre entera utilizando la metodología de Miller *et al.* (1998) y digestión con proteinasa K. Se amplificó el ADNmt completo con cebadores diseñados por los autores en distintas reacciones de PCR, en un termociclador EP Gradient (Eppendorf, Hamburgo, Alemania) a partir de la secuencia de ADNmt de porcino publicado en la Base de Datos GenBank con número de acceso NC_000845.1 (Lin *et al.*, 1999). Una vez amplificados todos los fragmentos se realizó la reacción de secuenciación con terminadores fluorescentes. La purificación de los productos amplificados se llevó a cabo con el kit Autoseq (GE Healthcare, Little Chalfont, Reino Unido). La secuenciación se realizó en un secuenciador automático ABI 3130x (Applied Biosystems, Foster City, CA, EUA). Las secuencias se examinaron y alinearon con el programa Sequencher v.4.7 (Gene Codes, Ann Arbor, MI, EUA).

Resultados y discusión

Los tamaños del genoma mitocondrial secuenciado osciló entre 16701 pb de los individuos de la estirpe Lampiño y los 16991 pb de la raza Large White. El escrutinio comparativo de todas las secuencias dio como resultado la localización de 199 puntos poli-

mórficos de base sencilla (SNP) además de otros tipos de polimorfismo (deleciones, inserciones, etc.) con posible utilidad para el objetivo de este trabajo, la gran mayoría situados en los genes de las enzimas que intervienen en la cadena respiratoria mitocondrial. La distribución de éstos se muestra en la tabla 1.

De los 199 polimorfismos detectados se han seleccionado los que mayor utilidad podría tener *a priori* para diferenciar el origen materno de los individuos problema. En la tabla 2 se presentan los genes con polimorfismos clasificados según la posible utilidad *a priori* para el objetivo del presente estu-

dio. La utilidad de los marcadores se ha asignado según el número de posiciones polimórficas y el número de razas que diferencian.

Una vez encontradas las posiciones polimórficas más interesantes para poder identificar los orígenes maternos, se diseñaron cebadores que las flanquean, con el objetivo de validar los puntos polimórficos identificados en el primer "rastreo". Ello permitirá seleccionar dianas específicas para el genotipado y diferenciación. Estos resultados se enmarcan en un desarrollo genómico más amplio para el genotipado e identificación del cerdo Ibérico y sus productos derivados.

Tabla 1. Sitios polimórficos del ADN mitocondrial de cerdo
Table 1. Pig mitochondrial DNA polymorphisms

GEN	Nº polimorfismos (SNPs)
ARNs 12S	7
ARNs 16S	11
ARNt Alanina	2
ARNt Ácido Aspártico	2
ARNt Cisteína	1
ARNt Ácido Glutámico	1
ARNt Glycina	1
ARNt Leucina 2	2
ARNt Threonina	2
ARNt Valina	3
ATP 6	11
ATP 8	4
COX 1	16
COX 2	9
COX 3	9
CYT B	19
ND 1	19
ND 2	21
ND 3	5
ND 4	15
ND 4L	8
ND 5	18
ND 6	9
ARNt Fenilalanina	4

Tabla 2. Clasificación de genes mitocondriales según el número de sitios polimórficos, número de razas que discriminan y utilidad

Table 2. Classification of mitochondrial genes by number of polymorphic sites, number of discriminated breeds and utility

GEN	Nº polimorfismos SNPs	Nº RAZAS	UTILIDAD
ARNr 12S	8	3	ALTA
ARNr 16S	11	3	ALTA
ARNt Fenilalanina	4	2	BAJA
ARNt Valina	3	2	BAJA
ATP 6	11	2	BAJA
COX 3	9	3	ALTA
CYT B	19	3	ALTA
ND 1	19	4	MUY ALTA
ND 2	21	2	ALTA
ND 4	15	2	BAJA
ND 5	18	3	ALTA

Agradecimientos

Financiado por Proyecto 013/C/2005, Grupo PAI AGR-248 y Grupo PAI AGR-158, Junta de Andalucía (Spain).

Bibliografía

- Alves E, Fernández AI, Óvilo C, Fernández-Rodríguez A, Rodríguez C, Silió L, 2007. Verificación mediante marcadores genéticos del origen racial materno conforme a la Norma de producción de cerdos Ibéricos. I Congreso nacional de Zootecnia. Situación actual y futuro de las razas puras. 25-26 de Octubre 2007. Madrid.
- Alves E, Óvilo C, Rodríguez C, Silió L, 2003. Estimación del tiempo de divergencia de ascendientes de cerdos asiáticos y europeos basada en ADN mitocondrial. AIDA-ITEA.
- Alves E, Óvilo C, Rodríguez C, Silió L, 2003. Mitochondrial DNA sequence variation and phylogenetic relationships among Iberian pigs and other domestic and wild pig populations. *Anim. Genet.*, 34, 319-324.
- Giuffra E, Kijas JMH, Amarger V, Carlborg Ö, Jeon JT, Andersson L, 2000. The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression. *Genetics*, 154, 1785-1791.
- Kijas JMH, Andersson L, 2001. A phylogenetic study of the origin of the domestic pig estimated from the near-complete mtDNA genome. *J. Mol. Evol.*, 52, 302-308.
- Kim KI, Lee JH, Li K, Zhang YP, Lee SS, Góngora J, Moran C, 2002. Phylogenetic relationship of Asian and European pig breeds determined by mitochondrial DNA D-Loop sequence polymorphism. *Anim. Genet.*, 33, 19-25.
- Larson G, Dobney K, Albarella U, Fang M, Matisoo-Smith E, Robins J, Lowden S, Finlayson H, Brand T, Willerslev E, Rowley-Conway P, Andersson L, Cooper A, 2005. Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication. *Science*, 37.
- Lin CS, Sun YL, Liu CY, Yang PC, Chang LC, Cheng IC, Mao S, Huang MC, 1999. Complete nucleotide sequence of pig (*Sus Scrofa*) mitochondrial

genome and dating evolutionary divergence within *Artiodactyla*. *Gene*, 236, 107-114.

Martínez AM, 2001. Caracterización genética del cerdo ibérico mediante marcadores moleculares. Tesis doctoral. Universidad de Córdoba.

Martínez AM, Rodero A, Vega-Pla JL, 2000. Estudio con microsatélites de las principales variedades de ganado porcino del tronco ibérico. *Arch. Zootec.*, 49, 45-52.

Membrillo A, Azor PJ, Clemente I, Dorado G, Diéguez E, Gómez D, Jiménez A, Santos E,

Molina A, 2007. Estudio de las relaciones genéticas de las estirpes del cerdo Ibérico mediante marcadores microsatélite. IV Jornadas Ibéricas de razas autóctonas y sus productos tradicionales: Innovación, seguridad y cultura alimentaria. Sevilla. España.

Miller SA, Dykes DD, Polesky HF, 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells". *Nucleic Acids Research*, 16, 1215.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Luces y sombras del análisis de expresión génica utilizando microarrays. Un ejemplo en cerdo ibérico

A.I. Fernández, C. Óvilo, A. Fernández, C. Barragán, M.A. Toro, C. Rodríguez, L. Silió

Departamento de Mejora Genética Animal, INIA, Madrid
E-mail: avila@inia.es

Resumen

La tecnología de los microarrays de expresión es la herramienta ideal para el estudio de patrones de expresión de miles de genes de forma simultánea. Sin embargo existe gran variabilidad de resultados atribuible a los aspectos técnicos y de análisis estadístico. En este trabajo presentamos algunos de los problemas surgidos en el estudio de las diferencias de expresión en hígado de cerdos ibéricos para los tratamientos sexo y alimentación empleando microarrays de Affymetrix. Los datos de expresión normalizados fueron analizados siguiendo dos aproximaciones de la metodología de los modelos mixtos. Para ambos tratamientos las diferencias de expresión detectadas fueron dependientes del modelo de análisis y solo un pequeño número de genes diferencialmente expresados fueron coincidentes en ambas estrategias estadísticas. Algunas de estas diferencias de expresión fueron validadas por PCR cuantitativa. Además identificamos errores de diseño y falta de anotación de las sondas del array. Los resultados de este estudio nos han permitido detectar diferencias de expresión de algunos genes de interés, pero también remarcan la necesidad de realizar estudios complementarios que confirmen las diferencias de expresión reveladas a través de la tecnología de los microarrays.

Palabras clave: Microarray, Expresión diferencial, PCR cuantitativa, Cerdo

Summary

Lights and darkness of gene expression analysis using microarrays: an example in Iberian pigs

Expression microarray technology is the ideal tool for the study of thousands of gene expression patterns simultaneously. However there is a great variability of results attributed to technical and statistical analysis aspects. In this work we present several of the arisen problems of a differential expression study in liver of Iberian pigs under the treatments sex and feeding level using Affymetrix microarray. Normalized expression data were analyzed following two approaches of the mixed model methodology. In both treatments the detected differential expressions were dependent of the statistical model and just a small number of genes were coincident between both statistical strategies. Some of the expression differences were confirmed by quantitative PCR. Besides, we have identified design mistakes and missing annotation of the array probes. The results of this study have allowed us to detect differential expression of interesting genes, but it pointed out the necessity of carrying out complementary studies in order to confirm the differential expressions revealed using microarrays technology.

Key words: Microarray, Differential expression, Quantitative PCR, Pig

Introducción

La tecnología de los microarrays de expresión es la herramienta ideal para el estudio de patrones de expresión de miles de genes de forma simultánea en un mismo individuo, tejido o célula. Los estudios en la especie humana y ratón, basados en el uso de microarrays, han permitido identificar diferencias de expresión de genes implicados en diversos procesos biológicos, como las respuestas a enfermedades o a cambios ambientales e incluso han permitido identificar nuevos genes y funciones génicas. En el caso de las especies domésticas, los primeros trabajos trataron de hacer uso de microarrays de humano a través de hibridaciones cruzadas (Hernández *et al.*, 2003), aunque en los últimos años se han publicado los primeros resultados de análisis de microarrays de expresión específicos de especies como la vaca o el cerdo. El estudio de diferencias de expresión génicas usando microarrays implica múltiples pasos desde el diseño del experimento hasta la identificación de diferencias de expresión estadísticamente fiables y biológicamente explicables. Se tiende a establecer protocolos estandarizados que eviten la aparición de falsos positivos, falsos negativos y que permitan obtener resultados comparables entre distintos estudios. Existe una gran variabilidad de resultados atribuible a los aspectos técnicos de esta metodología como son la plataforma de hibridación usada (microarrays caseros, comerciales, ADN copia, oligos cortos, oligos largos, uno o dos canales), el protocolo de extracción de ARN (mayor o menor pureza y cantidad), la metodología de síntesis de ADN copia, de marcaje, hibridación, impresión y escaneado. Asimismo, en cuanto al análisis de datos procedentes de microarrays existen diferentes estrategias para llevar a cabo su normalización, la determinación de las diferencias de expresión, y el establecimiento de umbrales de falsos des-

cubrimientos. Esta diversidad de métodos estadísticos contribuye también a la dificultad en comparar resultados publicados. El principal reto del análisis estadístico de los datos es que se contrastan miles de genes con un muy reducido número de muestras, debido al alto coste de esta técnica. El reducido número de muestras hace necesaria una validación de resultados a través de la cuantificación relativa de la expresión utilizando PCR cuantitativa (qPCR). Dadas sus características, mayor sensibilidad y especificidad y menor coste, la qPCR permite además de precisar la estima de las diferencias de expresión, validar los resultados en un mayor número de muestras.

En cuanto a la anotación e interpretación biológica de los resultados, la mayor fuente de información en las especies de animales domésticos procede de la especie humana. En estos momentos se están realizando importantes esfuerzos por desarrollar herramientas bioinformáticas con el propósito de facilitar el proceso de anotación (ej. EasyGo, David database, NetAffy). Sin embargo en la actualidad parecen seguir existiendo errores de asignación y falta de anotación, esto junto con el desconocimiento de muchas de las rutas génicas que controlan los procesos biológicos hace de la interpretación biológica de los resultados obtenidos una tarea compleja.

El presente trabajo se propone explicar las aportaciones y dificultades que supone el uso de esta metodología a partir de un sencillo estudio de análisis de la expresión génica diferencial en cerdo para dos tratamientos (sexo y alimentación) empleando microarrays.

Material y métodos

Las muestras de hígado analizadas en este trabajo corresponden a cerdos Ibéricos pertenecientes a cinco familias de cuatro her-

manos completos de la misma camada. Cada una de las familias está compuesta por dos individuos de cada sexo donde un macho y una hembra de cada familia fue alimentado con una dieta casi *ad libitum* y el otro macho y hembra de cada familia con una dieta restringida al 75% de la ingesta *ad libitum*. Las muestras de ARN de hígado fueron extraídas con el kit RiboPure (Ambion) que garantizaba la cantidad (medida con el equipo NanoDrop) y calidad óptima (medida con el bioanalizador Agilent 2100), para realizar estudios de cuantificación de la expresión. Muestras de ARN de hígado de ocho individuos, dos familias, fueron hibridadas con chips porcinos de Affymetrix (Affymetrix Porcine Genechip TM) que incluyen 20.201 genes representados por 23.937 sets de sondas y cada set está constituido por 11 sondas diferentes diseñadas a lo largo del transcrito. La síntesis del correspondiente ADN copia, marcajes, hibridaciones y escaneado se realizó a través del servicio del hospital Vall d'Hebrón (Barcelona). La calidad de las hibridaciones y normalización de los datos se llevaron a cabo utilizando el paquete affyPLM y la función RMA del programa Bioconductor.

El análisis estadístico de los datos normalizados se realizó utilizando la metodología de los modelos mixtos siguiendo dos estrategias diferentes:

I. Análisis conjunto de todos los genes (Byrne et al., 2005), utilizando el modelo:

$$y_{ijkl} = \text{media} + \text{gen}_i + \text{sexo}_j + \text{nivel alimentación}_k + (\text{gen} \times \text{sexo})_{ij} + (\text{gen} \times \text{nivel alimentación})_{ik} + \text{error}$$

II. Análisis gen a gen con una aproximación bayesiana (Programa GEAMM, desarrollado por Casellas et al., 2008), siguiendo el modelo:

$$y_{jkl} = \text{media} + \text{sexo}_j + \text{nivel alimentación}_k + \text{error}$$

El umbral de falso descubrimiento (FDR=0.05) se determinó como describieron Benjamini y Hochberg en 1995.

La anotación de las sondas se llevó a cabo en primer lugar utilizando un archivo suministrado por Affymetrix y posteriormente confirmando la anotación con las diversas herramientas disponibles en la red principalmente NetAffy, EasyGo y David database. La validación de resultados se realizó por qPCR utilizando el método de detección Sybr Green en un ABI 7500 Fast y utilizando dos genes (*GADPH* y *BM2*) como controles endógenos. Los cálculos de la cantidades relativas de expresión se efectuaron utilizando el programa geNorm (<http://med-gen.ugent.be/genorm>).

Resultados y discusión

Calidad de las hibridaciones

Todas las muestras de ARN utilizadas en el análisis superaron los requisitos establecidos en cuanto a calidad (RNA Integrity Number >8) y cantidad (7µg) para llevar a cabo las hibridaciones en los chips de Affymetrix. Asimismo, todas las hibridaciones pasaron los controles de calidad de hibridación, degradación y marcaje establecidos por Affymetrix para llevar a cabo el análisis de las diferencias de expresión, lo que permite minimizar la posibilidad de obtener falsos positivos debidas a este tipo de variaciones técnicas.

Análisis de los datos de expresión y anotación

El análisis de las diferencias de expresión génica entre machos y hembras en tejido hepático utilizando el modelo I de análisis conjunto permitió detectar 306 sets de sondas diferencialmente expresados (DE), de

los que un 10% no está anotado. Mediante el análisis bayesiano con el modelo II gen a gen también se detectó un elevado número de sets de sondas DE, concretamente 324. En ambos sets DE, se observó una sobrerrepresentación de genes del cromosoma Y, además de identificar sondas DE de interés como aquellas que corresponden a genes de la familia proteínica citocromo P450, proteínas que participan en la metabolización de compuestos xenometabólicos asociados a las diferencias sexuales en cuanto a resistencia y/o tolerancia a tóxicos y en la generación del escatol (determinante del olor sexual en machos). Sin embargo, entre ambos análisis (conjunto de genes /gen a gen) sólo coincidieron 120 sets de sondas DE.

Como ejemplo ilustrativo de los problemas de interpretación de los resultados, entre los sets DE se identificaron dos diseñados para un mismo gen, *EIF2S3*, de los que sólo uno se mostraba estadísticamente significativo en el análisis conjunto, mientras que ambos sets eran estadísticamente significativos utilizando el modelo gen a gen. Las diferencias de expresión que presentaban los dos sets de sondas del gen se daban en sentidos opuestos, mientras que para uno de los sets (*EIF2S3-I*) los machos presentaban sobreexpresión del orden de 20-30 veces más que las hembras, para el otro set (*EIF2S3-II*) las hembras mostraban 1,5 veces más expresión que los machos. Esto sugería la existencia de dos transcritos diferentes para el mismo gen, información no suministrada por la anotación de Affymetrix. El análisis comparativo de la secuencias de ambos transcritos corrobora esta hipótesis, ya que entre ambas existe una región común, región codificante, y una región específica de cada transcrito para el extremo 3' no codificante. Sin embargo en el diseño de los dos sets en el microarray hay sondas complementarias tanto a la región

común, como a la región específica de los transcritos, por lo tanto es posible que se infravaloren las diferencias de expresión estimadas ya que existe la posibilidad de que se produzcan hibridaciones tanto de un transcrito como del otro en ambos sets.

En cuanto a las diferencias de expresión génica en tejido hepático entre los animales de los dos niveles de alimentación se detectaron 231 sets de sondas DE utilizando el modelo de análisis conjunto, de los que el 1% no está anotado. En el análisis gen a gen se detectó un número bastante más reducido de sets de sondas DE, en concreto 87, de las que el 3% tampoco tiene anotación. En este caso, los resultados se mostraron más dispares que los obtenidos para el análisis entre sexos, es decir, los resultados eran más dependientes del tipo de análisis estadístico, y no sólo presentaban diferencias en cuanto a la cantidad de sondas identificadas como DE, sino que de entre éstas sólo 10 sets de sondas coincidían como DE en ambos análisis. De entre los sets de sondas DE en el análisis conjunto, se identificaron una gran proporción de genes relacionados con el metabolismo de grasas, carbohidratos y proteínas. Sin embargo, al utilizar el modelo de análisis gen a gen, la proporción de genes que "a priori" (errores y falta de anotación y/o función) se relacionan con el metabolismo de grasas, carbohidratos y proteínas es mucho menor.

Validación por qPCR

Una etapa imprescindible en los análisis de las diferencias de expresión con microarrays es la validación de algunos resultados a través de qPCR, especialmente cuando son dependientes del modelo de análisis. El primer paso al medir la cantidad de expresión por qPCR es la selección y validación de genes endógenos, estos son los genes que se utilizan como controles internos y que per-

miten corregir las diferencias en las medidas de expresión no debidas al tratamiento sino a diferencias técnicas (cantidades, pipeteo, eficacia síntesis de ADN copia, etc.). En general, los genes endógenos lo son en determinados tejidos, poblaciones y estados fisiológicos (Vandesompele *et al.*, 2002) y por tanto es imprescindible su validación en el/los tejidos a analizar antes de llevar a cabo el estudio de las diferencias de expresión, y generalmente se considera más fiable el uso de más de un gen endógeno. En este estudio se seleccionaron seis genes (*BM2*, *TBP*, *TOP2B*, *GADPH*, *ACTB*, *EEF2*) considerados endógenos en la especie porcina y se estimó su estabilidad (geNorm) y eficiencia en la PCR, de forma que se determinó que los genes *GADPH* y *B2M* eran los que mejor se comportaban como genes endógenos en el tejido hepático, y por tanto fueron los que se usaron como controles internos.

De entre los sets de sondas DE se realizó una selección de genes a validar por qPCR a tra-

vés de diferentes criterios. La posibilidad de que se hubiesen infravalorado las diferencias de expresión entre sexos de los transcritos del gen *EIF2S3*, debido al diseño de las sondas del array para ambos transcritos, unido a los resultados dispares entre los análisis estadísticos, hizo aconsejable su validación por qPCR. Para ello se diseñaron dos parejas de cebadores en las regiones específicas de cada transcrito, lo que permitió determinar específicamente la cantidad de expresión relativa de cada uno, además de extender el análisis al resto de animales no incluidos en las hibridaciones. Los resultados del análisis por qPCR aparecen representados de forma gráfica en la figura 1, donde se muestran los niveles de expresión relativa a los genes endógenos. Se trata de dos transcritos cuya expresión depende del sexo y estas diferencias condicionadas por el sexo son estadísticamente significativas. De hecho, *EIF2S3-I* no parece expresarse en hembras, al menos no es detectable (figura 1 A), mientras que sí en machos. Sin embargo, la sobreex-

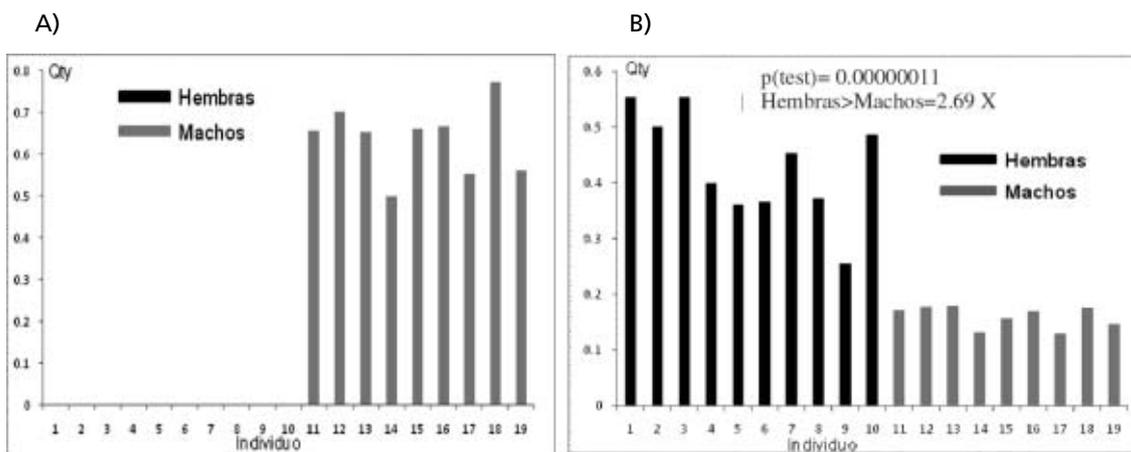


Figura 1. Representación gráfica de las medidas relativas de expresión en machos y hembras de los dos transcritos del gen *EIF2S3* medidas a través de qPCR. A) Expresión del transcrito *EIF2S3-I*. B) Expresión del transcrito *EIF2S3-II*.

Figure 1. Graphic representations of the relative expression measures in males and females of the two *EIF2S3* gene transcripts measured by qPCR. A) *EIF2S3-I* transcript expression. B) *EIF2S3-II* transcript expression.

presión del transcrito EIF2S3-II en hembras es 2,69 veces mayor que en machos, valor superior al estimado con los microarrays (1.5 veces). Estos resultados pueden atribuirse a un mal diseño de los sets de sondas de estos transcritos en el array.

De entre los sets de sondas DE entre niveles de ingesta utilizando el modelo de análisis conjunto, se identificaron los genes *fatty acid binding protein 3 (FABP3)* y *stearoyl-CoA desaturase (SCD)* que codifican para importantes enzimas del metabolismo de ácidos grasos y son considerados interesantes genes candidato para caracteres de calidad en cerdo. Sin embargo, en los resultados del modelo de análisis gen a gen ninguno de ellos se detectó como DE. Por ello, dado su interés como genes candidato se validaron a través de qPCR. Los resultados de esta validación aparecen representados de forma gráfica en las figuras 2 A y B, donde se muestran los niveles de expresión relativa a los genes endógenos tanto del

gen *FABP3* (A) como del *SCD* (B). En estos genes no se detectan diferencias de expresión significativas condicionadas por la restricción de la dieta. Estos resultados, junto con los obtenidos para el análisis entre sexos, cuestionan que el modelo de análisis conjunto de los genes sea el más apropiado para nuestro diseño experimental.

En el presente estudio se ha empleado la tecnología de microarrays de expresión con el objetivo de detectar diferencias de expresión génica en tejido hepático porcino entre machos y hembras, o debidas al nivel de ingesta. Los resultados han permitido detectar diferencias de expresión en genes interesantes por diversos aspectos (ej. relacionados con el metabolismo de nutrientes, generación del escatol). Sin embargo se aprecia que la información aportada por esta tecnología plantea problemas de interpretación estadística, técnica y biológica. Se requiere realizar tareas complementarias como son el examen exhaustivo de la anota-

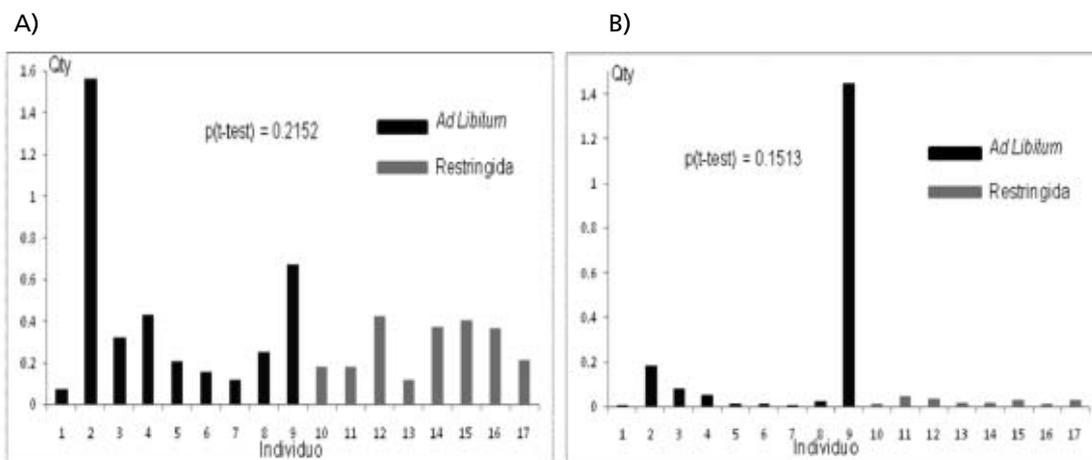


Figura 2. Representación gráfica de las medidas relativas de expresión de los genes *FABP3* y *SCD* medidas a través de qPCR en cerdos alimentados con dieta ad libitum y restringida.

A) Expresión del gen *FABP3*. B) Expresión del gen *SCD*.

Figure 2. Graphic representation of the relative expression measures of *FABP3* and *SCD* genes measured by qPCR in pigs fed with ad libitum and restricted diets.

A) *FABP3* gene expression. B) *SCD* gene expression.

ción de los sets de sondas y de las secuencias utilizadas para su diseño, así como la validación de algunos de los resultados mediante qPCR, lo que va a permitir determinar de manera más precisa el nivel de expresión, además de contrastar los resultados obtenidos con diferentes enfoques estadísticos.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido llevado a cabo en el marco del proyecto GEN03-20658-C05 04, con la colaboración técnica de M. Nieto y de Comercial Pecuaria Segoviana (Sepúlveda).

Bibliografía

Benjamini Y, Hochberg Y, 1995. Controlling the false discovery rate: a practical and powerful approach to multiple testing. *J Royal Stat Soc, Series B* 57, 289-300.

Byrne KA, Wnag YH, Lehnert SA, Hasper GS, McWilliamd SM, Bruce HL, Reverter A, 2005. Gene expression profiling of muscle tissue in Brahman steers during nutritional restriction. *J. Anim Sci*, 83, 1-12.

Casellas J, Ibáñez-Escriche N, Martínez-Giner M, Varona L, 2008. GEAMM v.1.4: a versatile program for mixed model analysis of gene expression data. *Anim Genet*, 39(1), 89-90.

Hernández A, Karrow P, Mallard BA, 2003. Evaluation of immune responses of cattle as a means to identify high or low responders and use of a human microarray to differentiate gene expression. *Genet Sel Evol*, 35, S67-81.

Vandesompele A, De Preter K, Pattyn F, Poppe B, Van Roy N, De Paepe A, Speleman F, 2003. Accurate normalization of real-time quantitative RT-PCR data by geometric averaging of multiple internal control genes. *Genome Biology*, 3(7), 0034.I-0034.II.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Mutaciones adyacentes a los codones 136 y 171 del gen PrnP ovino afectan al protocolo diagnóstico basado en RT-PCR acoplado a sondas fluorescentes

A. Traoré*, L.J. Royo**, I. Álvarez**, I. Fernández**, J.P. Gutiérrez***, C. Rincón**, L. Pérez-Pardal**, F. Goyache**

* INERA, 04 BP 8645 Ouagadougou 04, Burkina Faso

** Área de Genética y reproducción Animal. SERIDA-Somió, C/ Camino de los Claveles 604, 33203 Gijón (Asturias)

*** Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040 Madrid, Spain

E-mail: fgoyache@serida.org

Resumen

Este trabajo pretende mostrar los problemas encontrados en el protocolo diagnóstico basado en RT-PCR de los codones 136, 154 y 171 del gen PrnP ovino cuando existen mutaciones en la secuencia del gen en los nucleótidos adyacentes a estas posiciones. Se han genotipado un total de 90 individuos pertenecientes a 3 razas españolas (Xalda, Rubia del Molar y Colmenareña) y 3 poblaciones ovinas de Burkina Faso: Sahel, Djallonké y Mossi. Como resultados más destacados, en las razas de Burkina Faso sólo se encontraron 3 alelos (ARQ, ARR y AHQ) con ausencia del alelo VRQ. Además, en 3 individuos el protocolo no fue capaz de identificar ninguno de los polimorfismos en los codones 136 y 171. Se secuenciaron 410 pares de bases del gen PrnP incluyendo los codones 136, 154, y 171, y se identificaron varios polimorfismos en los codones 138, 143 y 172. Estos polimorfismos afectan al resultado del protocolo diagnóstico. Se concluye que la existencia de polimorfismos en las regiones adyacentes de los codones genotipados, pueden afectar a los resultados de algunos protocolos diagnósticos, y con ello a los esquemas de selección de algunas razas ovinas basados en los genotipos del gen Prnp.

Palabras clave: Ovejas, Scrapie, África subsahariana, RT_PCR, África occidental

Summary

Adjacent mutations to ovine PrnP codons 136 and 171 affect performance of the diagnostic protocol based on RT-PCR coupled to fluorescence probes

In this work we show the problems we have found, in the performance of a diagnostic protocol for the 136, 154 and 171 codons of the PrnP ovine gene based on RT-PCR, when mutations exist in the adjacent nucleotides of these positions. A total of 90 individuals belonging to 3 Spanish (Xalda, Rubia del Molar and Colmenareña) and 3 Burkina Faso sheep breeds (Sahel, Djallonké and Mossi) were genotyped. Only 3 alleles (ARQ, ARR and AHQ) were found in the Burkinabé breeds. Diagnostic could not be carried out on codons 136 and 171 in 3 Burkinabé individuals. A total of 410 base pairs of the PrnP gene including codons 136, 154 and 171 were sequenced allowing the identification of polymorphisms on codons 138, 143 and 172. The identified polymorphisms affected diagnostic performance. Programmes using the PrnP genotype as selection criterion could also be affected.

Key words: Sheeps, Scrapie, Subsaharian Africa, RT_PCR, West África

Introducción

En el laboratorio del Área de Genética y Reproducción del SERIDA se lleva a cabo el genotipado de las variantes del gen PrnP ovino que afectan a los codones 136, 154 y 171, y participa en el ensayo colaborativo dirigido por el Laboratorio Central de Veterinaria de Algete (Madrid). Este protocolo es básicamente el descrito en Van Poucke et al. (2005), al que se le ha añadido una nueva sonda para el diagnóstico de la variante K en el codon 171. Las referencias sobre las frecuencias de los polimorfismos del gen PrnP en poblaciones ovinas africanas son escasas (Serrano et al., 2007). En este trabajo vamos a presentar los resultados preliminares de aplicar el protocolo anterior en 3 poblaciones ovinas diferenciadas de Burkina Faso. Además se van a genotipar 15 individuos de las poblaciones ovinas Xalda, Rubia del Molar y Colmenareña.

En algunas poblaciones españolas y otros lugares del mediterráneo, se ha constatado la presencia del alelo ARK, no incluido en la normativa europea. En este trabajo aprovechamos para testar también la presencia de este alelo en las poblaciones analizadas.

Material y métodos

Se genotiparon 15 individuos de cada una de las razas ovinas Xalda, Rubia del Molar, Colmenareña, Djallonké, Mossi y Sahel más los correspondientes controles para cada uno de los genotipos. El protocolo utilizado para secuenciar es el descrito por Van Pocke et al. (2005), basado en RT-PCR acoplada a sondas fluorescentes, con la única modificación de que se añade la sonda 171-K (Cy5- AGAC-CAGTGGATAAGTATAGTAACCA- BHQ2), en la PCR-2. Para la amplificación y posterior secuenciación de una región de 428 pb del gen PrnP, se utilizaron los oligos 5'-GTGGAG-GCTGGGTCAAGGTGGTAG-3' y 5' AAAGA-

GATGAGGAGGATCACAGGAC-3'. El producto PCR se purificó con Exosap(USB), y se secuenció utilizando el BigDye terminator v3.1 Cycle Sequencing kit (Applied Biosystems).

Resultados y discusión

Los resultados de las frecuencias genéticas se muestran en la tabla 1. Cabe destacar que no se encontró ningún alelo VRQ en las razas analizadas. En las poblaciones africanas se encuentra en un porcentaje muy alto (0,8 o superior) el alelo ARQ. Otros dos alelos, AHQ y ARR, se encontraron en muy baja frecuencia. En varios individuos, el protocolo no identificó ninguna de los posibles polimorfismos, no permitiendo su diagnóstico. Para conocer el genotipo correcto, se secuenciaron dos individuos de la población Mossi y 4 individuos de la población Djallonké para un fragmento de 410 pb del gen PrnP que contiene los codones 136, 154 y 171. Se encontraron 6 polimorfismos en las secuencias de los 6 individuos, sin que ninguno afectara a los codones 136, 154 o 171. Sin embargo, dos de esos polimorfismos si afectaron a codones adyacentes (138 y 172), que se localizan en las zonas de reconocimiento de las sondas.

El gen PrnP se ha asociado a la resistencia o susceptibilidad a padecer la enfermedad de la tembladera o *scrapie* en ovino. En este trabajo se han genotipado, además de 3 razas españolas, 3 poblaciones del oeste de África, concretamente de Burkina Faso, con el protocolo utilizado rutinariamente en la raza ovina Xalda para el genotipado de los codones 136, 154 y 171.

En las poblaciones ovinas de Burkina Faso no existe selección de ningún tipo en el ganado ovino. A pesar de ello, parece existir poca variabilidad genética para el gen PrnP y no se ha detectado la presencia del alelo VRQ (tabla 1).

Tabla 1. Frecuencias alélicas determinadas a partir de las mutaciones encontradas en los codones 136, 154 y 171 del gen PrnP ovino en 3 poblaciones españolas: Xalda, Rubia del Molar y Colmenareña y 3 de Burkina Faso: Sahel, Djallonké y Mossi

Table 1. Allelic frequencies obtained from the mutations identified on codons 136, 154 and 171 of the ovine PrnP gene in 3 spanish sheep populations: Xalda, Rubia del Molar, Comenareña and 3 from Burkina Faso: Sahel, Djallonké and Mossi

	ARR	ARQ	AHQ	ARH	_RQ	AR_
Sahel	3 0,1	24 0,8	3 0,1	0 0	0 0	0 0
Mossi	1 0,03	25 0,83	2 0,07	0 0	2 0,07	0 0,00
Djallonké	0 0	24 0,8	2 0,07	0 0	0 0,00	4 0,13
Xalda	11 0,37	18 0,6	0 0	1 0,03	0 0	0 0
Rubia del Molar	13 0,43	16 0,53	0 0	1 0,04	0 0	0 0
Colmenareña	10 0,33	17 0,57	3 0,1	0 0	0 0	0 0

Un individuo de la población Mossi, resultaba negativo a las dos sondas del codon 136. Su secuenciación evidenció que se trataba de un individuo 136-A, con una mutación silenciosa (T/C) que afectaba al tercer nucleótido del codon 138. Esta mutación coincide en la secuencia de reconocimiento de las dos sondas utilizadas en el diagnóstico, no permitiendo su hibridación, resultando en un fallo en el diagnóstico. En 3 individuos de la población Djallonké ocurría un caso semejante; en uno de ellos no se obtenía resultado diagnóstico para el codon 171, y en dos de ellos sólo se diagnosticaba el genotipo de un alelo. Tras la secuenciación, se evidenció una mutación (G/T) en el primer nucleótido del codon 172 (Y172D), descrita anteriormente por Acin *et al.* (2004) en ovejas de las razas Rasa Aragonesa, y recientemente también en poblaciones de ovejas de Maruecos (Serrano *et al.*, 2007), que igualmente afectaba a la secuencia de reconocimiento de las sondas del codon 171.

Por otro lado cabe destacar que no se evidenció la presencia del alelo ARK en ninguna de las poblaciones analizadas, si bien el número de individuos analizados es muy bajo.

La variabilidad del gen PrnP ovino es muy alta y su conocimiento es creciente con el análisis de las secuencias de nuevas poblaciones de ovejas. Se han descrito nuevos polimorfismos en los codones señalados como importantes para la susceptibilidad/resistencia a las encefalopatías espongiiformes transmisibles (Acutis *et al.*, 2004; Billinis *et al.*, 2004; Álvarez *et al.*, 2006), de los que se desconoce su importancia clínica. Estos polimorfismos además están presentes en cierta frecuencia en las poblaciones ovinas españolas, lo que interfiere en algunos de los protocolos que se viene usando rutinariamente en los laboratorios diagnósticos. A esto hay que añadir los problemas que hemos encontrado debidas a mutaciones localizadas en regiones adyacentes a los codones señalados, y

que también se han identificado en poblaciones españolas. Estas interferencias en los protocolos diagnósticos rutinarios, puede provocar problemas en la aplicación de los esquemas obligatorios de selección de individuos atendiendo al genotipo del gen PrnP, sobre todo en poblaciones en riesgo.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido financiado parcialmente por el proyecto INIA-RZ2004-00007-C02. A. Traore disfruta de una beca financiada por la *International Atomic Energy Agency*, No. BKF/06023. Agradecemos la colaboración de Concepción López (Laboratorio Central de Veterinaria de Algete, Madrid).

Bibliografía

Acín C, Martín-Burriel I, Goldmann W, Lyahyai J, Monzón M, Bolea R, Smith A, Rodellar C, Badiola JJ, Zaragoza P, 2004. Prion protein gene polymorphisms in healthy and scrapie-affected Spanish sheep. *J. Gen. Virol.*, 85, 2103–2110.

Acutis PL, Sbaiz L, Verburg F, Riina MV, Ru G, Moda G, Caramelli M, Bossers A, 2004. Low frequency of the scrapie resistance-associated allele and presence of lysine-171 allele of the prion protein gene in Italian Biellese ovine breed. *J Gen Virol.*, 85, 3165-72.

Álvarez L, Arranz JJ, San Primitivo F, 2006. Identification of a new leucine haplotype (ALQ) at codon 154 in the ovine prion protein gene in Spanish sheep. *J Anim. Sci.*, 84, 259-65.

Billinis C, Psychas V, Leontides L, Spyrou V, Argroudis S, Vlemmas I, Leontides S, Sklaviadis T, Papadopoulos O, 2004. Prion protein gene polymorphisms in healthy and scrapie-affected sheep in Greece. *J Gen Virol.*, 85, 547-54.

Serrano C, Martín-Burriel I, Lyahyai J, Monzón M, El Hamidi M, Acín C, Badiola JJ, Tligui N, Zaragoza P, 2007. Polymorphisms of the PRNP gene in Moroccan sheep breeds. *Vet. Rec.*, 161, 524-525

Van Poucke M, Vandesompele J, Mattheeuws M, Van Zeveren A, Peelman LJ, 2005. A dual fluorescent multiprobe assay for prion protein genotyping in sheep. *BMC Infect. Dis.*, 5, 13.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Análisis de agrupamiento de cerdos Ibéricos, Duroc y de sus cruces

S.T. Rodríguez-Ramilo^{*,**}, J. Fernández^{**}, M.A. Toro^{**}

* Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología. Facultad de Biología, Universidad de Vigo, 36310 Vigo, Spain

** Departamento de Mejora Genética Animal. INIA. Crta. A Coruña Km. 7,5. 28040 Madrid, Spain
E-mail: silviat@uvigo.es

Resumen

En este estudio se utilizaron datos reales de individuos Ibéricos y Duroc, así como individuos simulados para generar una F1 y los retrocruces respectivos de Ibérico y de Duroc. Se evaluó la capacidad de tres métodos de agrupamiento para distinguir entre estas cinco poblaciones. Los resultados indican que los métodos de agrupamiento evaluados no detectan la partición óptima. En parte el problema se debe a la distinta configuración genética de diferentes variedades (estirpes) de la raza Ibérica que los métodos son capaces de detectar e interfieren en la separación entre individuos puros y cruzados.

Palabras clave: Cerdo Ibérico, Método Bayesiano, Simulated annealing

Summary

Cluster analysis of Iberian, Duroc and crossed pigs

In this study real data from Iberian and Duroc individuals were used, as well as simulated F1, Iberian and Duroc backcrossed individuals. The ability of three clustering methods to separate the five populations was evaluated. Results indicate that the clustering methods do not detect the optimal partition. The problem is, in part, due to the different genetic configurations of the different strains of Iberian pigs that the methods can detect and, therefore, interfering in the separation between pure and crossed individuals.

Key words: Iberian pig, Bayesian method, simulated annealing

Introducción

El incremento del censo así como los cambios significativos en la normativa sobre la selección y reproducción del ganado porcino Ibérico son algunas de las razones que han motivado la publicación del nuevo Libro Genealógico de la Raza Porcina Ibérica. Asimismo, la publicación de la Norma de Calidad para los productos Ibéricos obliga a

los ganaderos a que sus ejemplares estén inscritos en el Libro Genealógico o que estén certificados por una entidad de inspección que califica a los individuos. La calificación de los animales se hace en función de caracteres morfológicos, por lo que puede estar influenciada subjetivamente. Igualmente, la legislación española actual permite hasta un 50% de genoma de origen de raza Duroc en animales empleados para

originar productos Ibéricos. Sin embargo, la denominación de Ibérico puro se atribuye, únicamente, a individuos pertenecientes a la raza Ibérica (Patiño, 2007).

Los métodos de agrupamiento permiten separar un grupo de individuos en varias subpoblaciones si su origen genético es desconocido y/o estudiar la correspondencia entre los grupos inferidos y las poblaciones predefinidas. En los últimos años se han propuesto varios métodos Bayesianos para estimar la estructura genética poblacional subyacente a partir de la información que proporcionan los marcadores moleculares (Pritchard et al., 2000; Corander et al., 2004). Estos métodos Bayesianos actúan buscando el número de grupos inferido (K) y la asignación de individuos a esos grupos que minimizan el desequilibrio de Hardy-Weinberg y de ligamiento dentro de grupos.

Existen otros métodos que no asumen ni equilibrio de Hardy-Weinberg (HWE) ni de ligamiento (LE) a la hora de detectar estructura genética poblacional subyacente, implementando algoritmos de *simulated annealing*. Uno de estos métodos es el propuesto por Rodríguez-Ramilo et al. (2008) que intenta maximizar la distancia genética promedio entre subpoblaciones.

En el presente artículo se evalúa la capacidad de tres métodos de agrupamiento para separar poblaciones puras y cruzadas. Para ello se emplean datos reales de individuos Ibéricos y Duroc y datos simulados de individuos pertenecientes a una F1 y retrocruces de Ibérico y de Duroc.

Material y métodos

Datos reales y simulados

Se utilizaron los genotipos para 36 microsatélites de 170 individuos Ibéricos con la siguiente

distribución: 31 Torbiscal, 32 Guadyerbas, 50 Retintos, 30 Lampiños y 27 Entrepelados así como de 64 individuos Duroc representando siete núcleos de selección españoles (Alves et al., 2006).

A partir de los datos genotípicos reales se obtuvieron 100 individuos simulados para generar la primera generación filial (F1). Estos individuos F1 se cruzaban con los 170 Ibéricos y los 64 Duroc respectivamente, para generar otros 100 individuos respectivamente de cada retrocruce.

Métodos Bayesianos

Los análisis se realizaron con el STRUCTURE versión 2.1 (Pritchard et al., 2000) y con el BAPS versión 4.14 (Corander et al., 2004).

En el STRUCTURE se realizaron 10.000 burn-in y 50.000 MCMC (Markov chain Monte Carlo). Se eligió el modelo "admixture" y la opción de frecuencias alélicas correlacionadas. Para determinar K se implementó el criterio ΔK propuesto por Evanno et al. (2005). En el BAPS el número máximo de grupos permitidos fue 20 y se empleó la opción de agrupamiento de individuos.

Método de la matriz de parentesco molecular (MPM)

La idea que subyace a este método es que se espera que poblaciones distintas presenten una elevada distancia genética entre ellas. Esta distancia se puede calcular a partir de la información que nos proporcionan los marcadores moleculares sin asumir HWE ni LE. El método implementa un algoritmo de *simulated annealing* para encontrar la partición que maximiza la distancia mínima de Nei promedio entre subpoblaciones. Para determinar K se implementó el criterio ΔK propuesto por Evanno et al. (2005) modificado para la distancia genética.

Evaluación de los métodos

Para determinar el comportamiento de cada método se evaluó K y la proporción de individuos de cada población asignados a cada cluster. Para entender mejor el funcionamiento de los métodos también se evaluó esta proporción de individuos cuando se fuerza $K = 2$.

Resultados y discusión

En cuanto al número de grupos inferido (tabla 1.a), ninguno de los tres métodos infiere las cinco subpoblaciones originales. El BAPS sobreestima el número de grupos real, y tanto el STRUCTURE como MPM lo subestiman. La mayor proporción de individuos Ibéricos se encuentra en el mismo grupo que su retrocruce en los tres métodos. Lo mismo sucede en los Duroc y su retrocruce. Tanto el STRUCTURE como MPM localizan la mayor proporción de F1 en el grupo de Duroc y su retrocruce e infieren un grupo adicional más para una proporción residual de asignaciones de distintas subpoblaciones (fundamentalmente individuos Guadyerbas y sus descendientes). El BAPS localiza la mayor proporción de individuos F1 en un tercer grupo e indica siete grupos adicionales para distintas proporciones residuales de las distintas subpoblaciones. En general, los tres métodos de agrupamiento detectan y separan distintas variedades de la raza Ibérica, por lo que la partición general queda distorsionada.

Si se implementa un procedimiento de aleatorización de alelos dentro de cada subpoblación se reestablece HWE y LE. En esta situación, los tres métodos infieren tres grupos (tabla 1.b). Tanto el BAPS como MPM dan una solución próxima a la ideal (separación de Ibéricos, cruzados con hasta el 50% de información Duroc y el resto). Si en el STRUCTURE se elige el modelo "No admixture" la solución se aproxima también a esta partición ideal (datos no mostrados).

Cuando se fuerzan sólo dos grupos (tabla 2) tanto el BAPS como MPM diferencian la totalidad de los individuos Ibéricos y Duroc en grupos separados. En la F1 se esperaría que los individuos estuvieran constituidos por un 50% de genoma de Ibérico y un 50% de genoma de Duroc, por lo que el STRUCTURE es el que presenta un comportamiento más adecuado (García *et al.*, 2006). Con respecto al retrocruce de Ibérico, se esperaría un 75% del genoma de Ibérico (y el 75% de genoma de Duroc en el retrocruce de Duroc). En este caso, también es el STRUCTURE el que presenta una mayor precisión. Sin embargo, el modelo "No admixture" muestra un comportamiento similar al BAPS y MPM (datos no mostrados). En general, la aleatorización no modifica sustancialmente los resultados.

En resumen, los métodos de agrupamiento evaluados no detectan la estructura poblacional subyacente, ni realizan una partición óptima desde el punto de vista práctico debido en parte a la diferenciación entre variedades dentro de la población de individuos Ibéricos.

Tabla 2. Proporción de cada población asignada a cada grupo inferido al considerar dos grupos antes (a) y después (b) de la aleatorización de los alelos

Table 2. Proportion of each population assigned to each inferred cluster when two clusters are considered before (a) and after (b) the allele randomisation

Método	Población	a. Grupos inferidos		b. Grupos inferidos	
		1	2	1	2
BAPS	Ibérico	1,00		1,00	
	Duroc		1,00		1,00
	F1	0,16	0,84	0,03	0,97
	Retrocruce Ibérico	0,95	0,05	0,92	0,08
	Retrocruce Duroc		1,00		1,00
STRUCTURE	Ibérico	0,95	0,05	0,96	0,04
	Duroc	0,03	0,97	0,03	0,97
	F1	0,48	0,52	0,49	0,51
	Retrocruce Ibérico	0,72	0,28	0,73	0,27
	Retrocruce Duroc	0,22	0,78	0,22	0,78
MPM	Ibérico	1,00		1,00	
	Duroc		1,00		1,00
	F1	0,36	0,64	0,19	0,81
	Retrocruce Ibérico	0,96	0,04	0,94	0,06
	Retrocruce Duroc	0,01	0,99		1,00

Agradecimientos

Este trabajo ha sido financiado mediante proyectos del Plan Estratégico del INIA (CPE03-004-C2) y del Plan Nacional del MEC (CGL2006-13445-C02-01). Agradecemos al grupo de porcino del Departamento de Mejora Genética del INIA por permitirnos utilizar los datos moleculares.

Bibliografía

Alves E, Fernández AI, Barragán C, Óvilo C, Rodríguez C, Silió L, 2006. Inference of hidden

population substructure of the Iberian pig breed using multilocus microsatellite data. *S.J.A.R.*, 4, 37-46.

Corander J, Waldmann P, Marttinen P, Sillanpaa MJ, 2004. BAPS 2: enhanced possibilities for the analysis of genetic population structure. *Bioinformatics*, 20, 2363-2369.

Evanno G, Regnaut S, Goudet J, 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol. Ecol.*, 14, 2611-2620.

García D, Martínez A, Dunner S, Vega-Pla JL, Fernández C, Delgado JV, Cañón J, 2006. Estimation of the genetic admixture composition of Iberian dry-cured ham samples using DNA multilocus genotypes. *Meat Sci.*, 72, 560-566.

Patiño E, 2007. El nuevo libro genealógico del Ibérico refuerza la selección de la raza. *Cárnica* 2000, 288, 79-80.

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P, 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945-959.

Rodríguez-Ramilo ST, Fernández J, Toro MA, 2008. Assessing population genetic structure via the molecular coancestry matrix. *Mol. Ecol.* (en preparación).

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Criterios de selección. Lecciones que se han de sacar del pasado para nuevas perspectivas

L. Bodin

INRA, UR631 Station d'amélioration génétique des animaux, F-31320 Castanet-Tolosan, France
E-mail: Loys.Bodin@toulouse.inra.fr

Resumen

Para aumentar la eficacia de los esquemas de selección se ha propuesto el uso de criterios indirectos de selección junto a los criterios clásicos. Ese uso supone conocer los parámetros genéticos y particularmente las correlaciones entre criterios. El fracaso de la selección de los caracteres reproductivos de las hembras a través de las medidas testiculares de los machos emparentados ilustra las dificultades de la selección indirecta, incluso en el caso de parámetros genéticos favorables. Además, las dificultades encontradas para combinar los dos criterios que componen el tamaño de camada en un índice mejor que el que proporciona el criterio clásico, enseñan que las combinaciones lineales de varios criterios pueden tener a veces una baja eficacia para la selección. Las evoluciones recientes de la biología ponen una gran cantidad de nuevos criterios al alcance del seleccionador. Esos criterios son de dos tipos. Por una parte, se dispone ahora en todas las especies domésticas de un gran número de marcadores de QTL (microsatélites o SNP). Sin embargo, en la práctica, aparte de casos muy específicos, esos marcadores presentan más interés para localizar o identificar genes que como criterios que integrar en un proceso de selección. Por otra parte, se han descubierto varias mutaciones causales que presentan en algunos casos un gran interés para la mejora genética; pero la integración de esos datos en los cálculos de índices de selección es escasa. Sin ninguna duda, para combinar criterios de selección elementales en índices más eficaces aún son necesarios unos desarrollos metodológicos.

Palabras clave: Criterios de selección, Criterios precoces, Criterios indirectos, marcadores de QTL, Mutaciones causales

Summary

Selection criteria; lessons from the past for future prospects

The use of indirect selection criteria together with the classic criteria has been proposed to increase the selection scheme efficiency. This use supposes knowing the genetic parameters and particularly the genetic correlations between criteria. The failure of genetic improvement of the female reproductive traits through the testis measurements of their related males illustrates the difficulties of indirect selection, even in case of favorable genetic parameters. Moreover, the difficulties found to combine two criteria that compose litter size in a better index than the one provided by the classic criterion, show that linear combinations of several criteria can have sometimes a low selection efficiency. The recent changes of the biology provide to the breeder a large amount of new criteria which are of two types. On one hand, there are now in all the species a large number of QTL markers (microsatellites or SNP). Nevertheless, except for very specific cases, these markers present more interest for gene localisation or identification than as criteria to integrate in a selection process. On the other hand, several causal mutations have been discovered; they present in some cases a great interest for the genetic improvement but their integration in genetic evaluation is scarce. Without any doubt methodological developments are still necessary to combine elementary selection criteria in more effective indexes.

Key words: Selection criteria, Early criteria, Indirect criteria, QTL, Causal mutations

Objetivos y criterios: cambios recientes

A través de la mejora genética se pretende, generación tras generación, modificar el fenotipo de los animales, de forma que éstos cumplan unos objetivos. La definición de esos objetivos y a quien favorecen económicamente pertenece a una disciplina diferente de la genética. Durante décadas, esos objetivos se enfocaban directamente al beneficio del productor. Sin embargo, y junto con la disminución regular del censo de agricultores y ganaderos, ha aumentado la influencia que los consumidores tienen en la definición de éstos. Además, debido a la preocupación creciente por la protección del medio ambiente, la sociedad demanda la selección de caracteres que no están directamente relacionados a la producción.

Los criterios de selección, o medidas que permiten evaluar y clasificar los reproductores, evolucionan, por una parte para reflejar los cambios de objetivos y por otra parte porque existen nuevos tipos de medidas que permiten apreciar el fenotipo de los animales (metabólica, transcriptómica, proteómica) o alcanzar directamente una parte de su valor genético (genotipado para gen mayor o QTL). La disponibilidad de este nuevo tipo de criterios y la gran cantidad de información existente, hace que sea necesario reflexionar sobre la manera de discriminar la información relevante y combinar la misma en un índice más eficaz que los actuales existentes.

Independientemente de este hecho, las características de un buen criterio siguen siendo las mismas: i) debe poder ser medido sobre el candidato a la selección y/o en sus parientes, ii) debe ser heredable y positivamente correlacionado a los objetivos de selección así como a otros caracteres importantes pero que no figuran en el objetivo, iii) debe ser económico; obviamente será más económico cuando la medida pueda hacerse de forma más temprana

na en la vida del animal candidato. Esas tres características no son independientes; por ejemplo, un criterio que permitiría estimar al nacimiento el valor genético de los toros de leche, no tendría precio.

Criterios precoces y criterios indirectos

Para optimizar el progreso genético y bajar el coste de la selección, tradicionalmente se han buscado criterios indirectos que no están directamente ligados al objetivo. La teoría de utilización de esos criterios esta ligada a la teoría de los índices de selección (Hazel, 1943; Lerner and Cruden, 1951), y a la utilización de las correlaciones genéticas para la selección indirecta (Searle, 1965). Este último autor calculó el ratio de la eficacia de la selección indirecta sobre la eficacia de la selección directa y estimó su varianza muestral encontrando que esa varianza puede llegar a ser mucho más grande que el error estándar de la correlación genética entre los dos caracteres (Searle, 1965). Este hecho introduce una gran incertidumbre en relación a la eficacia de la selección. En la misma línea se han buscado criterios precoces, que permitan estimar de forma temprana el valor genético del animal. Por ejemplo, en ovino, Young *et al.* (1965) publicaron parámetros genéticos de la producción de lana a 4 y 16 meses que posteriormente Turner and Young (1969) utilizaron para ilustrar sus cálculos sobre la eficacia relativa de una selección precoz indirecta. De hecho, la búsqueda a gran escala de criterios indirectos para la selección de las especies de ganadería ha empezado en la década 80 cuando los programas de selección multivariables estuvieron disponibles. Fue en esa época en la que apareció una extensa literatura en torno a los problemas de considerar varios caracteres en las estimaciones genéticas. Ejemplo de esto lo encontramos en "Sire and cow evaluation under multiple trait

model", (Schaeffer, 1984); "Estimation of variances and covariances under multiple trait models", (Henderson, 1984) y "Theoretical aspects in the estimation of breeding values for multi-trait selection." (Thompson and Meyer, 1986).

En la práctica, la selección a través de caracteres indirectos no resultó siempre tan positiva como podría esperarse de los parámetros genéticos. En este sentido hay que tener en cuenta que tal y como lo indican Clayton *et al.* (1957) la respuesta para un carácter B a la selección sobre un carácter A no es siempre la misma que la respuesta del carácter A a la selección por B.

Por qué a veces no funciona la selección sobre criterios indirectos

Ya en 1977, Land en su artículo sobre "Genetic variation and improvement" de la reproducción de los animales domésticos, habla de "Quantitative physiology" como una ayuda a la selección. Esa expresión y lo que supone como utilización de nuevos criterios biológicos en el proceso de la selección, se basa en tres aspectos: biológico, genético y técnico: i) En los dos sexos, son las mismas hormonas que controlan los caracteres de reproducción; esas hormonas se pueden medir pronto en la vida del macho o de la hembra. ii) Existen correlaciones entre las características de esas hormonas y los caracteres de reproducción (Land, 1974), iii) Las técnicas de laboratorio permitían medir de forma relativamente fácil muchas hormonas en la sangre y multiplicar así los fenotipos indirectos y precoces. En este contexto la utilización de varios criterios indirectos y precoces aparecía potencialmente interesante sobre todo para mejorar los caracteres de reproducción que son ligados al sexo y de baja heredabilidad. Muchos trabajos en varias especies han analizado el interés de esos criterios fisiológicos para la selección

(Bindon *et al.*, 1985; Bodin *et al.*, 1986; Bodin *et al.*, 1988; Mariscal *et al.*, 1996; Casady *et al.*, 2000). Sin embargo, a pesar de algunos resultados positivos en la bibliografía no aparecen reseñas sobre la utilización de esos criterios en el proceso de selección.

Un falso buen criterio: el diámetro testicular

Al principio de los años 70, Land, que busca criterios indirectos para la mejora de los caracteres de reproducción (ligados al sexo), promocionó las medidas de testículos de los machos como criterio indirecto para seleccionar el tamaño de la camada de las hembras apareadas. En su artículo Land (1973), impulsó durante casi 30 años unos extensos trabajos de testiculometría en muchas especies de muchos países. Los últimos artículos sobre la relación entre el diámetro testicular y los caracteres de reproducción de las hembras no son tan antiguos (Toe *et al.*, 2000). Se han utilizado muchos criterios diferentes: el diámetro testicular medido en vivo con un calibre, restando o no el espesor de un pliegue de piel; la circunferencia testicular medida con una cinta métrica o un collar de bolas; el volumen total medido por el desplazamiento de agua, etc. Esos criterios fueron medidos a edades variables y se ha utilizado tanto la estimación del criterio a una edad fija o su crecimiento entre dos edades fijas. Además, todos esos criterios fueron considerados tomando o no el peso vivo del animal como covariable. En las hembras, también han sido utilizadas muchas medidas: precocidad sexual, fertilidad, prolificidad, tasa de ovulación, etc. A pesar de todos los intentos, los resultados han sido globalmente decepcionantes y ningún esquema de selección que no sea experimental considera esos criterios indirectos para mejorar los caracteres de reproducción de las hembras.

Dada la variabilidad de los diseños (tipo de selección, especies, etc.) y de las variables

consideradas es difícil sacar conclusiones globales de esos experimentos. Sin embargo, los parámetros genéticos indican que la selección indirecta de la reproducción de las hembras a través de criterios testiculares debería de funcionar. Además, se pudo averiguar que la selección directa por los criterios reproductivos de las hembras produce generalmente una respuesta positiva sobre caracteres del testículo. Por ejemplo, Hanrahan and Quirke (1982) observan una respuesta indirecta significativa del diámetro testicular de los moruecos en su selección divergente por la tasa de ovulación en raza Finesa; Burfening and Tulley (1982), observan diámetros testiculares más importantes en la línea alta después de seleccionar sobre prolificidad dos líneas divergentes de Merinos; y Schinckel *et al.* (1983), después de seleccionar durante 9 generaciones la tasa de ovulación de las cerdas, constatan un incremento de 9 a 15% de las dimensiones testiculares de los cerdos de la línea alta en comparación con la línea control.

También se han encontrado respuestas opuestas no teniendo la selección sobre los caracteres testiculares ninguna consecuencia sobre la reproducción de las hembras. Por ejemplo en ovino, una selección divergente de ovino Finn-Dorset sobre el diámetro testicular no produjo respuesta indirecta sobre la tasa de ovulación de las hembras (Lee and Land, 1984); y en porcino, Sellier *et al.* (1985) no obtuvieron respuesta sobre el tamaño de la camada en su experimento de selección divergente sobre el desarrollo testicular de los cerdos. Ningún artículo explica claramente la disimetría de esa respuesta y de esos resultados aparentemente contradictorios. Sin embargo, se podrían hacer dos conjeturas.

– *Primera hipótesis de nivel estadístico.* La falta de precisión de los parámetros genéticos y la incertidumbre de la respuesta cuando las heredabilidades son bajas pueden

conducir a un progreso débil y muy variable. Esos temores de Searle (1965) permiten explicar solo una parte de esos resultados.

– *Segunda hipótesis de naturaleza biológica.* El testículo esta hecho de varios tejidos (células de Sertoli, células de Leydig, epidídimo, escroto, túnica fibrosa, etc.) y las células de Sertoli (homólogas a las células foliculares de las hembras) representan solamente una parte de ese conjunto. Nadie dudará que los parámetros genéticos del crecimiento de esos constituyentes sean diferentes y que la selección por el tamaño del testículo se traduzca por el incremento del tejido que tiene más variabilidad genética y que es más heredable. Eso puede explicar la asimetría de la respuesta. Seleccionar por la función ovárica de la hembra puede afectar su homóloga en el macho resultando, como se ha visto, en un incremento de una parte del testículo y de su tamaño global, mientras seleccionar por el tamaño del testículo afecta a una parte que no está relacionada con los caracteres de reproducción.

Un criterio demasiado parcial: la tasa de ovulación.

Puesto que ningún criterio medible sobre los machos podía servir para la selección indirecta de la prolificidad de las especies politocas, se han buscado criterios que puedan ser medidos en estadios precoces en la vida de las hembras. La tasa de ovulación parece un criterio idóneo: puede medirse incluso antes de la pubertad de la hembra si se usan tratamientos hormonales (desde los cinco meses en ovino); pueden hacerse varias medidas en un tiempo corto (una medida a cada ciclo); su heredabilidad es mediana y mucho más alta que la de la prolificidad; su correlación genética con el tamaño de la camada es alta. En ovino dos experimentos de selección en Finesa (Hanrahan, 1982) o en Romanov (Ricordeau, 1982), han mostrado las limitaciones de ese criterio debido a la relación no

lineal entre la tasa de ovulación y el tamaño de la camada. La selección de Romanov solamente por tasa de ovulación durante las primeras generaciones de selección produjo un incremento significativo de ese criterio pero no del tamaño de la camada. Pero en las últimas generaciones, cuando se tomó en cuenta la mortalidad embrionaria en el índice de selección se pudo observar un progreso alrededor 0,014 cordero por año (Lajous *et al.*, 1998). Por una parte, la necesidad de combinar tasa de ovulación y mortalidad embrionaria en un índice de selección no permite una selección precoz; por otra parte, se ha mostrado que varias combinaciones de esos dos criterios en diferentes índices no es más eficaz que la selección directa por el tamaño de la camada (Pérez-Enciso *et al.*, 1994; Pérez-Enciso *et al.*, 1995).

Esos dos ejemplos de criterios indirectos suscitaron muchos trabajos en varias especies y aunque no fueron utilizados para la selección dan lecciones que aprender.

Evolución reciente de la biología hacia una perspectiva tentadora

Los progresos de la biotecnología y de la informática han permitido el desarrollo de la genómica. Esa nueva ciencia tiende a inventariar el conjunto de genes de un organismo (genómica estructural) y estudiar sus funciones e interacciones (genómica funcional). El análisis funcional de los genes no es nuevo. La novedad es el carácter global de esos análisis que permite considerar varias decenas de miles de secuencias en mismo tiempo. Por otra parte, la transcriptómica, permite cuantificar el nivel de expresión de genes, analizando también miles de moléculas de mRNA al mismo tiempo. A pesar de la cantidad de información tratada, el transcriptoma no da una idea exacta del nivel de expresión de un conjun-

to de proteínas. Para este último análisis global, debe estudiarse el proteoma. También existen otros análisis de tipo global centrados en aspectos específicos de la biología. Todos ellos permiten realizar inferencias sobre las funciones biológicas.

Son los biólogos y no los genetistas cuantitativos los que han descubierto y proporcionan esa cantidad enorme de nueva información fenotípica detallada y muy relacionada con el funcionamiento de los genes. Esos biólogos han abierto una perspectiva muy tentadora a los genetistas cuantitativos: utilizar esa información en sus programas de mejora genética. En cierto modo volvemos 30 años atrás cuando Land (1977) hablaba de "Quantitative physiology" pensando que los perfiles hormonales o metabólicos pudieran ser una ayuda a la mejora genética. De hecho los datos que proceden de las ciencias "ómicas" pueden ser de gran interés en algunas condiciones aunque hay que tener en cuenta que como en otro cualquier criterio clásico, esos datos están sometidos a efectos que es necesario estimar y corregir. Y debemos de ser conscientes de que es muy difícil estimar los factores de variación (ambientales y ligados al individuo) que afectan a la expresión de cada gen que controla una función como por ejemplo la prolificidad.

Además, utilizar varios criterios indirectos supone conocer sus relaciones con el objetivo, sus interrelaciones, y la manera de combinarlos. Encontrar esa combinación puede ser difícil. Hemos visto que el uso y la combinación de dos criterios para mejorar la prolificidad (Tasa de ovulación y mortalidad embrionaria) no era más eficaz que la combinación natural dada por el tamaño de la camada (Pérez-Enciso *et al.*, 1995). Hemos visto también que la estimación de las relaciones entre un objetivo y un criterio muy indirecto tampoco es fácil puesto que las repuestas a la selección directa e indirecta no son siempre simétricas (caso de la rela-

ción entre el diámetro testicular y los caracteres de reproducción de las hembras). Esas dificultades serán más evidentes con criterios fisiológicos finos. Una ilustración de la imposibilidad de utilizar criterios fisiológicos finos para mejorar la prolificidad la proporciona el gen Booroola. Aunque existe diferencia muy importante de prolificidad entre las ovejas que llevan o no el gen Booroola, seríamos todavía incapaces de clasificar esos animales usando herramientas de transcriptómica o de proteómica.

Aunque esas nuevas disciplinas no proporcionan criterios fácilmente utilizables en los esquemas de selección, constituyen herramientas muy potentes para detectar genes que controlan un carácter y conocer su funcionamiento. En medicina humana existe una extensa literatura sobre la manera de combinar esas disciplinas (por ejemplo, ver Barrett, 2005; Rhodes and Chinnaiyan, 2005).

Genotipos como criterios de selección

Evidentemente, el conocimiento directo del polimorfismo del ADN puede constituirse como una fuente de nuevos criterios. Estos polimorfismos se refieren a marcadores próximos y en desequilibrio de ligamiento con QTL o genes de interés. Evidentemente, para la selección, es más interesante el conocimiento del polimorfismo que induce la variabilidad de un carácter (polimorfismo causal).

Los genotipos de marcadores de QTL

La bibliografía sobre la selección asistida por marcadores se ha multiplicado muy rápidamente desde los años 90 (Fig. 1). Algunos trabajos señalan que tomar en cuenta la información de QTL para la selección no resulta siempre positivo.

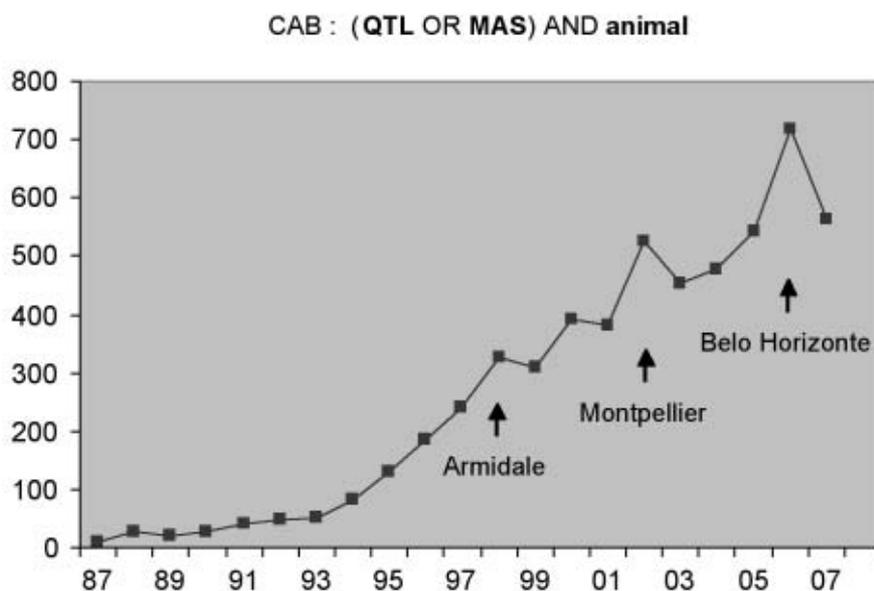


Figura 1. Número de artículos referenciados en los CAB de 1987 a 2007 que responden a los criterios (QTL OR MAS) AND animal

Figure 1. Number of papers from 1987 to 2007 found in CAB and corresponding to the following criteria: (QTL OR MAS) AND animal

El interés de este tipo de criterios varía en función de diversos aspectos técnicos como el grado de polimorfismo de los marcadores o distancia entre marcadores y el QTL, y de aspectos propiamente relacionados con el carácter estudiado y la población, como pueden ser la frecuencia de los alelos del QTL, el efecto del QTL, etc. Las técnicas de genotipado han progresado mucho, lo que ha permitido la implementación de un gran número de programas de detección de QTL en todas las especies domésticas. Al mismo tiempo, las metodologías de cartografía y de localización de QTL se han sofisticado para tener en cuenta el posible efecto de varios QTL (Meuwissen and Goddard, 2002) o la utilización del desequilibrio de ligamiento (Meuwissen *et al.*, 2002). A pesar de esos avances, han sido pocos los programas de selección que han incorporado el genotipado de marcadores de QTL en la estimación de sus índices. Además, el aumento de progreso genético obtenido usando esos nuevos criterios de selección no compensa el aumento del coste económico derivado del coste de los genotipados, exceptuando alguna situación muy concreta en vacuno de leche. Actualmente el único programa de selección que utiliza conjuntamente datos procedentes de marcadores del ADN y datos fenotípicos es el programa francés de selección de vacuno de leche. Ese programa utiliza, en el cálculo de las evaluaciones genéticas, información procedente de 33 marcadores situados en 12 regiones del genoma (Boichard *et al.*, 2002; Guillaume *et al.*, 2008) además de los criterios clásicos.

Excepto este caso, el uso de marcadores de ADN para la selección es muy reducido. Sin embargo podrían ser útiles para la gestión, el mantenimiento y la optimización de la variabilidad genética alrededor de genes en fase de fijación.

La posibilidad de disponer de decenas de miles de marcadores SNP (centenas de miles, dentro de poco) cambia completamente la

escala de trabajo. Por una parte, esa alta densidad de marcadores hace necesaria la aplicación de nuevos protocolos y el desarrollo de nuevas metodologías que permiten aprovechar el desequilibrio de ligamiento existente entre los QTL y los marcadores próximos. También, y dado que el conocimiento del genotipo de los individuos se vuelve cada vez menos fragmentario y la cantidad de información aumenta de forma considerable es importante poder discriminar la información realmente relevante. En todo caso, este tipo de información puede ser utilizada como criterio en la selección genómica aunque no se puede obviar el hecho de que existe un gran debate sobre la metodología más apropiada.

Las mutaciones causales

Al igual que la descomposición del carácter tamaño de la camada en sus componentes aditivos (tasa de ovulación y mortalidad embrionaria) parecía interesante para la selección, la descomposición aditiva de los genes que controlan una función en una parte conocida (genotipo de genes conocidos) y una parte poligénica desconocida parecía poder mejorar el proceso de selección. Sin embargo, y también al igual que para el tamaño de la camada, esa descomposición no siempre resulta eficaz. Varios estudios han mostrado que la inclusión de la información del genotipo de genes mayores conocidos en el índice de selección es interesante en algunos casos limitados (Fournet *et al.*, 1997; Larzul *et al.*, 1997). Además, hay que tener en cuenta que estos estudios teóricos generalmente no consideran genes con sobredominancia (los heterocigotos son los más eficaces) que resultan en situaciones mucho más complejas.

Se puede distinguir tres maneras diferentes de tomar en cuenta el genotipo de un locus mayor en un proceso de selección.

1) El genotipo se utiliza precozmente y de forma independiente a la valoración genética poligénica, por lo que solo una proporción de los animales genotipados siguen el proceso de selección. Esa situación afecta a genes en proceso de erradicación (o fijación) rápida o genes que controlan caracteres sin variabilidad poligénica conocida, como el gen Blad en bovino; el gen de sensibilidad a la scrapie o la mutación BMP15 C53Y en ovino, los genes RN y RyR1 en algunas poblaciones de cerdos, etc.

2) El genotipado está disponible pero no se efectúa de forma rutinaria y no está incorporado al sistema de evaluación genética. Este es el caso en Francia del polimorfismo de caseínas α_{s1} en cabras. La información genotípica como criterio de selección conduciría a una fijación un poco más rápida del alelo favorable pero a una reducción de la varianza genética en las generaciones futuras (Sanchez *et al.*, 2005). Además, hay que tener en cuenta de que si el alelo A aumenta la cantidad y porcentaje de proteína, los alelos F o O tienen más interés para preservar el gusto típico de los quesos de cabra (Delacroix-Buchet *et al.*, 1996; Pierre *et al.*, 1998). En parte por esa última razón, el esquema de selección no toma en cuenta esa información genotípica aunque la evaluación global que ignora la existencia de ese gen mayor conduce de todas formas a su fijación. Es el caso también de la mutación del gen de prolificidad *FecL* en ovino Lacau-ne; el cual es económicamente favorable únicamente para las ovejas heterocigotas (Bodin *et al.*, 2006). Aunque ese gen es aditivo sin dominancia para la tasa de ovulación, el valor económico de los reproductores no lo es y de momento ningún programa permite estimar índices que combinen valor poligénico y un gen mayor con sobredominancia para la selección. El organismo de selección dispone del índice poligénico clásico y de reglas de manejo empíricas que tien-

den a aumentar la proporción de hembras heterocigotas en los rebaños.

3) El genotipado está incluido en el modelo de evaluación junto con los datos fenotípicos para una estimación global del valor genético. Debido al escaso número de genes mayores identificados con determinismo simple, a los costes de los genotipados y al interés limitado de considerar el genotipo de algunos genes en la selección, pocos programas colectivos usan esos tipos de índices. Si embargo, las presiones comerciales son fuertes y las compañías biotecnológicas intentan sacar beneficio de la pequeña parte del valor genético de los animales que se conoce de forma precisa.

La situación de los ovinos en Nueva Zelanda es original. El sistema de pruebas de ADN desarrollado por una compañía privada Catapult® utiliza una gota de sangre depositada sobre un papel secante para análisis de ADN. Con esas pruebas tomadas sobre los padres, las madres y los productos el sistema Shepherd® establece la genealogía de los animales dentro del rebaño, e incorpora esa información en programas de evaluación genética. En este sistema, los seleccionadores pueden pedir cinco genotipados opcionales para evaluaciones particulares de sus animales. Myomax® da información sobre un gen que aumenta de 10% la muscularidad de la pierna y disminuye de 14% la grasa de la canal; LoinMax® proporciona un test de ADN para un gen que aumenta el núcleo de la chuleta de 10%, Wormstar™ un test de ADN que se integra a la evaluación genética para la resistencia a parásitos internos. Existe también disponible un test para el gen de la microftalmia que induce la ceguera de los animales, y para el gen Inverdale (BMP15) que aumenta la prolificidad. El sistema comercial basado en la asignación de parentesco, facilita mucho el manejo de los ganaderos (monta natural con lotes de machos), es utilizado principalmente por

vendedores de reproductores individuales y no por una organización colectiva de selección. Los beneficios reales para el progreso genético de cada carácter a largo plazo en el conjunto de la población no han sido estudiados.

De forma similar, el sistema "Gene star" desarrollado en Australia por "Genetic Solution" y ahora disponible en otros países analiza doce marcadores de mutaciones causales que afectan caracteres de ternura y infiltración de la grasa en bovino de carne. Aunque, el interés de algunos de esos genes es discutible (Rincker *et al.*, 2006; Van Eenennaam *et al.*, 2007).

Catapult (Nueva Zelanda) y Genetic Solutions (Australia) que eran líderes en el desarrollo de tecnología de ADN para ovino y bovino se han agrupado hace un año en una nueva compañía: Catapult Genetics. Esas últimas semanas, Pfizer Animal Health ha adquirido Catapult genetics y Bovigen para situarse en primera fila de las compañías de investigación y desarrollo de genómica en ganado. Sin ninguna duda, la presión comercial para incorporar esos criterios (ligero interés económico de los individuos que llevan el gen, marketing, etc.) y la presión social para aumentar la trazabilidad y el conocimiento del contenido de los productos, se harán más grandes. Los vendedores de reproductores y los esquemas de selección se verán entonces obligados a considerar esos nuevos datos cuyo interés para la mejora genética de las poblaciones ha sido demostrado en algunos casos.

Conclusión

La selección genética de caracteres cuantitativos basada en la descomposición de un fenotipo en partes genéticas y ambientales bajo un modelo poligénico aditivo infinite-

simal ha dado resultados substanciales. La idea de mejorar la estimación del valor genético extrayendo de la parte poligénica global inaccesible a la observación, un componente observable es muy natural pero hasta el momento, los resultados han sido paradójicos y contradictorios debido probablemente a que no se ha conseguido combinar en un modo óptimo los distintos elementos. Dentro de poco tiempo los progresos de biotecnología darán acceso a la secuencia completa de cada individuo y el nuevo reto de la genética cuantitativa será encontrar nuevas metodologías para utilizar y optimizar el uso de este nuevo tipo de información.

Bibliografía

- Barrett MT, 2005. Stacking the chips for biological discovery. *Nature Genetics*. 37: S1-S1.
- Bindon BM, Piper LR, Cummins LJ, O'Shea T, Hillard MA, Findlay JK, Robertson DM, 1985. Reproductive endocrinology of prolific sheep: studies of the booroola merino. *Genetics of Reproduction In Sheep*. chapter 23, 217-235.
- Bodin L, Bibe B, Blanc M, Ricordeau G, 1986. Genetic parameters of plasma FSH concentration in ewe-lambs of a meat-type Lacaune strain. *Genetique Selection Evolution*, 18(1), 55-61.
- Bodin L, Bibe B, Blanc MR, Ricordeau G, 1988. Genetic relationship between prepuberal plasma FSH levels and reproductive performance in Lacaune ewe lambs. *Genetique Selection Evolution*, 20(4), 489-498.
- Bodin L, Lecerf F, Bessière M, Mulsant P, 2006. Features of major genes for ovulation in the Lacaune population. *Proceedings of the 8th WCGALP, Bello Horizonte, Brazil*.
- Boichard D, Fritz S, Rossignol MN, Boscher MY, Malafosse A, Colleau JJ, 2002. Implementation of marker-assisted selection in French dairy cattle. *in: Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Produc-*

- tion, Montpellier, France, August, 2002. Session 22.
- Burfening PJ, Tulley D, 1982. Effect of selection for high and low prolificacy on libido and scrotal circumference. *2nd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Madrid: 536-542.
- Cassady JP, Johnson RK, Ford JJ, 2000. Comparison of plasma FSH concentration in boars and gilts from lines selected for ovulation rate and embryonal survival, and litter size and estimation of (co)variance components for FSH and ovulation rate. *Journal of Animal Science*, 78(6).
- Clayton GA, Knight GR, Morris JA, Robertson A, 1957. An experimental check on quantitative genetical theory III. Correlated responses. *Journal of Genetics*, 55, 171-180.
- Delacroix-Buchet A, Degas C, Lamberet G, Vassal L, 1996. Effect of AA and FF alpha s1-casein variants in goat milk on cheese yields and sensory characteristics of cheeses. *Lait*, 76(3).
- Fournet F, Elsen JM, Barbieri ME, Manfredi E, 1997. Effect of including major gene information in mass selection: A stochastic simulation in a small population. *Genetics Selection Evolution*, 29(1), 35-56.
- Guillaume F, Fritz S, Boichard D, Druet T, 2008. Estimation by simulation of the efficiency of the French marker-assisted selection program in dairy cattle. *Genetics Selection Evolution*, 40(1), 91-102.
- Hanrahan JP, 1982. Selection for increased ovulation rate, litter size and embryo survival. *2nd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Madrid: 294-309.
- Hanrahan JP, Quirke JF, 1982. Selection on ovulation rate in sheep aided by the use of super ovulation and egg transfer. *Proceedings of the World Congress on Sheep and Beef Cattle Breeding*, 2, 329-335.
- Hazel LN, 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28, 476-490.
- Henderson CR, 1984. Estimation of variances and covariances under multiple trait models. *Journal of Dairy Science*, 67, 1581-1589.
- Lajous D, Poivey JP, Bodin L, Francois D, Bibe B, Ricordeau G, Brunel JC, Eychenne F, Weisbecker JL, 1998. Estimation of genetic progress realized by selection on ovulation rate, embryo mortality and litter size in an experimental flock of sheep. *Rencontres Recherches Ruminants*, (5), 111-113.
- Land RB, 1973. The expression of female sex-limited characters in the male. *Nature*, 241(5386), 208-209.
- Land RB, 1974. Physiological studies and genetic selection for sheep fertility. *Animal Breeding Abstracts*, 42(4), 155-158.
- Larzul C, Manfredi E, Elsen JM, 1997. Potential gain from including major gene information in breeding value estimation. *Genetics Selection Evolution*, 29(2), 161-184.
- Lee GJ, Land RB, 1984. Testis size and lh response to lh-rh as male criteria of female reproductive performance. *in: Genetics of Reproduction In Sheep*. R. B. Land (ed). Robinson, D W. pp 333-341.
- Lerner IM, Cruden D, 1951. The heritability of egg weight: the advantages of mass selection and of early measurements. *Poultry Science*, 30, 34-41.
- Mariscal DV, Wolfe PL, Bergfeld EG, Cupp AS, Kojima FN, Fike KE, Sanchez T, Wehrman ME, Johnson RK, Kittok RJ, Ford JJ, Kinder JE, 1996. Comparison of circulating concentrations of reproductive hormones in boars of lines selected for size of testes or number of ovulations and embryonal survival to concentrations in respective control lines. *Journal of Animal Science*, 74(8), 1905-1914.
- Meuwissen THE, Goddard ME, 2002. Mapping multiple QTL by combined linkage disequilibrium/linkage analysis in outbred populations. *in: Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Montpellier, France, August, 2002. Session 21.
- Meuwissen THE, Karlsen A, Lien S, Olsaker I, Goddard ME, 2002. Fine mapping of a quantitative trait locus for twinning rate using combined linkage and linkage disequilibrium mapping. *Genetics* 161(1).

- Perez-Enciso M, Foulley JL, Bodin L, Elsen JM, Poivey JP, 1995. Genetic-Improvement of Litter Size in Sheep - a Comparison of Selection Methods. *Genetics Selection Evolution*, 27(1), 43-61.
- Perez-Enciso M, Foulley JL, Bodin L, Poivey JP, 1994. Genetic implications of a bivariate threshold model for litter size components. *Journal of Animal Science*, 72(11), 2775-2786.
- Pierre A, Quere JLI, Famelart MH, Riaublanc A, Rousseau F, 1998. Composition, yield, texture and aroma compounds of goat cheeses as related to the A and O variants of alpha s1-casein in milk. *Lait*, 78(3).
- Rhodes DR, Chinnaiyan AM, 2005. Integrative analysis of the cancer transcriptome. *Nature Genetics*, 37: 531-537.
- Ricordeau G, 1982. Selection for reduced seasonality and post-partum anoestrus. *2eme Congres Mondial de Genetique Appliquee A l'ele-vage*. 338-347.
- Rincker CB, Pyatt NA, Berger LL, Faulkner DB, 2006. Relationship among GeneSTAR marbling marker, intramuscular fat deposition, and expected progeny differences in early weaned Simmental steers. *Journal of Animal Science*, 84(3), 686-693.
- Sanchez A, Ilahi H, Manfredi E, Serradilla JM, 2005. Potential benefit from using the alpha s1-casein genotype information in a selection scheme for dairy goats. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122(1).
- Schaeffer L, 1984. Sire and cow evaluation under multiple trait model. *Journal of Dairy Science*, 67, 1567-1580.
- Schinckel AP, Johnson RK, Pumfrey RA, Zimmerman DR, 1983. Testicular growth in boars of different genetic lines and its relationship to reproductive performance. *Journal of Animal Science*, 56: 1065-1076.
- Searle SR, 1965. The value of indirect selection. 1. mass selection. *Biometrics*. septembre: 682-707.
- Sellier P, Gruand J, Legault C, 1985. Personal communication.
- Thompson R, Meyer K, 1986. Theoretical aspects in the estimation of breeding values for multi-trait selection. *Livestock Production Science*, 15, 299-313.
- Toe F, Rege JEO, Mukasa-Mugerwa E, Tembely S, Anindo D, Baker RL, Lahlou-Kassi A, 2000. Reproductive characteristics of Ethiopian highland sheep I. Genetic parameters of testicular measurements in ram lambs and relationship with age at puberty in ewe lambs. *Small Ruminant Research*, 36(3), 227-240.
- Turner HN, Young SSY, 1969. *Quantitative Genetics in Sheep Breeding*. Cornell University Press, Ithaca, New York.
- Van Eenennaam AL, Li J, Thallman RM, Quaas RL, Dikeman ME, Gill CA, Franke DE, Thomas AG, 2007. Validation of commercial DNA tests for quantitative beef quality traits. *Journal of Animal Science*, 85(4), 891-900.
- Young SSY, Brown GH, Turner HN, Dolling CHS, 1965. Genetic and phenotypic parameters for body weight and greasy fleece weight at weaning in Australian Merino sheep. *Australian Journal of Agricultural Research*, 16, 997-1009.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Estimación de parámetros genéticos para la producción de leche y sus componentes en la raza caprina Payoya mediante técnicas de Regresión Aleatoria

A. Menéndez-Buxadera*, F. Romero*, O. González**, F. Arrebola***, A. Molina*

* Grupo de Investigación Meragem. Dpto. de Genética. Universidad de Córdoba

** Asociación de Criadores de raza Payoya

*** Grupo de Investigación Meragem. CIFA de Hinojosa del Duque. IFAPA

E-mail: ambuxadera@yahoo.com

Resumen

Los resultados de 94469 registros mensuales de la producción de leche y sus componentes de 9271 cabras Payoya, paridas entre Noviembre 2002 y Diciembre de 2007 fueron analizadas mediante modelos de regresión aleatoria con el objetivo de estimar los principales parámetros genéticos para estos caracteres. Una ecuación de orden 3 para los efectos genéticos y para los efectos de ambiente individual, así como el uso de la varianza residual heterogénea fue el modelo de mejor ajuste. Para todas las variables analizadas se manifestó la tendencia al incremento en el valor de la heredabilidad (h^2) a medida que se avanza en la lactación, excepto en la producción de leche en el día de control, cuyos mayores valores se presentaron a en la parte intermedia de esta. Los valores de h^2 oscilaron entre 0.14 a 0.23 para la producción de leche; 0.33 a 0.40 para % de proteína; 0.10 a 0.20 para % de grasa; 0.26 a 0.40 para % de lactosa y finalmente 0.12 a 0.29 para la materia seca. En todas las variables las correlaciones genéticas fueron positivas y altas entre registros adyacentes. Se encontró una amplia variabilidad de origen genético en la forma de la curva de lactación de los animales.

Palabras clave: Caprino lechero, Test del día de control, Componentes de la varianza

Summary

Estimates of genetic parameters of milk yield and milk composition using random regression model in Payoya goat

A total of 94469 test day records of milk yield and milk composition (fat, protein and dry matter contents) from 9271 Payoya goats, collected between November 2002 to December 2007 were analyzed using random regression models to estimate the parameter genetic for these traits. A third order equation for genetic and environment permanent effects, with a heterogeneous residual variance model was the best fit model. For all the traits analyzed results show an increase trend in the heritability values through lactation curve, except for milk yield. This shows the highest values in the middle of lactation. Heritabilities ranged from 0.14 to 0.23 for milk yield, from 0.33 to 0.40% for protein content; 0.10 to 0.20 for fat %, 0.26 to 0.40 for lactose % and finally from 0.12 to 0.29 for dry matter. Genetic correlations were positive and high between adjacent records in all traits. There was a wide genetic variability in the shape of the lactation curve.

Key words: Dairy goats, Test day, Variance components

Introducción

En la actualidad los procedimientos de regresión aleatoria se están imponiendo en la evaluación genética de aquellos rasgos que se registran repetidamente a lo largo de una trayectoria de tiempo o de otra escala (temperatura, nivel productivo etc.). De hecho, hay ejemplos de su uso en casi todas las especies domesticas (Schaeffer, 2004). En el caso de las cabras lecheras de España se han iniciado recientemente estas aplicaciones en la Raza Murciana Murciano Granadina (Menéndez Buxadera et al., 2007^c), demostrándose los beneficios que pueden alcanzarse en las condiciones de las bases de datos disponibles en la mayoría de razas caprinas de nuestro país (Menéndez Buxadera et al., 2007^{a,b}).

En este trabajo se presentan los resultados de aplicar estos modelos de Regresión Aleatoria (MRA) al control lechero de la raza caprina Payoya, con el objetivo de estimar

los parámetros genéticos a lo largo de la lactación para las principales variables obtenidas a partir del control lechero oficial.

Material y métodos

Un total de 128412 registros mensuales de la producción de leche (PL), % de Extracto Seco (ES); % de Grasa (GR); % de Proteína (PR) y % de Lactosa (LA) fueron obtenidos del control lechero oficial llevado a cabo en las ganaderías del Núcleo de Control Lechero de la raza Payoya. Esta base de datos se depuró exhaustivamente, quedando finalmente disponibles para el análisis un total de 94469 registros mensuales, pertenecen a las lactaciones de un total de 9271 cabras distribuidas en 20 ganaderías y que parieron entre Noviembre del 2002 hasta Octubre del 2007. Los datos empleados así como las medias generales se presentan en la figura 1.

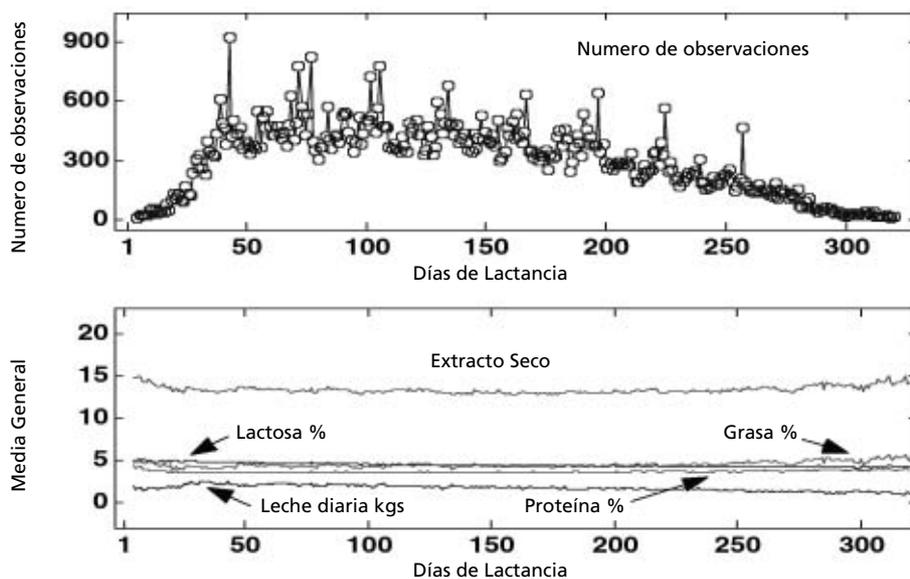


Figura 1. Número de observaciones disponibles y medias generales de las variables estudiadas en la cabra Payoya.

Figure 1. Number of records available and average values for milk yield and milk composition (fat, protein and dry matter contents) in Payoya goats.

Para la resolución de los modelos MRA se empleó el software Asreml (Gilmour et al 2000). El modelo incluyó los efectos aleatorios del animal (a_i); del ambiente permanente individual así como de la combinación ganadería-fecha de control. El número de ordeños; la prolificidad así como una ecuación de regresión fija de orden 2 para la trayectoria de la lactancia intra-número de parto y de orden 3 para la forma general de la curva de lactancia. Para la estimación de los parámetros genéticos, heredabilidad (h^2) y correlaciones genéticas (R_g) se siguieron las recomendaciones de Jamrozik y Schaeffer (1997) para estos modelos MRA. Los Valores Genéticos (VGⁱ) para cualquier punto de la trayectoria de la lactación fueron estimados a partir de los m coeficientes de regresión aleatorios y los coeficientes del polinomio de Legendre (Φ_j) aplicado. Manipulando las soluciones de a_i y los coeficientes de Φ_j se estimaron diversos indicadores del parámetro de Persistencia (Cobucci et al. 2003), de creciente importancia en la producción lechera en la actualidad.

Resultados y discusión

El mejor ajuste se obtuvo con una ecuación de orden 3 para los efectos genéticos y para los efectos de ambiente individual, así como el uso de la varianza residual heterogénea. Los principales parámetros genéticos obtenidos con este modelo se presentan en las tablas 1.

De acuerdo a estos resultados puede indicarse que las estimaciones de h^2 están dentro del rango de los valores publicados para esta especie (Analla y col 1996; Muller y col 2002; Menéndez Buxadera et al., 2007^c). En todas las variables se manifiesta la tendencia al incremento en h^2 en la medida que se avanza en la lactación, excepto en la producción de leche en el día de control, cuyas mayores estimaciones se presentan en puntos intermedios de la lactación. De forma general los mayores valores de h^2 se manifestaron para **PR** y **LA**. La repetibilidad (**R**) mostró un patrón inverso, con una franca depresión en la medida que se avanza en la

Tabla 1. Valores estimados de heredabilidad (h^2) y Repetibilidad (R) en varios rasgos de la producción de leche y sus componentes de cabras Payoya a diferentes días de lactación
Table 1. Estimated values of heritability (h^2) and repeatability (R) for milk yield and milk composition (fat, protein and dry matter contents) at different days of lactation in Payoya goats

Días de lactación	Leche diaria		% Proteína		% Grasa		% Lactosa		% Extracto Seco	
	h^2	R	h^2	R	h^2	R	h^2	R	h^2	R
30	0.167	0.600	0.329	0.514	0.157	0.375	0.258	0.431	0.124	0.420
60	0.199	0.548	0.365	0.482	0.118	0.303	0.294	0.404	0.153	0.284
90	0.224	0.511	0.382	0.465	0.109	0.243	0.323	0.401	0.179	0.224
120	0.236	0.487	0.388	0.457	0.121	0.205	0.342	0.412	0.197	0.207
150	0.237	0.464	0.393	0.455	0.140	0.184	0.354	0.424	0.210	0.215
180	0.229	0.431	0.401	0.458	0.155	0.175	0.363	0.432	0.223	0.230
210	0.216	0.380	0.411	0.471	0.164	0.174	0.373	0.438	0.237	0.245
240	0.197	0.305	0.419	0.499	0.170	0.182	0.385	0.450	0.257	0.265
270	0.171	0.214	0.417	0.543	0.177	0.205	0.399	0.481	0.279	0.289
300	0.144	0.157	0.402	0.594	0.195	0.251	0.409	0.540	0.297	0.376

lactación. En sentido general las correlaciones genéticas fueron positivas y particularmente altas entre controles adyacentes o próximos de la lactación. Las varias formas de estimar Persistencia (P) manifestaron valores de h^2 entre 0.263 a $h^2= 0.401$, dentro del contexto de las publicaciones sobre el tema (Cobucci et al., 2003).

El análisis realizado demuestra que existe una amplia variabilidad genética en esta población de cabras Payoya, lo cual puede apreciarse en la figura 2.

Al mismo tiempo se pudo identificar una importante variabilidad de origen genético entre los VG de los animales a lo largo de la lactación. Para ejemplificar este resultado se

seleccionaron los mejores 300 animales en base a sus valores genéticos (VG) para cada rasgo, estimados a los 210 días de lactación. De este grupo élite se evaluaron detenidamente la evolución de los VG de los mismos animales a lo largo de la trayectoria de la lactación y se identificaron un grupo de animales que ejemplifican de una manera simple pero categórica, las marcadas diferencias genéticas en la forma de la curva de lactación (figura 3). Si la selección se realiza en forma clásica (línea de punto en la figura 3) cualquiera de estos animales pueden ser elegidos como madres de sementales, sin embargo el procedimiento de regresión aleatoria permite elegir aquellos que presenta una evolución determinada de su curva de

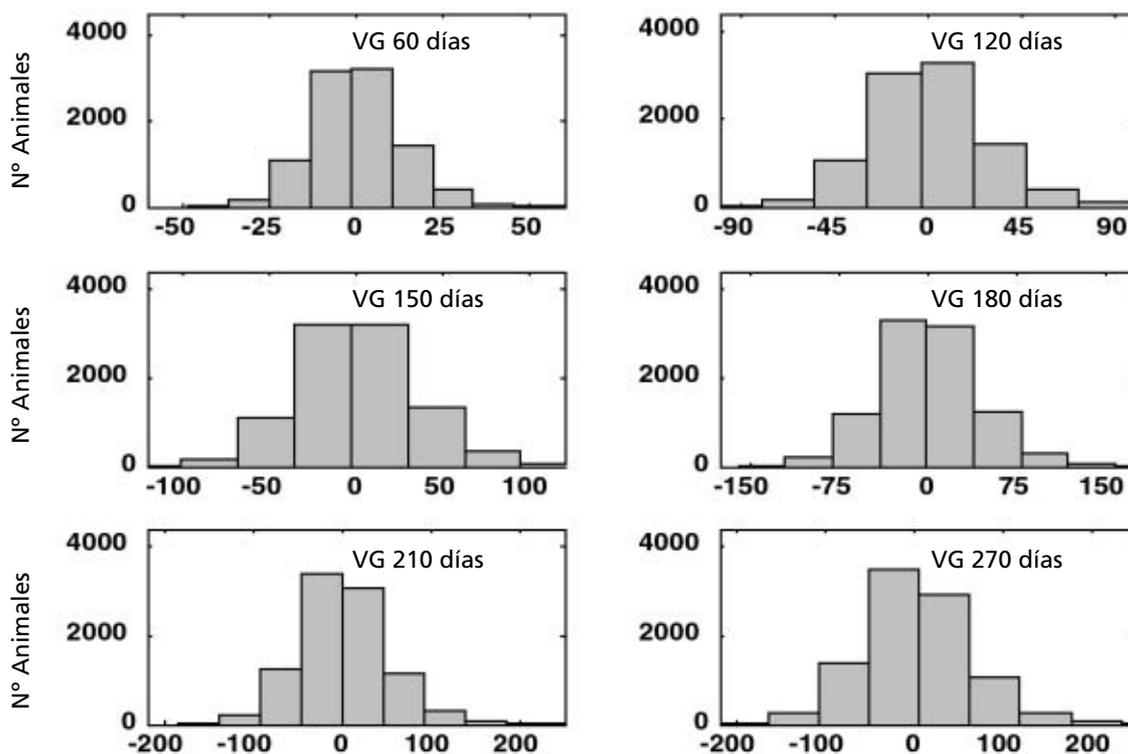


Figura 2. Histograma de frecuencias para la distribución de los valores genéticos estimados para la producción lechera acumulada en cabras Payoyas.

Figure 2. Histogram of the distribution of EBV for accumulated milk yield in Payoya goats.

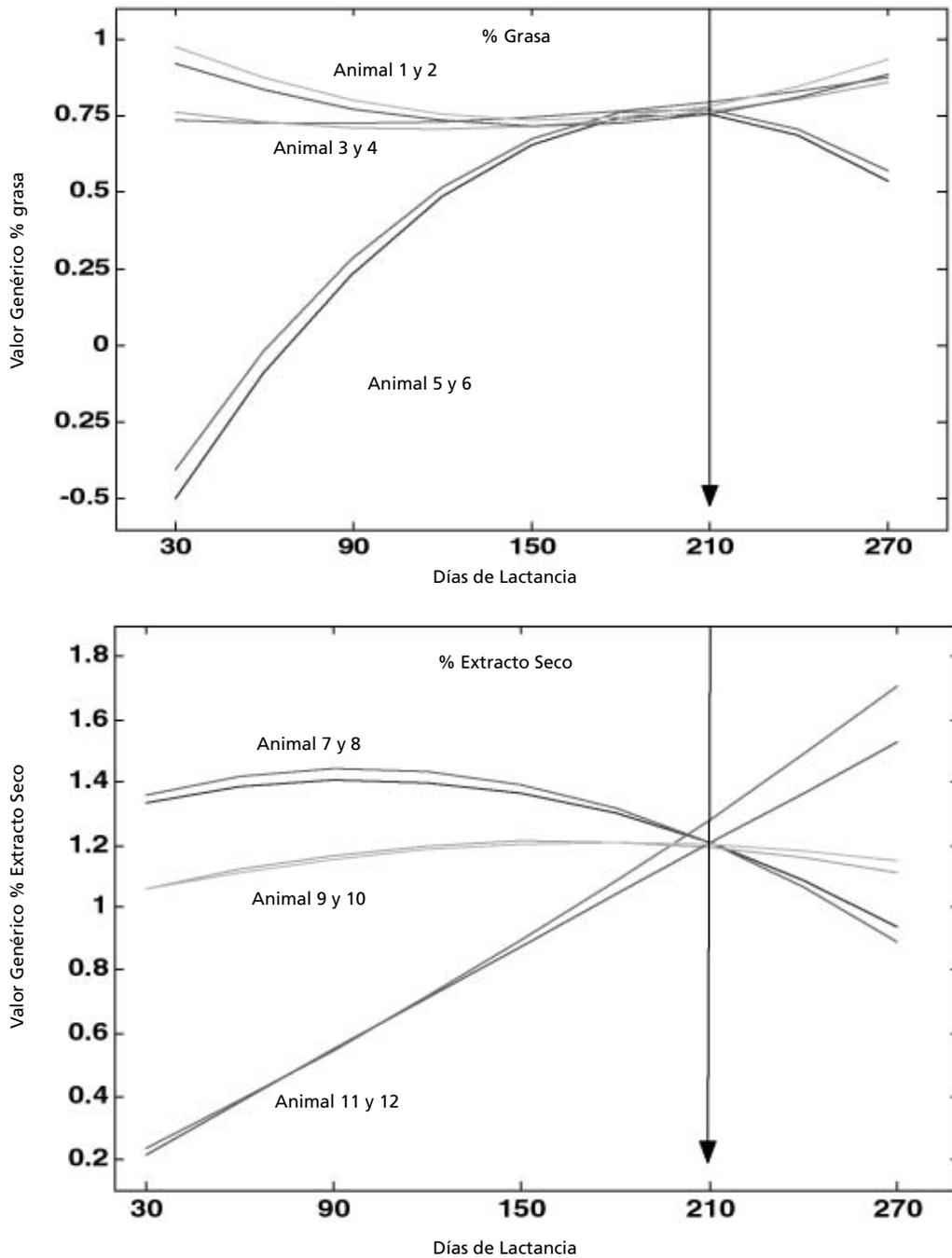


Figura 3. Evolución de los valores genéticos para los caracteres % grasa y de extracto seco a lo largo de la curva de lactación de un grupo de cabras Payoya.

Figure 3. Evolution of estimated breeding values for fat and dry matter content of milk through milking period from several Payoya goats.

lactación (por ejemplo persistencia). La elección del tipo de animal más adecuado que pueden derivarse de estos resultados dependen del sistema de producción y deben ser llevadas a cabo con el personal de la Sociedad de Criadores.

Conclusiones

Los resultados demuestran que existe una amplia variabilidad de origen genético en la producción de leche y sus componentes en la raza Payoya. El uso de modelos de regresión aleatoria es altamente recomendado ya que permite extraer mayor cantidad de información a los datos disponibles lo cual permite mayor eficiencia en el programa de selección.

Bibliografía

- Analla M, Jiménez-Gamero I, Muñoz-Serrano A, Serradilla JM, Falagan A, 1996. Estimation of genetic parameters for milk yield and fat and protein contents of milk from Murciana-Granadina goats. *J. Dairy Sci.*, 79, 1895-1898.
- Breda FC, Albuquerque LG, Yamaki M, Filho JRS, Sarmento JLR, Lopes PS, Rodriguez MT, 2006. Genetic parameters for test day milk yield of Alpina goats. *R. Bras. Zootec.*, 35, 396-404.
- Cobuci JA, Euclides RF, Pereira CS, de Almeida Torres R, Costa CN, Lopes PS, 2003. Persistency in lactation – a review. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.*, 11, 163-173.
- Gilmour AR, Cullis BR, Welham SJ, Thompson R, 2000. ASREML Reference Manual. NSW Agric. Biom. Bull. NSW Agriculture, Locked Bag, Orange, NSW 2800, Australia.
- Jamrozik J, Schaeffer LR, 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for production of first lactation. *J. Dairy Sci.*, 80, 762-770.
- Menéndez-Buxadera A, Molina A, Arrebola F, Serradilla JM, 2007^a. Propuesta de un nuevo método de valoración genética para las poblaciones caprinas con bajo porcentaje de filiaciones conocidas: análisis comparativo de modelos con y sin matriz de parentesco, utilizando técnicas de regresión aleatoria. *Feagas*, 31, 55-60.
- Menéndez-Buxadera A, Molina A, Arrebola F, Romero F, Serradilla JM, 2007^b. Las nuevas metodologías genéticas en la mejora caprina: La valoración del día de control y la norma-reacción utilizando modelos de regresión aleatoria. I Congreso Nacional de Zootecnia. Libro de Actas del I Congreso Nacional de Zootecnia. Madrid.
- Menéndez-Buxadera A, Molina A, Arrebola F, Gil MJ, Pliequezuelos J, Serradilla JM, 2007^c. Primera valoración genética de la raza Murciano-Granadina mediante modelos de regresión aleatoria utilizando la producción mensual de leche y sus componentes. I Congreso Nacional de Zootecnia. Libro de Actas del I Congreso Nacional de Zootecnia. Madrid.
- Muller CJC, Cloet SWP, Schoeman SJ, 2002. Estimation of genetic parameters for milk yield and milk composition of South African Saanen goats. 7th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod., Montpellier, France, August 19-23, 2002. Comm 01-52 4 pag.
- Schaeffer LR, 2004. Application of random regression models in animal breeding. *Liv. Prod. Sci.*, 86, 35-45.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Aplicación de un modelo de regresión aleatoria para la estimación de los parámetros genéticos del rendimiento deportivo en caballos jóvenes de la raza Trotador Español: resultados preliminares

M.D. Gómez*, M. Valera**, A. Molina*, A. Menendez-Buxadera*

* Departamento de Genética. Universidad de Córdoba. Ctra. Madrid-Cádiz km.396^a. 14071 Córdoba. España.

** Departamento de Ciencias Agroforestales. Universidad de Sevilla. Ctra. Utrera km 1. 41013 Sevilla. España

E-mail: pottokamdg@gmail.com

Resumen

Un total de 36212 registros deportivos recopilados entre 1990-2006 en 2325 caballos trotadores en España fueron estudiados mediante Modelos de Regresión Aleatoria (RRM) para la estimación de los componentes de los parámetros genéticos del rendimiento funcional en caballos jóvenes (2-4 años) de esta raza en carreras de distancias entre los 1600 y 2750 metros. El pedigrí de cada animal ha sido completado hasta la cuarta generación, generando una figura de 9201 individuos. La variable dependiente analizada ha sido el tiempo medio en recorrer un kilómetro en las diferentes distancias de carrera en las que han participado. El hipódromo-fecha de carrera (405) y el sexo (3: macho, hembra y castrado) se han incluido como efectos fijos en el modelo, también un polinomio de Legendre de orden 2 fue incorporado como efecto fijo. Los animales (9201), el conductor (1007) y los efectos ambientales permanentes causados por los registros de las participaciones repetidas de un mismo animal han sido incorporados como variables aleatorias, aplicando en ambos casos un polinomio Legendre de orden 1. Los resultados muestran que los componentes de la varianza aditiva y el nivel de heredabilidad (h^2) disminuyen a medida que aumenta la distancia de la carrera (oscilando entre una h^2 de 0,32 a los 1600 m y de 0,12 a los 2700 m). Las correlaciones genéticas entre las distancias más próximas han sido superiores. La metodología de estimación utilizada permite una función de los valores genéticos con la que se pueden estimar los valores de cría (BV) de cada animal en todo el recorrido de distancias analizadas. Se ha estimado una variabilidad muy elevada para los BV y se han detectado importantes diferencias en la forma de respuesta de los caballos en la trayectoria de la curva de distancias. El uso de un RRM en los programas de cría para la valoración genética del rendimiento en caballos Trotadores Españoles está muy recomendado.

Palabras clave: Competiciones deportivas, Equino, Regresión aleatoria, Valoración genética

Summary

Application of a random regression model for genetic parameters estimation of race performance in young Spanish Trotter horses: Preliminary analysis

A total of 36212 racing performance data recorded between 1990 and 2006 from 2325 Trotter horses in Spain were studied by Random Regression Model (RRM), in order to estimate the genetic parameters for race performance in young horses (2-4 years old) of this breed by distances ranging between 1600-2750m. The pedigree of each horse was extended until the fourth generation, with a total of 9201 individuals. Racing time per kilometre over the trajectory of distances was the dependent variable. The hippodrome-date of race (405), sex (3: male, female and gelding) and a

second order Legendre polynomial were the fixed effects. The animals (9201), the driver (1007) and the permanent environmental effects due to repetitions of records from the same animals were incorporated as random with a Legendre polynomial of order 1 in the model. According to our results, the additive variance components and the heritability (h^2) decrease as race distance increase, (ranging between $h^2=0.32$ at 1600 m and $h^2=0.12$ at 2700 m). The genetic correlations between close distances were higher. With these results, it was possible to estimate the Breeding Value (BV) for all animals and all distances represented in the data set. A very high variability was estimated for the BV and important differences were detected in the form of responses of the horses along the trajectory of distances. The use of RRM is highly recommended in the breeding programs of racing performance of the Trotter horse in Spain.

Key words: Sportive competitions, Equine, Random regression, Breeding evaluation

Introducción

El Caballo Trotador Español es una raza criada y utilizada mayoritariamente en las Islas Baleares, donde participa en las carreras de trote que se celebran durante todo el año (Gómez et al., 2005). Por ello, el objetivo de su Programa de Selección y Mejora, aprobado en 2005, es "conseguir un animal capaz de destacar en las competiciones de trote en las que participe a nivel nacional e internacional, con una conformación que favorezca su funcionalidad y un temperamento que le haga ansiar la victoria" (<http://www.mapa.es/ganaderia/pags/equino/seleccion/trotador.pdf>).

El rendimiento deportivo de esta raza ya se ha valorado genéticamente mediante una metodología BLUP modelo animal (Gómez et al., 2007) utilizando el archivo histórico de datos deportivos de la Federación Balear de Trote, lo que ha dado lugar a la publicación del primer Catálogo de Reproductores de esta raza (Gómez et al., 2008). Sin embargo, para optimizar el proceso selectivo es necesario ofrecer más información que oriente sobre el sentido, los criterios y el momento óptimo para la selección de los individuos.

Los modelos de regresión aleatoria proporcionan estimas de las (co)varianzas menos sesgadas (Kirkpatrick et al., 1990), permi-

tiendo la estimación de estos parámetros entre clases o a determinadas clases con un menor número de parámetros (Bugislaus et al., 2006). Por ello, en este trabajo se ha abordado el desarrollo de un modelo de Regresión Aleatoria para el tiempo de carrera (tiempo por kilómetro) en animales jóvenes con el objetivo de analizar las variaciones genéticas de la velocidad en función de la distancia de carrera.

Material y métodos

Se han analizado 36.212 registros funcionales de carreras de trote de 2.325 caballos jóvenes (2-4 años) de la raza Trotador Español recopilados entre 1990-2006 por la Federación Balear de Trote, de los cuales el 52,6% son participaciones de machos, el 47,3% de hembras y el 0,1% de castrados. El pedigrí de cada animal controlado se ha completado hasta la cuarta generación conocida, generando una figura total de 9201 individuos.

La variable dependiente analizada ha sido la velocidad kilométrica (tiempo en recorrer un kilómetro, velocidad^{-1}) para cada una de las distancias entre 1.600 y 2.750 m. La concatenación de los factores hipódromo-fecha

de carrera (405 niveles) y el sexo (3 niveles: machos, hembra y castrado) se han incluido como efectos fijos en el modelo, al propio tiempo un polinomio de Legendre de orden 2 fue incorporado como efecto fijo. Los animales (9.201), el conductor (1.007) y los efectos ambientales permanentes, causados por los registros de las participaciones repetidas de un mismo animal en diferentes carreras, se han incorporado como variables aleatorias; en ambos casos un polinomio de Legendre de orden 1 fue aplicado. Todo el procesamiento se llevó a cabo con el software ASREML (Gilmour et al., 2000).

Resultados y discusión

Generalmente se han utilizado tres tipos de variables para la valoración de los trotadores: tiempo, clasificación y ganancias económicas (Langlois, 1984). El tiempo en recorrer

un kilómetro o velocidad kilométrica es un reflejo de la capacidad media de velocidad de un animal a lo largo de toda la carrera (Árnason, 2001), estando considerada la variable más importante en la selección (Bugislaus et al., 2005) por relacionarse con los objetivos establecidos (Bugislaus et al., 2006). En estudios anteriores, esta variable presentó una heredabilidad de 0,24 en esta raza (Gómez et al., 2007), estando dentro de los rangos establecidos por la bibliografía consultada para los trotadores europeos y americanos.

Según nuestros resultados, utilizando la metodología de regresión aleatoria, los componentes de la varianza aditiva (v_a) y el nivel de heredabilidad (h^2) disminuyen a medida que aumenta la distancia de la carrera (figura 1), obteniéndose los mayores niveles a las menores distancias ($v_a = 7,57$ y $h^2 = 0,32$ a los 1.600 m). Así mismo, las correlaciones genéticas entre las distintas distan-

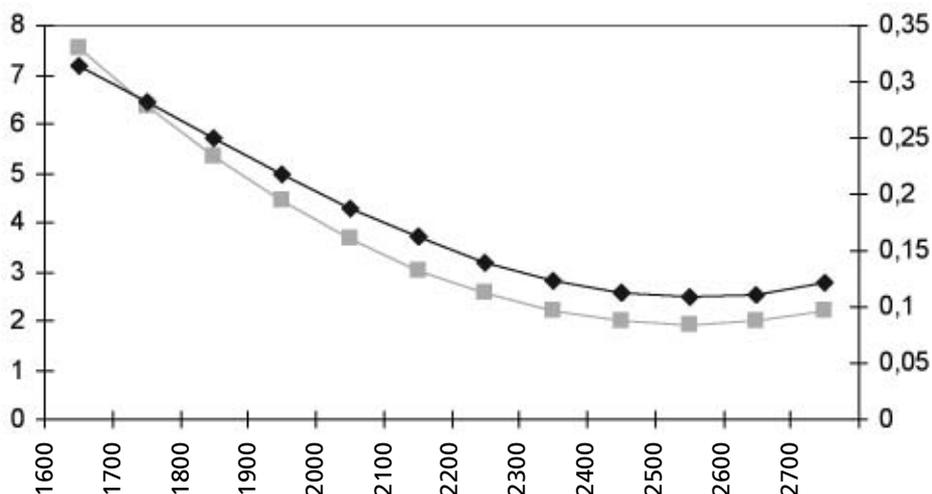


Figura 1. Representación de la varianza genética (\square) y la heredabilidad (\diamond) según la distancia utilizando la media kilométrica en Trotador Español.

Figure 1. Representation of genetic variance (\square) and heritability (\diamond) by distance, using racing time in Spanish Trotter horses.

cias analizadas (tabla 1) han sido muy variables, oscilando entre 0,16 y 0,99. Como cabría esperar, los valores obtenidos son más elevados cuanto más cercanas son las distancias (siendo máximas entre distancias adyacentes).

Con esta metodología se obtiene para cada animal una función de valores genéticos para todo el intervalo de distancias analizadas. Esto permite estimar los valores de cría (BV) de todos los animales para las distancias de 1.600 hasta los 2.750 m independien-

Tabla 1. Correlaciones genéticas entre las distancias analizadas usando la velocidad kilométrica en el Trotador Español

Table 1. Genetic correlations between distances analysed using racing time in Spanish Trotter Horses

Dist	1600	1700	1800	1900	2000	2100	2200	2300	2400	2500	2600	2700
1600		0,999	0,993	0,982	0,961	0,924	0,866	0,779	0,657	0,504	0,334	0,164
1700			0,998	0,991	0,974	0,943	0,891	0,811	0,696	0,549	0,383	0,216
1800				0,997	0,986	0,962	0,918	0,846	0,739	0,601	0,441	0,277
1900					0,996	0,980	0,945	0,883	0,788	0,659	0,507	0,348
2000						0,994	0,971	0,922	0,841	0,725	0,583	0,432
2100							0,991	0,959	0,895	0,796	0,669	0,528
2200								0,988	0,946	0,869	0,761	0,635
2300									0,985	0,935	0,852	0,747
2400										0,982	0,930	0,852
2500											0,982	0,935
2600												0,985

temente de que hayan o no participado en carreras de una de estas distancias. Analizando estas funciones se han detectado importantes diferencias en la forma de respuesta de los caballos en la trayectoria de la curva de distancias. En la figura 2, donde se ha representado la trayectoria de la curva de los valores de cría del mejor y el peor animal para 1.600 y 2.700 metros (menor y mayor distancia, respectivamente) se puede observar como presentan valores genéticos muy diferentes para la distancia comparativa que hemos fijado, pero sus valores genéticos son muy similares e incluso idénticos en

la distancia extrema. Según esto, en la selección de animales para trote es importante la distancia a la que se recogen los datos y la clase de distancia en la que queremos competir con los animales. Además, teniendo en cuenta la forma de la curva, en ambos casos se evidencia que existen diferentes tipos de animales, ya que algunos de ellos son genéticamente "estables" en las distintas distancias y otros presentan valores genéticos muy variables en función de la clase de distancia con la que estemos trabajando, lo cual determinará un rendimiento muy diferente según la distancia en la que participen.

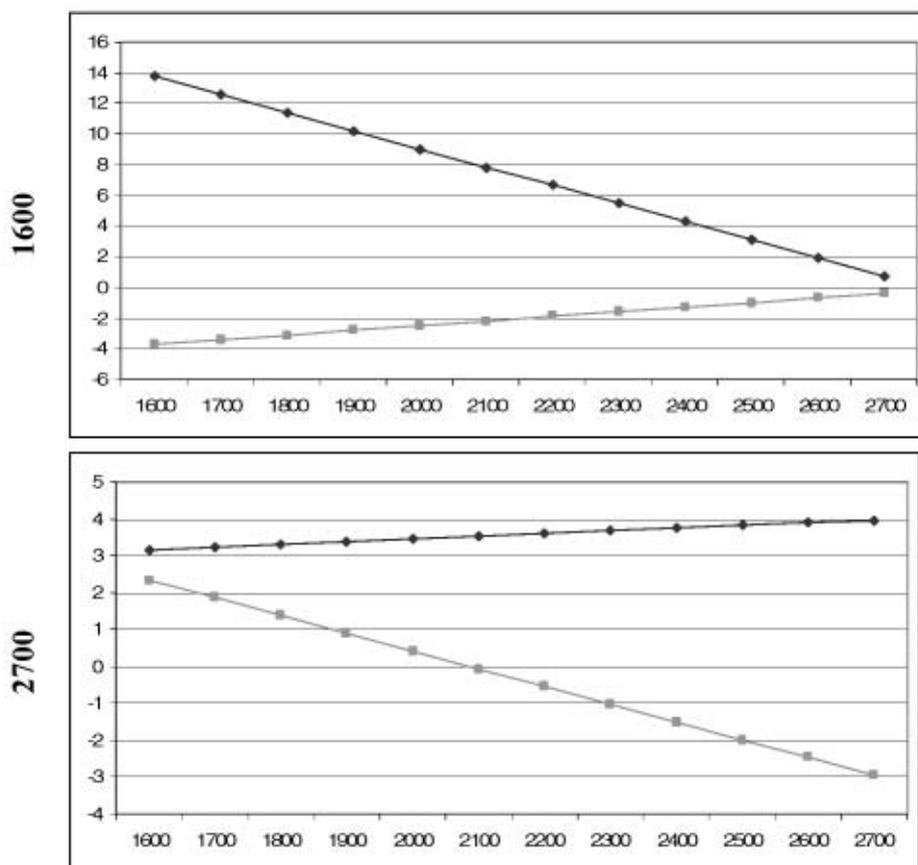


Figura 2. Representación gráfica de la curva de valores genéticos del mejor y peor animal para las distancias de 1.600 y 2.700 metros para la variable velocidad kilométrica en Trotador Español.
 Figure 2. Representation of curve of breeding values for better and worst animals in 1,600 and 2,700 metres for racing time in Spanish Trotter Horses.

Conclusión

Estos resultados muestran la utilidad de los modelos de regresión aleatoria en la estimación de los parámetros genéticos de la variable tiempo en carrera (velocidad kilométrica) según la distancia para caballos jóvenes de trote en España. Las variaciones detectadas en los niveles de heredabilidad nos permiten afirmar que va a existir una predisposición genética diferente para cada distancia y por lo tanto

que cabe esperar un rendimiento heterogéneo de los animales según la distancia a la que compitan. Este hecho es esencial a la hora de la selección precoz de los animales destinados a la competición y de los futuros reproductores en función del tipo de carrera en las que vayan a participar. Por otra parte, las elevadas correlaciones genéticas detectadas entre las distintas distancias evidencian que los valores de cría serán estimados con suficiente fiabilidad empleando estos modelos.

Agradecimientos

Los autores quieren agradecer su constante interés y su ayuda en la recogida de datos a la Asociación de Criadores y Propietarios de Caballos Trotadores. Así mismo, destacar la labor realizada durante años por la Federación Balear de Trote, sin la cual hoy en día no sería posible abordar la mejora genética de esta raza.

Bibliografía

Arnason T, 2001. Trends and asymptotic limits for racing speed in standardbred trotters. *Livest. Prod. Sci.* 72: 135-145.

Bugislaus AE, Roehe R, Kalm E, 2005. Comparison of two different statistical models considering individual races or racetracks for evaluation of German Trotters. *Livest. Prod. Sci.* 92: 69-76.

Bugislaus AE, Roehe R, Willms F, Kalm E, 2006. The use of a random regression model to account for change in racing speed of German trotters with increasing age. *J. Anim. Breed. Genet.* 123: 239-246.

Gómez MD, Moll P, Roca B, Azor PJ, Valera M, 2005. Sistemas de valoración genética del caballo trotador en Europa. *Medicina Militar* 61: 228-230.

Gómez MD, Cervantes I, Molina A, Moll P, Valera M, 2007. Genetic evaluation of Spanish Trotters' performance. 58th Annual meeting of the European Association of Animal Production, Dublin, Ireland, 26-29 August 2007.

Gómez MD, Valera M, Molina A, Medina C, Bartolomé E, Cervantes I, Carreras AJ, Moll P, 2008. Catálogo de Reproductores de Raza Trotador Español 2008. Ed. Asociación de Criadores y Propietarios de Caballos Trotadores (ASTROT). Palma de Mallorca. España.

Kirckpatrick M, Lofsvold D, Bulmer M, 1990. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. *Genetics* 124: 979-993.

Langlois B, 1984. L'heritabilité des performances chez le trotteur. *Une revue bibliographique. Ann. Génét. Sél. Anim.* 14: 399-422.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Evaluación genética para caracteres de valoración subjetiva en la raza Pirenaica

L. Varona, C. Moreno, J. Altarriba

Unidad de Genética Cuantitativa y Mejora Animal. Universidad de Zaragoza. 50013 Zaragoza

E-mail: lvarona@unizar.es

Resumen

Los esquemas de selección en las especies ganaderas utilizan una amplia variedad de caracteres. En algunos casos, los registros fenotípicos se obtienen a partir de una valoración subjetiva por parte de evaluadores expertos. Esta valoración implica una clasificación en una escala arbitraria, y, por este motivo, puede diferir considerablemente de la distribución Normal. Por otra parte, cada evaluador puede utilizar criterios de clasificación específicos, y diferentes de los otros evaluadores. En este trabajo se propone un modelo multi-umbral para el análisis de datos procedentes de valoraciones subjetivas. El modelo asume una escala observable diferente para cada evaluador o grupo de evaluadores, y una escala subyacente común. El modelo propuesto se ha aplicado a datos de conformación de la canal de la Raza Bovina Pirenaica procedentes del sistema de valoración SEUROP en 12 mataderos del País Vasco y Navarra.

Palabras clave: Modelo Umbral, Valoración Subjetiva, SEUROP, Conformación, Análisis Bayesiano

Summary

Genetic evaluation for subjective traits in the Pirenaica Breed

Selection programs in livestock populations made use of a wide variety of traits. Among them, phenotypic records for some traits are obtained by a subjective evaluation from a set of experts, like sensory, type, carcass or fat score traits. Data from subjective evaluation usually involves a classification under an arbitrary predefined scale. The output of this process can lead to strong departures from the Gaussian distribution. Moreover, different criteria can be achieved for each expert. In this study, we propose a Slaughterhouse Specific Ordered Category Threshold Model, that assumes a specific observable scale for each specialist, and a common subjacent scale. The procedure is applied to SEUROP conformation score data from the Pirenaica Beef Cattle Breed evaluated at 12 different slaughterhouses from the Basque Country and Navarre.

Key words: Threshold model, Subjective Evaluation, SEUROP, Conformation, Bayesian Analysis

Introducción

Los programas de mejora genética de las especies ganaderas utilizan una amplia variedad de caracteres. En algunos casos, los registros fenotípicos se obtienen a partir de una valoración subjetiva, como la valoración

lineal de los caracteres de tipo en vacuno lechero (Gengler *et al.*, 1999), las valoraciones de conformación de la canal o de cobertura grasa en vacuno de carne (Hickey *et al.*, 2007; Altarriba *et al.*, 2008), o en fenotipos procedentes de análisis sensorial (Kararnichou *et al.*, 2007).

Estas valoraciones subjetivas implican una categorización bajo una escala predefinida y arbitraria, y, como consecuencia, los datos procedentes de este proceso pueden presentar una fuerte divergencia frente a la distribución Normal. La alternativa habitual para el análisis de datos categóricos es el modelo umbral (Wright, 1934; Gianola, 1982), que asume una variable subyacente continua, bien Normal – modelo probit– o bien logística –modelo logit–. El modelo umbral asume que la transformación de la escala observable a la escala real se realiza a través de una serie de umbrales que determinan la asignación de cada valor de la escala subyacente a las distintas categorías de la escala real.

En el caso de las valoraciones subjetivas, cada evaluador puede utilizar diferentes regiones de la escala de valoración, o utilizar un rango más o menos amplio de valores. Por lo tanto, el proceso de categorización utilizado por cada evaluador puede ser específico. En este sentido, Varona y Hernandez (2006) propusieron un modelo multi-umbral para el tratamiento de datos de análisis sensorial, y mostraron que cada panelista utilizaba un patrón de valoración específico. El objetivo de este trabajo es desarrollar este modelo multi-umbral en el contexto de un modelo animal sobre datos de conformación de la canal en la Raza Bovina Pirenaica, obtenidos a partir del sistema SEUROP de valoración de canales.

Material y métodos

Datos

La base de datos utilizada en este análisis procede del sistema nacional de registro de canales (SIMOGAN). Se utilizaron 14031 datos de conformación de la canal proce-

dentos de 477 rebaños de la raza Pirenaica. La valoración de conformación de la canal se realiza de manera subjetiva y describe el desarrollo de algunos componentes esenciales en la canal. Bajo el sistema SEUROP de valoración se definen 6 clases, representadas con las letras S, E, U, R, O, P, en una escala que se incrementa desde P, la peor, hasta S, la mejor conformación (CEE 2930/21/1981). La regulación europea permite dividir cada una de las clases en tres categorías, así la categoría S se divide en S+, S y S-, en orden decreciente. Los animales fueron sacrificados entre los años 1999 y 2006 en 12 mataderos localizados en el País Vasco y Navarra. La descripción de la base de datos entre mataderos y categorías se presenta en la tabla 1. Además, para la ejecución del análisis se utilizó una genealogía de 34843 individuos proporcionados por la Confederación Nacional de Asociaciones de Ganado Pirenaico (CONASPI).

Análisis estadístico

El modelo de análisis fue un modelo umbral, pero se definió un grupo de umbrales particular para cada matadero ($t_{i1}, t_{i2}, t_{i3}, \dots, t_{ir}$), donde t_{ij} es el j -ésimo umbral para el i -ésimo matadero y r es el número de umbrales. La distribución condicional de los datos observados dada la variable subyacente y los umbrales es:

$$f(\mathbf{y}|\mathbf{L}, \mathbf{t}) = \prod_{i=1}^{NM} \prod_{j=1}^{n_i} f(y_{ij}|t_{ij}, \mathbf{t}_i)$$

$$f(y_{ij}|t_{ij}, \mathbf{t}_i) = 1(t_{ij} < t_{i1})1(y_{ij} = 1) + 1(t_{i1} < t_{ij} < t_{i2})$$

$$1(y_{ij} = 2) + \dots + 1(t_{ir} < t_{ij})1(y_{ij} = r + 1)$$

Donde NM es el número de mataderos, n_i es el número de datos en el i -ésimo matadero, y \mathbf{t}_i es el vector de umbrales en el i th matadero. El modelo asumido para el vector de variables subyacentes (\mathbf{L}) fue:

$$\mathbf{L} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Wp} + \mathbf{Zu} + \mathbf{e}$$

Tabla 1. Distribución de las observaciones del sistema SEUROP en los 12 mataderos analizados
 Table 1. Distribution of SEUROP conformation data on the 12 slaughterhouses

Val	Matadero												Total	
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12		
S	+	0	0	0	0	0	12	0	0	0	0	0	0	12
	=	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	-	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0	0	4
E	+	0	7	0	22	0	5	0	3	46	8	2	0	93
	=	0	0	0	1	1	0	0	0	53	0	0	0	55
	-	0	2	7	15	3	1	0	2	709	3	16	1	759
U	+	21	158	67	262	13	28	69	16	3089	162	229	20	4134
	=	0	4	52	55	4	5	0	1	3294	9	178	5	3607
	-	0	45	110	173	7	24	5	0	1911	26	459	19	2779
R	+	29	117	165	266	214	143	161	15	325	150	640	175	2400
	=	0	1	4	26	0	8	0	0	8	4	40	2	93
	-	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1
O	+	0	9	0	6	1	0	0	0	2	5	42	17	82
	=	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
P	+	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	9	12
	=	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	-	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
TOTAL		50	343	405	826	244	227	235	37	9443	367	1606	248	14031

donde \mathbf{b} es el vector de efecto sexo (2 niveles), \mathbf{p} es el vector de efectos rebaño-año-estación (477 niveles) y \mathbf{e} es un vector de residuos normales fijado arbitrariamente de media cero y varianza uno. Como distribuciones a-priori, se asumieron distribuciones multivariantes para \mathbf{p} and \mathbf{u} , y distribuciones uniformes acotadas para los efectos sistemáticos y los componentes de la varianza.

Las distribuciones marginales se calcularon utilizando un muestreo de Gibbs (Gelfand and Smith, 1990), con un paso de aumento de datos (Albert and Chib, 1993; Sorensen et al., 1995) para muestrear de las distribuciones predictivas de la variable subyacente. Se utili-

zó una única cadena de muestreo de Gibbs de 500000 iteraciones, tras descartar las primeras 25000 como periodo de quemado.

Resultados y discusión

Los resultados de las medias y desviaciones típicas de las distribuciones posteriores de los umbrales específicos para cada matadero se presentan en la tabla 2. La magnitud de todos los umbrales y de los efectos sistemáticos está condicionada a la definición arbitraria de la varianza residual en 1, y a la asunción del valor 0 para el umbral entre las

Tabla 2. Media y desviación típica posterior de los umbrales
 Table 2. Posterior mean and standard deviation of the threshold values

UMB	Matadero											
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
S+/S	-	-	-	-	-	4.18 (0.24)	-	-	-	-	-	-
S/S-	-	-	-	-	-	4.14 (0.24)	-	-	-	-	-	-
S-/E+	-	-	-	-	-	4.06 (0.24)	-	-	4.79 (0.23)	-	-	-
E+/E	-	4.01 (0.22)	-	3.90 (0.23)	-	3.81 (0.24)	-	3.27 (0.44)	3.91 (0.07)	3.76 (0.18)	5.44 (0.38)	-
E/E-	-	3.93 (0.22)	-	3.85 (0.23)	5.29 (0.55)	3.76 (0.25)	-	3.05 (0.42)	3.61 (0.06)	3.71 (0.17)	5.24 (0.36)	-
E-/U+	-	3.74 (0.21)	4.12 (0.31)	3.55 (0.23)	4.36 (0.35)	3.67 (0.25)	-	2.54 (0.36)	2.49 (0.04)	3.50 (0.16)	4.18 (0.25)	4.98 (0.52)
U+/U	2.62 (0.36)	1.37 (0.16)	2.55 (0.26)	1.91 (0.22)	3.33 (0.25)	2.85 (0.23)	2.22 (0.20)	1.13 (0.25)	1.04 (0.02)	1.23 (0.07)	2.59 (0.23)	3.13 (0.27)
U/U-	2.56 (0.35)	1.27 (0.16)	2.01 (0.26)	1.61 (0.22)	3.13 (0.24)	2.44 (0.23)	2.20 (0.20)	0.81 (0.25)	0	1.08 (0.07)	2.08 (0.24)	2.94 (0.26)
U-/R+	2.49 (0.36)	0.84 (0.16)	1.10 (0.26)	0.93 (0.22)	2.84 (0.23)	2.04 (0.22)	2.10 (0.20)	0.72 (0.25)	-1.34 (0.04)	0.84 (0.07)	1.12 (0.24)	2.45 (0.23)
R+/R	-	-1.02 (0.21)	-1.68 (0.34)	-0.89 (0.24)	-1.71 (0.30)	-0.70 (0.28)	-	-	-2.83 (0.10)	-1.34 (0.16)	-0.75 (0.24)	-0.30 (0.24)
R/R-	-	-1.11 (0.22)	-	-1.73 (0.28)	-1.82 (0.32)	-1.44 (0.35)	-	-	-3.20 (0.15)	-1.64 (0.18)	-1.10 (0.24)	-0.37 (0.24)
R-/O+	-	-1.17 (0.23)	-	-1.80 (0.29)	-1.95 (0.34)	-1.59 (0.37)	-	-	-3.34 (0.18)	-1.74 (0.20)	-1.12 (0.24)	-0.40 (0.24)
O+/O	-	-	-	-	-2.29 (0.39)	-1.79 (0.41)	-	-	-3.67 (0.25)	-	-	-1.06 (0.26)
O/O-	-	-	-	-	-2.52 (0.45)	-2.04 (0.46)	-	-	-3.87 (0.30)	-	-	-1.12 (0.27)
O-/P+	-	-	-	-	-2.82 (0.52)	-2.33 (0.52)	-	-	-4.09 (0.37)	-	-	-1.19 (0.27)

categorías U y U- en el matadero 9. Los resultados muestran la especificidad en la asignación de categorías en cada uno de los mataderos. En particular, este fenómeno se observa claramente entre las categorías U- y R+, donde, para el matadero 9, el umbral se sitúa en -1.34 (0.04), mientras para todos los demás mataderos se sitúa en valores posi-

vos. En general, los resultados de los umbrales son consistentes con las observaciones fenotípicas presentadas en la tabla 1, y, en este sentido, la heterogeneidad de criterio en la asignación en categorías es considerada por el modelo, mientras que los procedimientos habituales desprecian este fenómeno. Este hecho se corrobora con los resulta-

dos de comparación de modelos frente a un modelo lineal y a un modelo de datos categóricos con un único grupo de umbrales (resultados no mostrados), que definió claramente al modelo propuesto como el más plausible, tanto mediante el Deviance Information Criterion –DIC– (Spiegelhalter et al, 2002), como mediante el PseudoBayes Factor (Newton and Raftery, 1994).

El modelo proporciona también información acerca de los efectos sistemáticos. En la población analizada, la media posterior (desviación típica) del efecto atribuido a los machos fue de 1.16 (0.09) y el de las hembras fue 0.70 (0.10). El modelo no incluyó ningún efecto sistemático asignado a los mataderos, ya que las diferencias entre estos quedan absorbidas por la diferente localización de los umbrales. En este sentido, se observa cómo el matadero 9 proporciona valores inferiores al resto de los mataderos, de manera consistente con los datos fenotípicos presentados en la tabla 1.

La media posterior del porcentaje de varianza atribuida al efecto rebaño-año-estación fue de 0.27 con una desviación típica de 0.02. En cuanto a la heredabilidad la media posterior fue de 0.18, con una desviación típica posterior de 0.02. Los resultados de heredabilidad fueron inferiores a los obtenidos mediante un modelo lineal en la misma población (Altarriba et al, 2008).

El modelo propuesto considera la conformación como un carácter continuo que se expresa igualmente en todos los mataderos, y, por lo tanto, la variable subyacente es la misma en todos ellos, pero su transformación a la escala observable es dependiente del matadero. Algunas otras alternativas se pueden considerar en el futuro, como el análisis multicaracter, así como la consideración de variables difusas en la definición de las valoraciones subjetivas.

Agradecimientos

Los autores agradecen a la Confederación Nacional de Asociaciones de Ganado Pirenaica (CONASPI) por provisión de datos para este trabajo.

Bibliografía

- Albert JH, Chib S, 1993. Bayesian-analysis of binary and polychotomous response data. *J Am. Stat. Soc.*, 88, 669-79.
- Altarriba J, Yagüe G, Moreno C, Varona L, 2008. Exploring possibilities of the traceability data for genetic improvement (en preparación).
- CEE nº 2930/81. 1981. Community scale for the classification of carcass of adult bovine animals. Official publications of the European communities, L-2985 Luxemburg.
- Gelfand AE, Smith AFM, 1990. Sampling-based approaches to calculating marginal densities. *J. Am. Stat. Soc.*, 85, 398-409.
- Gengler N, Wiggans GR, Wright JR, 1999. Animal Model Genetic Evaluation of Type Traits for Five Dairy Cattle Breeds. *J. Dairy Sci.*, 82, 1350.
- Gianola D, 1982. Theory and analysis of threshold characters. *J Anim Sci*, 54, 1079-96.
- Hickey JM, Keane MG, Kenny DA, Cromie AR, Veerkamp RF, 2007. Genetic parameters for EUROP carcass traits within different groups of cattle in Ireland. *J. Anim. Sci.*, 85, 314-321.
- Kararnichou E, Richardson RI, Nute GR, Wood JD, Bishop SC, 2007. Genetic analyses of sensory characteristics and relationships with fatty acid composition in the meat from Scottish Blackface lambs. *Animal*, 10, 1524-1531.
- Newton MA, Raftery AE, 1994. Approximate Bayesian inference by the weighted likelihood bootstrap (with discussion). *J. Royal Stat. Soc. B.*, 56, 3-48.
- Sorensen DA, Andersen S, GianolaD, Korsgaard I, 1995. Bayesian Inference in threshold models

- using gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.*, 27, 229-49.
- Spiegelhalter DJ, Best NG, Carlin BP, Van der Linde A, 2002. Bayesian measures of model complexity and fit (with discussion). *J. Royal Stat. Soc. B.*, 64, 583-639.
- Varona L, Hernandez P, 2006. A multithreshold model for sensory analysis. *J. Food Sci.*, 71, 333-336.
- Wright S, 1934. An analysis of variability in number of digits in an inbred strain of guinea pigs. *Genetics*, 19, 506-36.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Influencia genética y de los aplomos sobre la longevidad de cerdas Duroc

X. Fernández de Sevilla*, E. Fàbrega*, J. Tibau*, J. Casellas**

* Control i Avaluació de Porcí, IRTA-Monells, 17121 Monells, España

** Genètica i Millora Animal, IRTA-Lleida, 25198 Lleida, Espanya.

E-mail: xsevilla@irta.cat

Resumen

Caracteres morfológicos como la conformación de los aplomos pueden tener un papel clave en la longevidad de las cerdas. Dentro de este contexto, se evaluó el efecto de los aplomos sobre la longevidad de 587 cerdas Duroc, analizándose tanto la supervivencia global de las cerdas (SG) como la supervivencia bajo tres causas de falla distintas (*competing risk*): muerte (BM), baja productividad (BP) y baja fertilidad (BF). La conformación global de los aplomos influyó ($p < 0,001$) la longevidad de las cerdas en los análisis SG, BP y BF, aumentando el riesgo de falla a medida que empeoraban los aplomos. El crecimiento anormal de las pezuñas ($p < 0,001$) y la presencia de golpes o bultos en las patas ($p < 0,05$) incrementaba el riesgo de falla en los análisis SG, BP y BF. Las cerdas plantígradas tenían un riesgo mayor de falla en los análisis SG ($p < 0,001$) y BP ($p < 0,05$), las cerdas con hiperextensión de las patas tenían un riesgo mayor en el análisis BF ($p < 0,05$), mientras que la presencia de pies abiertos aumentaba el riesgo de falla en el análisis SG ($p < 0,05$). Las estimaciones de heredabilidad para la longevidad de las cerdas fueron de 0,07 (análisis SG), 0,02 (análisis BP) y 0,08 (análisis BF).

Palabras clave: Análisis de supervivencia, Aplomos, Duroc, Longevidad

Summary

Effect of leg conformation of Duroc sow longevity

Morphologic traits such as leg conformation can play a key role on sow longevity. Within this context, the effect of leg conformation was evaluated on longevity data from 587 Duroc sows, longevity being characterized as overall longevity (OS) or sow failure due to death (DE), low productivity (LP) or low fertility (LF; competing risk analyses). Overall leg conformation score influenced ($P < 0.001$) sow longevity in OS, LP and LF analyses, impairing sow longevity when leg conformation got worse. Abnormal hoof growth ($P < 0.001$) and presence of bumps or injuries in legs ($P < 0.001$) increased the risk of failure in OS, LP and LF analyses. Plantigrade sows showed a higher culling risk in OS ($P < 0.001$) and LP ($P < 0.05$) analysis, sows with sickle-hooked leg had a higher culling risk in the LF analysis ($P < 0.05$), whereas splayed feet increased sow failure in the OS analysis ($P < 0.05$). Estimates of heritability for sow longevity were 0.07 (GS analysis), 0.02 (LP analysis) and 0.08 (LF analysis).

Key words: Duroc, Leg conformation, Longevity, Survival analysis

Introducción

Durante los últimos años, la longevidad de las cerdas ha sido motivo de estudio en múltiples trabajos, así como su relación con caracteres productivos (Yazdi et al., 2000; Tarrés et al., 2006b) y morfológicos (Tarrés et al., 2006a). Algunos de estos caracteres morfológicos (p.ej. aplomos), están relacionados genética (López-Serrano et al., 2000) y fenotípicamente (Tarrés et al., 2006a) con la longevidad de las cerdas, y por consiguiente pueden tener un efecto sustancial sobre las tasas de reposición. El objetivo de este estudio era evaluar la influencia de los aplomos (puntuación global y defectos específicos) sobre la longevidad de las cerdas de raza Duroc, utilizando técnicas de análisis de supervivencia. Aplicando la técnica de *competing risk*, la longevidad de las cerdas se ha caracterizado tanto desde un punto de vista global, como asociada específicamente a causas concretas de falla: muerte, baja productividad y baja fertilidad.

Material y Métodos

Datos de campo y evaluaciones morfológicas

En este estudio se han utilizado los datos productivos y de longevidad de 587 cerdas de raza pura Duroc. La longevidad se definió como el intervalo de tiempo entre la primera cubrición fértil y la eliminación o muerte (datos completos). En caso de que la cerda continuara en la explotación al finalizar la recogida de datos, el registro era tratado como censurado (COX, 1972). La evaluación morfológica de los aplomos se realizó en todas las cerdas siguiendo la metodología descrita por Fernández de Sevilla et al. (2008), al final del período de crecimiento y después del primer y segundo

partos. Se asignó una puntuación global de aplomos (0: mala conformación; 1: conformación regular; 2: buena conformación) así como se valoró la presencia de 6 defectos concretos. El efecto de la puntuación global (modelo General) y los 6 defectos específicos (modelo Específico) se analizaron separadamente en 2 modelos distintos con el objetivo de evitar la presencia de combinaciones lineales.

Análisis de supervivencia

Los datos fueron analizados mediante el modelo semi-paramétrico de riesgos proporcionales definido por COX (1972). Se analizó la supervivencia global de las cerdas (SG) y, en el caso de los modelos de *competing risk*, se analizaron separadamente las siguientes causas de falla: baja productividad (BP), baja fertilidad (BF) y muerte (BM; los registros correspondientes a cerdas que causaban baja por otra causa que la analizada se trataron como censurados). Estos modelos se ampliaron a un modelo padre de riesgos proporcionales con el objetivo de estimar el componente genético de la longevidad, excepto en el caso del modelo BM debido a la baja incidencia de registros no censurados.

Resultados

En el análisis SG, la razón de riesgo (RR) disminuía con la conformación global de los aplomos ($P < 0.001$; ver figura 1), siendo mínima en cerdas de buena conformación ($RR = 0,32$) y máxima en cerdas de mala conformación ($RR = 1,56$). Referente al modelo específico, se observó que la probabilidad de sobrevivir disminuía ante la presencia de un crecimiento anormal de las pezuñas ($RR = 1,28$; $P < 0,001$), pies abiertos ($RR = 2,08$; $P < 0,05$), plantigradismo ($RR = 3,38$; $P < 0,001$); y golpes o bultos en las extremidades ($RR = 3,57$; $P < 0,001$).

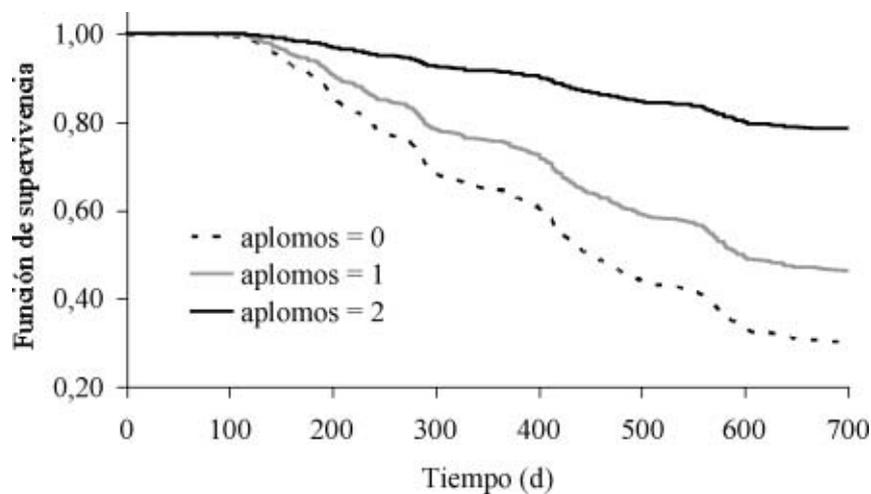


Figura 1. Probabilidad de supervivencia en función de la puntuación global de aplomos.
 Figure 1. Survival probability depending on the overall leg condition score.

En el caso de los análisis de *competing risk*, la conformación global tenía un efecto significativo sobre la longevidad de las cerdas en BP y BF ($P < 0.001$) pero no en el análisis BM ($P < 0.1$), mostrándose la misma tendencia observada para el modelo SG. Centrándonos en los modelos específicos, la supervivencia disminuía con la presencia de crecimiento anormal de las pezuñas (RR = 3,37 y 6,00; $P < 0,001$) y bultos o golpes en las extremidades (RR = 4,17 y 5,84; $P < 0,001$) en los análisis BP y BF. El plantigradismo sólo reducía la supervivencia en BP (RR = 1,93; $P < 0,05$), mientras que las extremidades en hiperextensión reducían la supervivencia en BF (RR = 3,60; $P < 0,05$).

El componente de varianza genética entre padres (σ^2) fue de 0,030, 0,010, y 0,035 para los análisis SG, BP y BF, respectivamente. Se obtuvieron estimaciones de heredabilidad en la escala binaria de 0,07, 0,02 y 0,08.

Discusión

La conformación global de aplomos mostró un efecto significativo en la longevidad de

las cerdas en el análisis SG, así como en los análisis BP y BF. Las cerdas con una mala conformación de aplomos pueden tener dificultades para acceder a recursos como la comida o el agua. Este hecho podría reducir su fertilidad y su capacidad de amamantar a los lechones. Varios autores (Tarrés et al., 2006a; Fernández de Sevilla et al., 2008) ya habían descrito una influencia de los aplomos sobre la longevidad de las cerdas. Al analizar los defectos concretos de conformación, el crecimiento anormal de las pezuñas así como la presencia de bultos o golpes en las extremidades aumentaba el riesgo de eliminación en tres de los cuatro análisis (SG, BP y BF). Estos defectos además de dificultar el acceso a los recursos tienen el agravante de ser fácilmente detectables por los granjeros. Por consiguiente, las cerdas que los padecen tienden a ser más susceptibles a la eliminación en caso de duda. Por otro lado, estos defectos pueden ser muy dolorosos para las cerdas, causando ansiedad y cuadros de estrés. El estrés provoca una depresión del sistema inmunitario y puede reducir la productividad, afectando la capacidad de la cerda para amamantar lechones (bajas por BP) y de quedar gestante

(bajas por BF). Además, se debe tener en cuenta que los problemas de movilidad pueden dificultar aún más el acceso a los recursos y a las manifestaciones de las conductas normales de las cerdas con la entrada en vigor de la directiva de la Unión Europea 2001/88/EC (de obligado cumplimiento a partir del 1 de enero de 2013), que obliga a los granjeros a mantener las cerdas en patios desde la cuarta semana de gestación y hasta una semana antes del parto. Estos resultados pueden ayudar a entender la relación entre la conformación de los aplomos con la productividad y fertilidad de las cerdas, así como sobre su longevidad y incluso su bienestar.

La heredabilidad estimada en el análisis SG y BF fueron claramente superiores a la estimada en el análisis de *competing risk* para BP. El hecho de que en BF la heredabilidad fuera superior que en BP reflejaría una mayor contribución genética sobre las variables de fertilidad. Las heredabilidades para la longevidad de las cerdas estimadas en este estudio son ligeramente inferiores a las descritas por otros autores (p.ej. López-Serrano *et al.*, 2000; 0,10). Aunque parece factible una mejora genética directa de la longevidad de las cerdas, la respuesta esperada sería presumiblemente pequeña. Aún así, la selección indirecta a través de la conformación de aplomos o defectos específicos podría ser de utilidad dadas las heredabilidades moderadas-altas descritas en algunos trabajos (Quintanilla *et al.*, 2006).

Agradecimientos

Los autores quieren agradecer la cooperación de la empresa Selección Batallé S.A.

Este estudio forma parte del proyecto de investigación Welfare Quality® (FOOD-CT-2004-506508) cofinanciado por la Comisión Europea.

Bibliografía

- Cox DR, 1972. Regression models and life tables (with discussion). *J. Royal Stat. Soc., Series B* 34, 187-220.
- Fernández de Sevilla X, Fàbrega E, Tibau J, Casellas J, 2008. Effect of leg conformation on survivability of Duroc, Landrace and Large White sows. *J. Anim. Sci.* En prensa.
- López-Serrano M, Reisch N, Looft H, Kalm E, 2000. Genetic correlations of growth, backfat thickness and exterior with stayability in Large White and Landrace sows. *Livest. Prod. Sci.*, 62, 121-131.
- Quintanilla R, Varona L, Noguera JL, 2006. Testing genetic determinism in rate of hoof growth in pigs using Bayes Factors. *Livest. Sci.*, 105, 50-56.
- Tarrés J, Bidanel JP, Hofer A, Rosendo A, Ducrocq V, 2006a. Analysis of longevity and exterior traits on Large White sows in Switzerland. *J. Anim. Sci.*, 84, 2914-24.
- Tarrés J, Tibau J, Piedrafita J, Fàbrega E, Reixach J, 2006b. Factors affecting longevity in maternal Duroc swine lines. *Livest. Prod. Sci.*, 100, 121-131.
- Yazdi MH, Rydhmer L, Ringmar-cederberg E, Lundenheim N, Johansson K, 2000. Genetic study of longevity in Swedish Landrace sows. *Livest. Prod. Sci.* 63, 255-264.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Efecto fenotipico del alelo BMP15/Fecx^R en la prolificidad de la población de CarnesOviaragon S.C.L.

J.J. Jurado*, A. Martínez-Royo**, J.H. Calvo**

* Dpto. de Mejora Genética Animal. INIA, Ctra. de la Coruña km 7,000. 28040 Madrid

** Dpto. de Producción Animal. CITA. Avda. de Montañana, 930. 50059 Zaragoza

E-mail: jurado@inia.es

Resumen

Recientemente se ha detectado e identificado un nuevo alelo del gen BMP15 que aumenta la prolificidad de las ovejas en raza Rasa-Aragonesa. Este gen ha recibido el nombre de FecX^R y ha sido hallado a partir del estudio de la base de datos de CarnesOviaragon SCL. Está situado en el cromosoma X de modo que los machos son hemicigóticos. Las hembras homocigóticas para el gen salvaje tienen prolificidad normal, las heterocigóticas son prolíficas y las homocigóticas para este alelo son estériles. Su efecto se estima en 0,32 corderos por oveja y parto. Del estudio de parámetros genéticos se deduce que este alelo explica una parte de la varianza genética quedando otra parte no explicada por el mismo.

Palabras clave: Prolificidad, Ovejas, Rasa-aragonesa, Genética, BMP15, FecX^R

Summary

Phenotypic effect of the BMP15/Fecx^R allele in prolificacy of the CarnesOviaragon S.C.L. population

A new allele of the gene BMP15 which increases the prolificacy of sheep has been recently detected and identified in the Rasa-aragonesa breed. This gene has been called FecX^R and has been found as a result of research on the Rasa-aragonesa data bank. It is located in the chromosome X, so that the males are hemicygotic. The homocytotic females for the wild gene have normal prolificacy, those heterocytotic are prolific and those homocytotic for this allele are sterile. Its effect is estimated to be 0,32 lambs per sheep and lamb. From the study of genetic parameters, it is concluded that this allele explains a part of the genetic variance, leaving another part yet to be explained.

Key words: Prolificacy, sheep, Rasa-aragonesa, genetic, BMP15, FecX^R

Introducción

Recientemente se ha señalado la detección e identificación de un nuevo alelo del gen BMP15 que consiste en una delección de 17 nucleótidos (Martinez-Royo *et al.*, 2008) que incrementa la prolificidad de ovejas en la raza Rasa-Aragonesa. En la secuencia proteica se observó que la delección supone un cambio en la pauta de lectura de la proteína

y la aparición de un codon de stop prematuro en la región de la preproteína. De esta forma, la interrupción de la síntesis proteica antes de la secuencia aminocídica que va a dar lugar a la proteína activa, tiene como consecuencia que no hay proteína funcional de BMP15 en el ovario. Aunque en el gen BMP15 se han detectado hasta la fecha 5 alelos, esta mutación no había sido descrita y por lo tanto se trata de un nuevo alelo del

gen. El nuevo alelo (denominado FecX^R) fue detectado a partir del análisis de la base de datos acumulado por el programa de selección genética que lleva a cabo la cooperativa CarnesOviaragon SCL. (Jurado *et al.*, 2007). El alelo ha sido denominado como ROA (Raso OviAragon) en el campo comercial.

El gen BMP15 esta situado en el cromosoma X. Los machos hemicogóticos para el alelo FecX^R presentan un fenotipo normal para características reproductivas y productivas, transmitiendo siempre a sus hijas el alelo con ventaja reproductiva. Las hembras homocigóticas para el alelo FecX^R son estériles, mientras que las heterocigóticas son más prolíficas que las homocigóticas para alelo salvaje, que tendrán una prolificidad acorde con la media la raza.

El propósito de este trabajo es presentar un primer estudio de los efectos de la presencia de dicho alelo en los rebaños de la población objeto del programa de selección genética de CarnesOviaragon. También se pretende averiguar si existe otras causas genéticas involucrada en la expresión de la prolificidad.

Material y métodos

La información utilizada ha sido la base de datos del control de producciones del programa de selección y los resultados del 15º Catálogo de reproductores de 2007. En la tabla 1 se presenta alguna cifras que permiten visualizar la magnitud de este programa de selección. Por núcleo de selección se entiende el conjunto de animales presentes en rebaños conectados. Un rebaño se considera conectado si tiene más de 10 hijas de tres machos diferentes. Las posibles madres de futuros sementales deben pertenecer a rebaños conectados, con fiabilidad mínima de un 40%, con calificación morfológica superior a 70 puntos y con un mínimo de tres partos.

El análisis estadístico para evaluar el efecto del gen se llevo a cabo asumiendo un modelo lineal que incluía como efectos fijos los mismos que se utilizan para la valoración genética añadiéndolo uno nuevo que clasifica a las ovejas según sea o no portadora del alelo es cuestión. El modelo sería

$$Y_{ijklmnp} = \mu + RAE_i + MC_j + IP_k + NP_l + G_m + U_n + \varepsilon_p + \varepsilon_{(ijklmnp)}$$

En donde:

$Y_{ijklmnp}$ es la prolificidad de la oveja n en el parto p .

μ es la media general de la población

RAE_i es el efecto de la interacción rebaño-año-mes del parto (9616 niveles)

MC_j es el efecto del modo de cubrición (6 niveles: sincronización sin IA, sincronización IA, monta natural, retorno tras sincronización sin IA, retorno tras sincronización con IA y desconocido).

IP_k es el intervalo entre partos (4 niveles: ovejas primer parto, intervalo corto < 90 días, intervalo medio 90-160 días e intervalo largo > 160 días).

NP_l es el efecto del número de partos (10 niveles: de 1 a 9 y 10 ó más).

G_m es el efecto de la presencia-ausencia del alelo FecX^R. (3 niveles: portadora con padre conocido, no portadora con padre conocido y no portadora con padre desconocido)

U_n es el valor genético de la oveja n .

ε_p es el efecto ambiental permanente de la medida p de la oveja n .

$\varepsilon_{(ijklmnp)}$ es el efecto residual.

En relación al nuevo efecto G, se declararon como portadoras del alelo aquellas ovejas que eran hijas de machos portadores. Los machos hemicogóticos para el alelo FecX^R se genotiparon siguiendo el protocolo descrito en Martínez-Royo *et al.*, (2008). En todos los

Tabla 1. Algunos parámetros reproductivos y número de animales con información en el 15º Catalogo de Reproductores de la raza Rasa Aragonesa

Table1. Some reproductive parameters and number of animals with information in 15th Catalogue of the Rasa Aragonesa Breed

Variable	N /Media
Número total de rebaños con datos de partos	178
Número de rebaño en activo (siguen en control de producción)	137
Número de rebaños en el núcleo (rebaños conectados)	89
Número de ovejas en rebaños del núcleo	121.134
Número de rebaños en la base de selección	1.363
Número total de ovejas en la base de selección	584.375
Número de ovejas vivas en el control	108.256
Numero de ovejas vivas en el núcleo	60.629
Numero de ovejas posibles madres de futuros sementales	25.523
Número de ovejas con valoración genética	192.558
Número de ovejas que son madres	36.635
Número de ovejas con madres conocidas	47.909
Número de sementales con valoración genética	117
Número de ovejas con padre conocido	6.098
Número de sementales vivos	25
Número de sementales declarados positivos	64
Número de sementales declarados negativos	53
Numero de inseminaciones en 2006	8.076
Numero de inseminaciones efectuadas entre 1994 y 2006	60.150
Fertilidad de la inseminación artificial (2006)	60,8%
Prolificidad en la inseminación artificial	1,64
Número de partos medio por ovejas	3,82
Número medio de sementales con hijas por rebaño	20,62
Número medio de hijas de IA por rebaño.	73,55
Número medio de hijas de IA por rebaño y por machos	3,38
Numero medio de hijas por macho	53,36
Prolificidad media de la población controlada	1,366

demás casos se asumió que las ovejas no eran portadoras. Dada la baja frecuencia del alelo en la población esta asunción nos parece razonable. En la tabla 2 se presentan el numero de machos portadores, numero de hijas y prolificidad de cada clase. El número de machos portadores presentes en el ultimo catalogo de sementales del programa de selección genética para prolificidad de CarnesOviaragon (Jurado, 2007) fue de cinco. El número total de ovejas con padre conocido fue de 6.090.

Este mismo modelo se utilizó para obtener una estima de la heredabilidad del carácter "prolificidad en un parto" en el caso de que los datos de las ovejas se corrigieran por el efecto de este alelo. Asimismo se utilizó para estimar la heredabilidad en el caso del modelo usado para obtener las predicciones genéticas.

Para llevar a cabo los análisis de estima de las componentes de varianza se utilizo el paquete estadístico VCE-5 de Kovač y Groe-

Tabla 2. Numero de animales y partos en los tres niveles del efecto G (presencia-ausencia del alelo FecX^R)

Table 2. Number of animals and number of lambs in the three levels of G factor (presence-absence of FecX^R allele)

Nivel del efecto G	Nº ovejas	Nº Partos	Nº Corderos	Prolificidad	VG
1. Ovejas portadoras Padre conocido	978	2.504	4.121	1,645	+0,211
2. Ovejas no portadora Padre conocido	5.112	20.332	28.896	1,421	-0,002
3. Ovejas no portadoras Padre desconocido	185.900	717.830	978.754	1,363	-0,014
TOTAL	191.990	740.666	1.011.771	1,366	0,013

neveld (2003) del que se obtuvo también la estima del efecto del alelo. Para calcular su error de estima se utilizó el paquete BLUP-AM de Jurado *et al.*, (1991). El error típico se consigue a partir del cálculo de la diagonal de la inversa del LHS de las ecuaciones del modelo mixto por el método de muestro de Gibbs descrito por García-Cortés (1995).

Resultados y discusión

En la tabla 3 se presenta los resultados obtenidos para los niveles del efecto G (presencia o ausencia del alelo).

De acuerdo con estos resultados se podría concluir que la presencia del alelo FecX^R aumenta la prolificidad media de las ovejas

de esta población en 0,32 corderos por oveja y parto. Dado el valor bajo obtenido para los otros dos niveles se pueden considerar iguales, lo que pondría de manifiesto que las ovejas declaradas como no portadoras, en general, no llevan efectivamente el gen. Este resultado concuerda bien con el cabría esperar de la simple comparación de la prolificidad media de las ovejas portadoras y no portadora (1,645 -1,363= 0,276). El valor genético medio de las ovejas portadoras para prolificidad es +0,21 frente a -0,014 de las declaradas no prolíficas (tabla 2).

En la tabla 4 presentamos las estimas de las componentes de varianza tanto para el modelo usado en la valoración como el que añade el efecto G. En cada caso se hicieron tres repeticiones comenzando las iteraciones en puntos diferentes y obteniéndose resulta-

Tabla 3. Estima del valor de los niveles del efecto G (presencia o ausencia del alelo FecX^R)
Table 3. Estimated values for levels of G effect (presence-absence of FecX^R allele)

Nivel del efecto G	Efecto del nivel
1. Ovejas portadoras	0.3243 ± 0,0448 ¹
2. Ovejas no portadoras. Padre conocido	-0,03117±0,0152 ¹
3. Ovejas no portadoras. Padre desconocido	0,0000

¹ Error típico calculado por BLUP-AM

Tabla 4. Componentes de varianza sumiendo un modelo que incluye el efecto del gen FecX^R y otro que no lo incluye

Table 4. Variance components in models including and not including the G effect

Componente	Modelo incluye explícitamente el efecto G	Modelo no incluye efecto G (Modelo de valoración genética)
σ^2_u/σ^2_p	0,0303±0,0015	0,0341±0,0013
$\sigma^2_{\varepsilon_p}/\sigma^2_p$	0,0407±0,0016	0,0372±0,0015
$\sigma^2_{\varepsilon}/\sigma^2_p$	0,9288±0,0006	0,9286±0,0007
σ^2_u	0,0073±0,0007	0,0083±0,0006
$\sigma^2_{\varepsilon_p}$	0,0077±0,0007	0,0090±0,0007
σ^2_{ε}	0,2256±0,0005	0,2256±0,0006
σ^2_p	0,2429	0,2430
Heredabilidad	0,0303±0,0015	0,0341±0,0013
Repetibilidad	0,0617±0,0031	0,0719±0,0028

dos muy similares. Del examen de dicha tabla se deduce unas estimas de los parámetros genéticos (h^2 y repetibilidad) de valores muy parecidos con independencia del modelo utilizado. La pequeña diferencia para la h^2 (0,0038) es diferente de cero al 2%. Cabría esperar que estos parámetros disminuyeran considerablemente dado el gran efecto del gen, pero debe tenerse en cuenta la baja frecuencia del alelo prolífico. Las ovejas declaradas portadoras sólo representan un 0,005% de todas las ovejas del control pero, no obstante, inducen un cierto cambio. En el caso de la repetibilidad la diferencia es de 0,0102 y es también distinta de cero al 2%.

Se puede comprobar que la presencia del efecto G en el modelo hace disminuir la varianza genética y la del efecto permanente mientras la varianza residual es la misma. Esto implica que la inclusión de forma explícita del efecto G (de origen exclusivamente genético) en el modelo hace disminuir tanto la h^2 como la repetibilidad. En la situación actual esta disminución es muy pequeña y cabe esperar que conforme la frecuencia del alelo aumente, disminuyan las estimas de los parámetros genéticos cuando el modelo incluye el efecto G. La razón por la cual tam-

bién cambia la repetibilidad podría ser que una parte de la varianza genética asociada al alelo se añade a la del efecto permanente y el modelo no puede separarlas por la escasa genealogía conocida. Así pues, parecería que, descontando el efecto G, existe varianza genética, lo que implicaría la existencia de otras causas de origen genético que influye en la prolificidad.

De lo expuesto antes cabe concluir:

- El efecto medio del alelo FecX^R es de 0,32 ± 0,045 corderos por oveja y parto.
- La varianza genética de la prolificidad en un parto disminuye cuando se incluye de forma explícita el efecto G en el modelo pues este efecto es de origen genético exclusivamente. Se podría esperar que aumente esta diferencia cuando lo haga la frecuencia del alelo en la población.
- La varianza del efecto permanente disminuye cuando se explicita el efecto G en el modelo, lo que indicaría que existe una cierta asociación del alelo con el animal que una genealogía escasa no puede separar.
- La heredabilidad del carácter prolificidad en un parto en esta población es de 0,0341 ±

0,0013. La heredabilidad no atribuible al alelo sería de $0,0303 \pm 0,0015$. Se concluye que han de existir otras causas genéticas que explican la prolificidad (poligenes u otros alelos del gen analizado).

Bibliografía

- García Cortés LA, Sorensen D, Moreno C, Varona L, Altarriba J, 1995. Cálculo de la inversa de la matriz de coeficientes de las ecuaciones de modelo mixto utilizando el muestreo de Gibbs y aplicaciones. Comunicación oral en VI Jornadas de Producción Animal, ITEA Vol. Extra 16, 263-265, Zaragoza.
- Jurado JJ, Calvo JH, 2007. ¿Un gen de gran efecto para prolificidad en raza Rasa-Aragonesa?. XII Jornadas sobre producción animal. Zaragoza. ITEA, 28, 504-506.
- Jurado JJ, 2007. XV Catalogo de reproductores de raza Rasa-Aragonesa. Junio de 2007.
- Jurado JJ, Hernandez D, Serrano M, 1991. Catalogo de software de interés en agricultura. Fundesco, IRYDA, MAPA, programa 248 BLUP-AM, pag 142.
- Kovač M, Groeneveld E, 2003. VCE-5 User's guide and reference manual. Version 5.1
- Martínez- Royo A, Jurado JJ, Smulders JP, Martí JI, Alabart JL, Roche A, Fantova E, Bodin L, Mulsant P, Serrano M, Folch J, Calvo JH, 2008. A Deletion in *Bone Morphogenetic Protein 15 Gene (BMP15)* causes sterility and increased prolificacy in Rasa-Aragonesa Sheep. Animal Genetics (aceptada para publicación el 13-1-2008).

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

¿Pueden usarse animales cruzados en selección genómica?

N. Ibáñez-Escriche*, R.L. Fernando**, J.C.M. Dekkers**

* Genética y Mejora Animal. IRTA, Lleida, 25191. Spain.

** Department of Animal science, Iowa State University, Ames, Iowa 50011

E-mail: Noelia.ibanez@irta.es

Resumen

La producción en poblaciones "puras" suele tener una baja reproducibilidad en sus descendientes "cruzados". La selección genómica podría utilizarse para evaluar poblaciones "puras" usando los datos de sus descendientes "cruzados". Sin embargo, en las poblaciones cruzadas quizás el desequilibrio de ligamiento (LD) no está restringido a marcadores estrechamente ligados al QTL y los efectos de los marcadores podrían ser específicos de cada población. Estos dos problemas podrían solucionarse utilizando un modelo con los alelos de los SNPs específicos para cada población. Para investigar esta idea usamos un modelo con los efectos de los genotipos de los SNPs (modelo 1) y otro modelo con los efectos de alelos de los SNPs específicos para cada población (modelo 2). Ambos modelos se utilizaron para predecir los valores genéticos de las poblaciones "puras" usando datos F_1 . Tres situaciones fueron simuladas, en las dos primeras se consideró que las dos poblaciones tenían un mismo origen con una diferencia de 50 y 550 generaciones, respectivamente. En la tercera situación se consideró que las dos poblaciones tenían orígenes distintos. En todos los casos las dos poblaciones generaron una población F_1 con un tamaño de 1.000 individuos. Los valores fenotípicos de la F_1 fueron simulados con una media de 12 QTL segregando y una heredabilidad de 0.3. En el análisis de la F_1 y la población "pura" de validación se escogieron 500 marcadores en segregación. Para estimar el efecto de los SNPs se utilizó el método Bayesiano llamado Bayes-B. La precisión media de los valores genéticos obtenida varió entre 0.789 y 0.718. Sin embargo, se observó que conforme las poblaciones estuvieron más alejadas la precisión disminuyó y el modelo 2 dio valores ligeramente superiores que el modelo 1. Estos resultados sugerirían que los animales cruzados pueden ser utilizados para evaluar poblaciones "puras". Además modelos con origen específico de población darían mejores resultados.

Palabras clave: Selección genómica, Evaluación genética, Animales cruzados, Valores genéticos.

Summary

¿Can crossbred animals be used for genomic selection?

Performance of purebred parents can be a poor predictor of performance of their crossbred descendants. However, in crossbred populations linkage disequilibrium may not be restricted to markers that are tightly linked to the QTL and the effects of SNPs may be breed specific. Both these problems can be addressed by using a model with breed-specific SNP effects. To investigate this idea, we used a model with effects of SNP genotypes (model 1) and a model with breed-specific effects of SNP alleles (model 2) to predict purebred breeding values using F_1 data. Three scenarios were considered. In the first two, pure breeds were assumed to have a common origin either 50 or 550 generations ago. In the third scenario, the two breeds did not have a common origin. In all these scenarios, the two breeds were used to generate an F_1 with 1,000 individuals. Trait phenotypic values controlled by 12 segregating QTL and with a heritability of 0.30 were simulated for the F_1 individuals. Further, 500 segregating markers on a chromosome of 1 Morgan were chosen for analysis in the F_1 s and in the validation population of purebred. A Bayesian method (Bayes-B) was used to estimate the SNP effects. The accuracy of the predictions was between 0.789 and 0.718. However, the accuracy was

lower when the populations were more separate and model 2 gave values slightly higher than model 1. These results suggest that crossbred data could be used to evaluate purebreds and breed specific models could give better results.

Key words: Genomic selection, Genetic evaluation, Crossbred, Breeding values

Introducción

Es bien conocido que la producción de las poblaciones "puras" tiene una baja reproducibilidad en las poblaciones "cruzadas" comerciales (Dekkers et al., 2007). Para resolver este problema se han desarrollado métodos de evaluación de poblaciones "puras" usando datos de sus descendientes cruzados (Lo et al., 1993, Lo et al., 1997). Asimismo, hay estudios que demuestran que estos métodos de evaluación podrían incrementar la respuesta a la selección respecto a los métodos clásicos (Bijma y Van Arendonk, 1998). Sin embargo, su implementación en los sistemas de producción ha sido escasa debido principalmente al coste y dificultad que supone la trazabilidad de los datos tanto productivos como genealógicos de las poblaciones comerciales (Dekkers et al., 2007). Por otro parte, en producción animal la selección genómica está tomando una mayor relevancia a medida que se dispone de una mayor información genómica (p.ej. mayor número de SNPs). La selección genómica predice los valores genéticos totales (GEBVs) dada una alta densidad de marcadores a lo largo de todo el genoma (Meuwissen et al., 2001). Este método tiene dos ventajas substanciales respecto a los métodos de evaluación clásicos como el BLUP (Henderson, 1973). Por una parte, no requiere de genealogía y, por otra, una vez estimados los efectos de los marcadores permite predecir el valor genético sobre varias generaciones sin utilizar sus valores fenotípicos. No obstante, el éxito de esta metodología depende fundamentalmente de la

precisión en la predicción de los GEBVs. Varios autores han estudiado la potencia de esta precisión usando simulaciones por ordenador (Meuwissen et al., 2001; Habier et al., 2007; Calus et al., 2008). Sin embargo, estos estudios siempre han estado focalizados en poblaciones "puras". Las principales razones de este hecho son dos: 1) en las poblaciones "cruzadas" el desequilibrio de ligamiento (LD) podría no estar restringido a marcadores estrechamente ligados al QTL (Zhao et al., 2003), y 2) los efectos de los marcadores podrían ser específicos para cada población. No obstante, ambos problemas podrían solucionarse utilizando un modelo con los alelos de los SNPs específicos para cada población. El objetivo de este estudio fue investigar esta idea, comparando dos modelos que permiten predecir los valores genéticos de la población "pura" usando datos F_1 . En el primer modelo solo se tuvo en cuenta los genotipos de los SNPs y en el segundo modelo los alelos de los SNPs fueron específicos para cada población.

Material y Métodos

Modelo estadístico

Modelo 1

$$y = 1\mu + \sum_k x_k B_k \delta_k + e, \quad (1)$$

Modelo 2

$$y = 1\mu + \sum_{k_l} x_{k_l} B_{k_l} \delta_{k_l} + e, \quad (j=1 \text{ o } 2, l=1,2) \quad (2)$$

donde y es el vector de los datos fenotípicos, μ es la media, x_k y x_{k1j} son, respectivamente, los vectores columna correspondientes a los genotipos de los marcadores en el locus k (modelo 1) y a los alelos l de los marcadores en el locus k y en la población j (modelo 2), B_k y B_{k1j} son los efectos del marcador y los efectos de sus alelos, σ_k y σ_{k1j} son las variables indicadoras 0/1 para cada uno de los modelos y e es el vector de los efectos residuales. En x_k , el marcador de un genotipo de un individuo se codifica como el número de copias que tiene un SNP de un alelo, que en este caso puede ser 0, 1, ó 2.

Para estudiar el efecto de los marcadores (SNP) en cada modelo usamos el método Bayes-B descrito por Meuwissen et al. (2001). En Bayes-B la distribución de los datos, dados los demás parámetros, es una normal con media 1μ y varianza $(X\sigma_B^2X'+I\sigma_e^2)$. X es la matriz que contiene los vectores x_k o x_{k1j} , $\sigma_B^2 = \text{diag}\{\sigma_{Bk}^2\}$ o $\text{diag}\{\sigma_{Bklj}^2\}$ (modelo 2), σ_B^2 con-

tiene las varianzas de los efectos de los marcadores o alelos en los cuales σ_k o $\sigma_{k1j} = 1$. Para todos los parámetros desconocidos se asumieron las mismas distribuciones *a priori* que Meuwissen et al. (2001) en Bayes-B. Al igual que estos autores, la probabilidad de *prior* de que σ_{Bk}^2 ó σ_{Bklj}^2 no sea cero es la esperanza de la proporción de los QTL segregando del número total de QTL que están en el genoma. Nótese que cuando la σ_{Bk}^2 ó $\sigma_{Bklj}^2 = 0$ ($l =$ alelo 1, 2) en una iteración, σ_k o $\sigma_{k1j} = 0$ y el marcador o alelo (modelo 2) de ese locus no se incluye en esa iteración. Más detalles pueden encontrarse en Meuwissen et al. (2001).

Simulación

Tres situaciones diferentes, con similar estructura, fueron simuladas en este estudio (figura 1). En las dos primeras se asumió que las poblaciones A y B provenían de un ori-

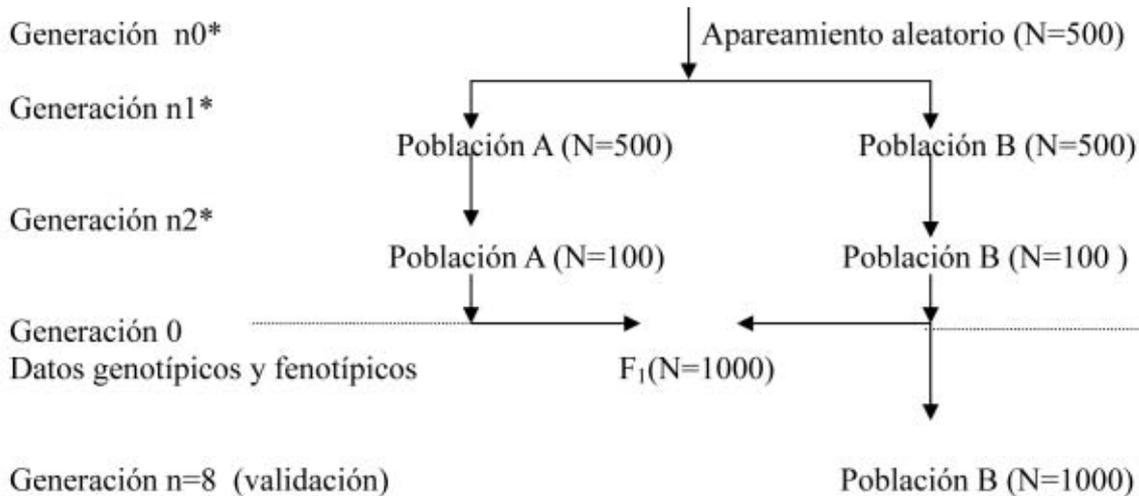


Figura 1. Simulación de las poblaciones.
Figure 1. Simulated populations.

* Situación 1: generación de separación de poblaciones y reducción n0= -1050, n1= n2= -50. Situación 2: n0= -1050, n1= -550, n2= -50. Situación 3: poblaciones (A, B) totalmente separadas n0= 0, n1= -1050, n2= -50.

gen común, con una diferencia de 50 y 550 generaciones de distancia, respectivamente. En la tercera situación se consideraron poblaciones con diferentes orígenes. En los tres casos, las poblaciones A y B fueron usadas para generar 1.000 individuos F_1 , donde se simularon individuos con valores fenotípicos controlados por una media de 12 QTL y una heredabilidad de 0.3. Además, para el análisis de la población F_1 y la de validación (figura 1), se simuló un solo cromosoma de donde se escogieron 500 marcadores segregando en 1 Morgan. Para la estimación de los GEBVs, dados los marcadores y valores fenotípicos, se utilizó la población F_1 , mientras que la población B se consideró para validar la precisión de los GEBVs y comparar los dos modelos. El criterio para comparar ambos modelos fue la correlación entre el verdadero valor genético y el estimado en la población B con 8 generaciones de distancia de la población F_1 . Esta correlación fue también definida como la precisión de los valores genéticos estimados. En todas las simulaciones se utilizó una distribución *gamma* para muestrear los efectos de los QTL bialélicos y una distribución *Bernoulli* con frecuencia 0.5 para sus alelos. En todas las generaciones se consideró una tasa de mutación de 0.000025. Las recombinaciones a lo largo del cromosoma fueron modeladas de acuerdo a una función binomial de mapeo.

Resultados y discusión

Los resultados del estudio corresponden a 20 réplicas. Para estimar los parámetros desconocidos de cada modelo, en cada réplica, se utilizó Bayes-B con una cadena de MCM de 10.000 iteraciones y un período de quemado de 1.000.

La tabla 1 muestra la precisión de los GEBVs estimados para la población B en las tres situaciones simuladas, así como la diferencia de precisión entre el modelo 2 y modelo 1. La precisión media obtenida varía entre 0.789 y 0.718, siendo similar a la obtenida en otros trabajos donde los animales de la población pura eran los utilizados para estimar los efectos de los marcadores (Meuwissen et al., 2003; Habier et al., 2007). Como se puede observar, conforme las poblaciones están más distanciadas la precisión es menor en ambos modelos. Esto podría deberse a que conforme las poblaciones están más alejadas su patrón de LD difiere en mayor medida, por lo que una mayor distancia entre poblaciones afectaría a la precisión de los GEBVs. Otro resultado relevante de este estudio (tabla 1) es que conforme las poblaciones están más alejadas (situación 2 y 3) el modelo 2 da una mayor precisión media que el modelo 1. Sin embargo, aunque la diferencia entre modelos es significativa, su relevancia es menor de la esperada dada la

Tabla 1. Precisión de los GEBVs para la población B de validación y la diferencia de precisión entre el modelo 2 y 1 (500 SNPs y ~ 12 QTL segregando)

Table 1. Accuracies of GEBVs for the validation population B and the difference of accuracy between model 2 and model 1 (500 SNPs and ~ 12 QTL segregating)

	Situación 1		Situación 2		Situación 3	
	Media	S.E	Media	S.E	Media	S.E
Modelo 1	0.778	0.014	0.723	0.047	0.718	0.034
Modelo 2	0.789	0.018	0.764	0.036	0.733	0.033
Diferencia	0.011	0.010	0.041	0.017	0.015	0.008

similitud de los valores en los dos modelos. Una de las posibles explicaciones de este hecho sería que, cuando las poblaciones están muy alejadas, gran parte de los marcadores que están segregando en la población F_1 se encuentran fijados en una de las poblaciones "puras", por lo que en estos casos los modelos 1 y 2 serían equivalentes.

Los resultados obtenidos en este estudio indicarían que los animales cruzados pueden ser utilizados para evaluar poblaciones "puras". Además, modelos con origen específico de población darían mejores resultados. Sin embargo estos resultados son preliminares y están basados en un modelo meramente aditivo y en una población F_1 . Sería interesante extender estas simulaciones a diferentes poblaciones (p.ej. F_2) y con modelos donde se tenga en cuenta los efectos dominantes.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido realizado durante la estancia de investigación de la Dra. Noelia Ibáñez-Escriche en el *Department of Animal Science, Iowa State University (USA)* financiada por el Ministerio de Educación y Ciencia a través del programa José Castillejo (JC2007-00169).

Bibliografía

Bijma P, van Arendonk JAM, 1998. Maximizing genetic gain for the sire line of a crossbreeding

scheme utilizing both purebred and crossbred information. *J. Anim. Sci.*, 66, 529-542.

Calus MPL, Meuwissen THE, de Roos APW, Veerkamp RF, 2008. Accuracy of Genomic Selection Using Different Methods to Define Haplotypes. *Genetics*, 178, 553-561.

Dekkers JCM, 2007. Marker-assisted selection for commercial crossbred performance. *J. Anim. Sci.*, 85, 2104-2114.

Habier D, Fernando RL, Dekkers JCM, 2007. The impact of Genetic Relationship on Genome-Assisted Breeding Values. *Genetics*, 117, 2389-2397.

Henderson CR, 1973. Sire evaluation and genetic trends. In: *Animal breeding and genetics symposium in Honor of Dr. Jay L. Lush*, Champaign, IL. p 10-41.

Lo LL, Fernando RL, Grossman M, 1993. Covariance between relatives in multibreed populations - additive-model. *Theor. Appl. Genet.*, 87, 423-430.

Lo LL, Fernando RL, Grossman M, 1997. Genetic evaluation by blup in two-breed terminal crossbreeding systems under dominance. *J. Anim. Sci.*, 75, 2877-2884.

Meuwissen THE, Hayes BJ, Goddard ME, 2001. Prediction of Total Genetic Values Using Genome-Wide Dense Markers Maps. *Genetics*, 157, 1819-1829.

Zhao H, Nettleton D, Soller M, Dekkers JCM. 2005. Evaluation of linkage disequilibrium measures between multi-allelic markers as predictors of linkage disequilibrium between markers and QTL. *Genet. Res.*, 86, 77-87.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Interacción genotipo x tipo de dosis de inseminación artificial para la fertilidad del macho de conejo

M. Piles*, Ll. Tusell*, M. García-Tomás*, M. López-Bejar***, I. García-Ispuerto***, J. Ramon*, O. Rafel*, M. Baselga**

* Unitat de Cunicultura, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries, Torre Marimon s/n, 08182, Caldes de Montbuí, Barcelona, Spain

** Instituto de Ciencia y Tecnología Animal, Universidad Politécnica de Valencia, 46071, Valencia, Spain

*** Departament de Sanitat i Anatomia Animals, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Barcelona, Spain

E-mail: miriam.piles@irta.es

Resumen

El objetivo de este trabajo fue estimar los parámetros genéticos de la fertilidad tras la IA con 3 tipos de dosis obtenidas de eyaculados de machos de la línea Caldes: 1) tipo **10**: con 10×10^6 espermatozoides/ml y 24h de conservación en un diluyente comercial tipo A. 2) tipo **40**: con 40×10^6 espermatozoides/ml y las mismas condiciones de conservación que las del tipo 10. 3) tipo **X**: dosis preparadas tras diluir los eyaculados con un diluyente comercial tipo B (1:5) siendo desconocida la concentración y sin periodo de conservación. Se realizaron 3,628 IA con dosis del tipo 10 sobre hembras cruzadas, 3,027 con dosis del tipo 40 y la misma población de hembras, y 5,779 con dosis del tipo X sobre hembras puras de la línea Caldes. La fertilidad tras la IA con dosis del tipo 10 (F_{10}), 40 (F_{40}) y X (F_X) fue considerada un carácter distinto en cada caso, de tipo binario. Los datos se analizaron utilizando un modelo umbral tri-carácter. La estima de la media de la distribución marginal posterior (DMP) de F_{10} menos F_{40} fue de -0.13. Este resultado indica un claro efecto de la concentración sobre la fertilidad, que podría no ser lineal. Las medias de la DMP de F_{10} menos F_X y F_{40} menos F_X fueron -0.37 y -0.23, respectivamente, lo que indica que el efecto de las condiciones de conservación sobre la fertilidad podría ser más importante que el de la concentración ya que F_X fue muy próxima a la fertilidad tras la MN y la concentración del tipo de dosis X sería en promedio de unos 50×10^6 espermatozoides/ml. Las heredabilidades parecen ser similares para F_{10} y F_{40} y ambas mayores que las correspondientes a la fertilidad tras la MN y a F_X . La interacción del genotipo x concentración de la dosis de IA es prácticamente despreciable debido a que las varianzas genéticas fueron similares para F_{10} y F_{40} y a que su correlación genética fue próxima a 1. Sin embargo, la interacción podría ser de mayor importancia entre el genotipo y las condiciones de conservación.

Palabras clave: Componentes de varianza, Conejo, Efectos del macho, Interacción genotipo x medio, Fertilidad

Summary

Genotype x dose of artificial insemination interaction for buck fertility

The aim of this research was to estimate genetic parameters of male fertility after AI with three different types of AI doses obtained from ejaculates of bucks belonging to the Caldes line: 1) type **10**: doses with 10×10^6 spermatozoa/ml and a period of 24 h of storage at 18°C in a saline extender A. 2) type **40**: doses with 40×10^6 spermatozoa/ml and the same storage conditions as type 10. 3) type **X**, doses prepared with semen diluted (1:5) with a saline extender B, but with unknown sperm dosage and no storage period. 3,628 AI were performed with the type 10 doses using crossbred females, 3,027 with the type 40 doses and the same population of females, and 5,779 with the type X doses, using purebred

females from the Caldes line in a different farm. Fertility after AI with type 10 doses (F_{10}), type 40 doses (F_{40}) and type X doses (F_X) was considered as three different binary traits. Data were analyzed under a three-trait threshold model. The mean of the marginal posterior distribution (MPD) for F_{10} minus F_{40} was estimated to be -0.13. This result indicates a clear effect of the sperm dosage on fertility, which could be non-linear. The mean of the MPD of F_{10} minus F_X and F_{40} minus F_X were respectively, -0.37 and -0.23 which indicates that the effect of the storage conditions on fertility could be even more important on fertility than sperm dosage, since F_X was very close to fertility after NM and sperm dosage of this type of doses was in average lower than 50×10^6 spermatozoa/ml. Heritabilities seem to be similar for F_{10} and F_{40} and both of them could be higher than heritability of male fertility after NM and F_X . Variance of the genotype x sperm dosage interaction was almost negligible since additive variances were similar for F_{10} and F_{40} and their genetic correlation was close to 1. However, this interaction could be more important between the genotype and the storage conditions.

Key words: Artificial insemination, Fertility, Genotype x sperm dosage interaction, Male effects, Rabbit

Introducción

En diversos estudios se ha podido comprobar que fallos en la fertilización o en el proceso de embriogénesis son en parte de origen seminal (SAACHE y col., 2000). Sin embargo, PILES y col. (2005) estimaron los componentes de varianza de la fertilidad tras la monta natural (MN), definida como éxito o fracaso a la cubrición, y demostraron que existía variación genética y ambiental debida a la hembra, pero que ésta era prácticamente despreciable en el caso del macho de conejo. Cuando se utiliza la inseminación artificial (IA), la fertilidad depende de la calidad y del número de espermatozoides de la dosis (Colebrander *et al.*, 2003) y se distingue entre dos grupos de características seminales: 1) compensables, aquellas que dan lugar a diferencias en fertilidad entre machos que desaparecen cuando se utilizan elevadas concentraciones de espermatozoides en las dosis y que son debidas a deficiencias en el semen que impiden el acceso o la penetración del espermatozoide al óvulo; 2) no compensables, aquellas que dan lugar a diferencias en fertilidad entre machos independientes del número de espermatozoides en la dosis, pues están relacionados con la incapacidad del

espermatozoide para mantener el proceso de fertilización o posterior embriogénesis (Saacke *et al.*, 2000). Es por ello que, la variación individual de la fertilidad del macho podría ser mejor observada en las condiciones de IA que en las de MN, especialmente si ésta se realiza en condiciones limitantes como baja concentración de espermatozoides de la dosis, pequeña o nula preselección de los eyaculados en función de las características de calidad seminal o un prolongado periodo de conservación. Bajo esta hipótesis, el objetivo de este trabajo fue estimar los componentes de varianza de la fertilidad del macho y de la hembra después de la IA practicada en diferentes condiciones de concentración y conservación de las dosis, consideradas como caracteres diferentes, y estimar la varianza de la interacción entre el genotipo y el tipo de dosis de IA para conocer si existe variación genética individual del efecto del tipo de dosis.

Material y métodos

Los machos procedían de la línea Caldes, seleccionada por velocidad de crecimiento durante el periodo de engorde. Éstos se

encontraban alojados en jaulas individuales en la granja experimental situada en Caldes de Montbui (Barcelona), con un régimen de iluminación de 16 hrs luz/día. Los machos de IA comenzaban el periodo de entrenamiento a la vagina artificial a los 4,5 meses de vida. Durante un periodo de dos semanas se recogía 1 eyaculado / macho y semana y posteriormente dos eyaculados / macho y semana. Las hembras pertenecían a dos grupos: 1) hembras procedentes de la línea Caldes alojadas en la misma granja experimental que los machos y 2) hembras cruzadas Prat x V, alojadas en una granja comercial. En ambos casos las hembras seguían un ritmo reproductivo semi-intensivo, es decir, la primera cubrición se realizaba a los 4 meses y medio de vida y, los ciclos reproductivos posteriores eran de 42 días. Las inseminaciones se realizaron utilizando dosis preparadas en el laboratorio situado junto a la granja donde se encontraban los animales de la línea Caldes. Se recogían dos eyaculados por macho mediante vagina artificial, con un intervalo de 30 min entre recogidas. Estos se mantenían en un baño seco a 37 °C antes de ser evaluados, no más tarde de 15 minutos tras su obtención. Los eyaculados que contenían orina o depósitos de carbonato cálcico eran eliminados y en el caso de que hubiese presencia de gel, éste era eliminado del eyaculado. Posteriormente el semen de ambos eyaculados era mezclado junto con un diluyente comercial. Se utilizaron 3 tipos de dosis en función de la concentración, tipo de diluyente y tiempo de conservación antes de su aplicación: 1) Dosis de concentración conocida, con un periodo de conservación de 24 hrs. Tras la obtención de los eyaculados la motilidad individual era medida en una escala subjetiva de 0 a 5 (ROCA y col., 2000) y se eliminaban aquellos cuyo valor era < 2. Después eran diluidos (1:2) en un diluyente comercial sólido (Cunigel, IMV Technologies) y la concentración de espermatozoides medida utilizando Nucleocoun-

ter SP-100". El *pool* de cada macho era dividido en dos partes y diluido hasta alcanzar la concentración de 10×10^6 espermatozoides/ml (tipo **10**) y 40×10^6 espermatozoides/ml (tipo **40**), correspondiendo este último valor a la concentración utilizada a nivel comercial con semen de esta línea, que da lugar a tasas de fertilidad del 75-80 %, en dosis heteroespéricas. Las dosis seminales eran almacenadas en cánulas con 0.5 ml de semen diluido a 18°C, hasta su uso sobre hembras Prat x V en una granja comercial situada en Montmajor (Barcelona). 2) Dosis de concentración desconocida sin ningún periodo de conservación (tipo **X**). El semen era diluido a razón de 1:5 partes con un diluyente comercial líquido (Galap). No se practicaba ninguna evaluación de las características seminales. Las inseminaciones se realizaron sobre hembras de la línea Caldes con 0.5 ml del semen diluido inmediatamente después de la preparación de las dosis. Las hembras, de ambos tipos, eran tratadas con una aplicación subcutánea de 12-15 IU of eCG (FolligonR, Intervet, Holanda) para la inducción al estro 48h antes de la IA. La ovulación era inmediatamente inducida después de la IA por medio de la inyección intramuscular de 0.02 mg de gonadorelina (Fertagyl, Intervet internacional B.V. Booxmeer, Holanda). El diagnóstico de gestación se realizaba por palpación abdominal 14 días después de la IA. Se dispuso de un total de 12,434 datos de fertilidad: 5,779 como resultado de la IA con dosis del tipo X (**F_X**), 3,628 como resultado de la IA con dosis del tipo 10 (**F₁₀**) y 3,027 datos como resultado de la IA con dosis del tipo 40 (**F₄₀**). Los datos correspondían a 496 machos (246 produjeron dosis del tipo X y 250 produjeron dosis de los tipos 10 y 40), 2,194 hembras de la línea Caldes, y 2,527 hembras cruzadas. Los machos estaban genéticamente relacionados. El pedigrí, referido a los machos, incluía 1,125 individuos.

Los resultados de la IA tras la palpación (gestante = 1; no gestante = 0) utilizando los tres tipos de dosis seminales fueron considerados caracteres diferentes, de tipo binario. Éstos se analizaron mediante un modelo umbral tri-carácter, utilizando un modelo mixto para la variable subyacente (*l*). En notación matricial, el modelo empleado fue: $l = X\beta + Z_1u_m + Z_2p_m + Z_3p_f + Z_4p_{md} + e$

Donde β es el vector de efectos sistemáticos, u_m es el vector de efectos genéticos aditivos de macho, p_m y p_f son los vectores de efectos ambientales permanentes de macho y de hembra, p_{md} es el vector de efectos ambientales permanentes resultantes de la combinación de macho y día de inseminación, e es el vector de residuos aleatorios y X, Z_1, Z_2, Z_3 y Z_4 son matrices de incidencia que relacionan la variable subyacente con los efectos sistemáticos, genéticos y ambientales de tipo permanente. Los efectos sistemáticos incluidos en el modelo fueron: i) el estado fisiológico de la hembra (phs), con 3 niveles: 1 para hembras nulíparas, 2 para hembras multíparas lactantes en el momento de la cubrición, y 3 para hembras multíparas no lactantes el día de cubrición; ii) el año-estación (ae), definido en intervalos de 3 meses desde junio de 2003 hasta diciembre de 2,007 en el caso de F_x (19 niveles) y de 14 días desde noviembre de 2,006 hasta julio de 2,007 en el caso de F_{10} y F_{40} (19 niveles).

Dados β, u_m, u_f, p_m y p_f , los elementos del vector l son condicionalmente independientes y se distribuyen como:

$$l | \beta, u_m, u_f, p_m, p_f, R \sim N(X\beta + Z_1u_m + Z_2p_m + Z_3p_f + Z_4p_{md}, I \otimes R)$$

siendo $R = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$ la matriz de varianzas-

covarianzas. El umbral y las varianzas residuales fueron fijados a 0 y 1 respectivamente. Las observaciones (éxito o fracaso a la

cubrición) son condicionalmente independientes dados los parámetros del modelo, de manera que la distribución condicional de los datos dados los parámetros se puede escribir, siguiendo a Sorensen et al. (1995), como:

$$p(y | \beta, u_m, p_m, p_f, p_{md}, l, G) = \prod_{i=1}^n \{p(l_i > 0)I(y_i = 1) + p(l_i \leq 0)I(y_i = 0)\}$$

donde $y = \{y_i\}$ ($i=1,2,\dots,n$) denota el vector de observaciones y $I(y_i = j)$ es una función indicadora que toma el valor de 1 si la respuesta pertenece a la categoría j y 0 en caso contrario. Se adoptó la metodología bayesiana para la inferencia. La distribución posterior conjunta de todos los parámetros fue:

$$p(\beta, u_m, p_m, p_f, p_{md}, l, G, P_m, P_f, P_{md} | y) \propto p(l | \beta, u_m, p_m, p_f, p_{md}) \times p(u_m | G) \times p(G) \times p(p_m | P_m) \times p(P_m) \times p(p_f | P_f) \times p(P_f) \times p(p_{md} | P_{md}) \times p(P_{md}) \times p \prod_{i=1}^n \{p(l_i > 0)I(y_i = 1) + p(l_i \leq 0)I(y_i = 0)\}$$

Siendo G la matriz simétrica de componentes de (co)varianza genéticos aditivos y P_m y P_f son las matrices de (co)varianzas de efectos ambientales permanentes de macho y de hembra, respectivamente:

$$G = \begin{bmatrix} \sigma_{u_m,11}^2 & \sigma_{u_m,12} & \sigma_{u_m,13} \\ \sigma_{u_m,12} & \sigma_{u_m,22}^2 & \sigma_{u_m,23} \\ \sigma_{u_m,13} & \sigma_{u_m,23} & \sigma_{u_m,33}^2 \end{bmatrix};$$

$$P_m = \begin{bmatrix} \sigma_{p_m,11}^2 & \sigma_{p_m,12} & 0 \\ \sigma_{p_m,12} & \sigma_{p_m,22}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{p_m,3}^2 \end{bmatrix};$$

$$P_f = \begin{bmatrix} \sigma_{p_f,11}^2 & \sigma_{p_f,12} & 0 \\ \sigma_{p_f,12} & \sigma_{p_f,22}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{p_f,3}^2 \end{bmatrix};$$

$$P_{md} = \begin{bmatrix} \sigma_{p_{md},11}^2 & \sigma_{p_{md},12} & 0 \\ \sigma_{p_{md},12} & \sigma_{p_{md},22}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \sigma_{p_{md},3}^2 \end{bmatrix}$$

Se consideraron las siguientes distribuciones a priori de los parámetros:

$$p(\beta) \sim U(-5,5); p(u_m | G) \sim N(0, A \otimes G), p(p_m | P_m) \sim N(0, I \otimes P_m), p(p_f | P_f) \sim N(0, I \otimes P_f), p(p_{md} | P_{md}) \sim N(0, I \otimes P_{md})$$

donde A es la matriz de relaciones de parentesco. Se asignaron *priors* uniformes acotados a los elementos de las matrices G , P_m , P_f y P_{md} . Se utilizó el algoritmo de muestreo de Gibbs para aproximar las distribuciones marginales posteriores de las variables de interés. Las distribuciones condicionales de cada uno de los parámetros del modelo necesarias para la implementación del mismo pueden encontrarse en Sorensen et al. (1995). Para el análisis se obtuvo 1 cadena de 1.000.000 de iteraciones. Las primeras 325.000 iteraciones fueron desechadas, y 1 de cada 25 muestras fueron guardadas. La varianza de muestreo de las cadenas fue obtenida calculando el error de Monte Carlo (Geyer, 1992). Los estadísticos de las distribuciones marginales posteriores (DMP) se calcularon directamente de las muestras guardadas. La DMP de la varianza de la interacción genotipo x tipo de dosis fue estimada a partir de las muestras de los componentes de varianza aplicando la expresión (Mathur, 2002):

$$\sigma_{\alpha\beta}^2 = \frac{1}{2}(\sigma_{\alpha_1} - \sigma_{\alpha_2})^2 + \sigma_{\alpha_1}\sigma_{\alpha_2}(1 - r_1)$$

Resultados y discusión

La concentración del eyaculado en machos de la línea Caldes, estimada en un trabajo anterior, fue de 245.35×10^6 espermatozoides/ml (García-Tomas y col., 2006). Dado que el ratio de dilución de los eyaculados utilizados en la IA con dosis tipo X era de 1:5, la concentración de estas dosis sería en promedio 50×10^6 espermatozoides/ml. Por otra parte, la fertilidad en esta línea tras la MN era de 80.5% (Piles et al., 2005) mientras que en este trabajo, practicando la IA con los 3 tipos de dosis (10, 40 y X) las medias crudas de F_{10} , F_{40} y F_X fueron 46%, 59% y 75%, respectivamente y las medias estimadas de las DMP de $F_{10}-F_{40}$, $F_{10}-F_X$ y $F_{40}-F_X$ fueron -0.13, -0.37 y -0.23 respectivamente. En

conjunto, estos resultados indican un claro efecto de la concentración sobre la fertilidad y también un importante efecto del tiempo y las condiciones de conservación. Si se asume que no existen diferencias en la fertilidad entre hembras puras y cruzadas, parece que un incremento en 30×10^6 espermatozoides/ml no es suficientemente elevado, cuando se usan dosis homospérmicas conservadas 24h a 18°C, para compensar las deficiencias en las características de los espermatozoides que impiden su acceso al óvulo o su capacidad para iniciar el proceso de fecundación. La comparación de la tasa de fertilidad de la misma población de hembras en MN y en IA con dosis de tipo X, sugieren que existe un efecto de la concentración sobre ésta, que podría ser de tipo no lineal, pero que el tiempo y las condiciones de conservación de las dosis seminales podrían tener un efecto mucho mayor. A pesar de la imprecisión en las estimas (tabla 1), las heredabilidades de F_{10} y F_{40} parecen ser iguales y estas dos podrían ser superiores a la heredabilidad de F_X pues el valor mínimo en el intervalo que contiene el 95% de la densidad de la distribución marginal posterior de este parámetro para los dos primeros caracteres prácticamente coincide con la media de dicha distribución para F_X . A su vez la heredabilidad de F_X tendría un valor próximo al valor estimado en esta misma población de machos para la fertilidad tras la MN (p.m.: 0.013 p.s.d.: 0.006; Piles et al., 2005). Estos resultados sugieren que la variación genética tras la MN y la IA con dosis de elevada concentración de espermatozoides y no sometidas a un periodo de conservación superior a 30 min, sería debida principalmente a variación genética individual en las características seminales cuyo efecto no puede ser compensado con una elevada concentración de espermatozoides, puesto que se encuentra asociado con la incapacidad del espermatozoide para mantener el proceso de fertilización y posterior

Table 1: Estadísticos descriptivos de las distribuciones marginales posteriores de la varianza fenotípica (σ^2) y de ratios de variación de la variable subyacente de la fertilidad tras la inseminación artificial con dosis conservadas 24 hrs a 18 °C con 10×10^6 espermatozoides/ml (F_{10}) y con 40×10^6 espermatozoides/ml (F_{40}) y dosis sin ningún periodo de conservación y concentración desconocida (F_x): heredabilidad debida al macho (h_m^2) y porcentajes de variación ambiental y genética no-aditiva debida al macho (p_m), variación ambiental y genética debida a la hembra (p_f), y variación ambiental de macho y día de inseminación (p_{md})
 Table 1. Summary statistics of marginal posterior distributions of the phenotypic variance (σ^2) and ratios of variance for fertility after artificial insemination with doses stored for 24 hrs at 18°C with a sperm concentration of 10×10^6 spermatozoa/ml (F_{10}) and 40×10^6 spermatozoa/ml (F_{40}), and doses used without any conservation period and unknown sperm concentration (h_m^2): heritability of male fertility (F_x) and ratios of environmental plus genetic non-additive variation due to the male (p_m), environmental plus genetic variation due to the female (p_f) and environmental variation due to the male and day of AI (p_{md})

	F ₁₀			F ₄₀			F _x					
	PM ¹	HPD95% ³	Min95% ⁵	MCse ⁴	PM ¹	HPD95% ³	Min95% ⁵	MCse ⁴	PM ¹	HPD95% ³	Min95% ⁵	MCse ⁴
h_m^2	0.090	0.008, 0.178	0.024	0.0014	0.090	0.012, 0.171	0.027	0.0013	0.026	0.004, 0.051	0.0084	0.00034
p_m	0.138	0.036, 0.250	0.050	0.0016	0.107	0.028, 0.196	0.040	0.0011	0.050	0.021, 0.080	0.026	0.00022
p_f	0.088	0.038, 0.137	0.047	0.00066	0.054	0.017, 0.096	0.023	0.00064	0.151	0.093, 0.208	0.104	0.00039
p_{md}	0.297	0.212, 0.388	0.226	0.00080	0.291	0.207, 0.375	0.223	0.00071	0.106	0.068, 0.145	0.075	0.00020
σ^2	2.600	2.19, 3.04	2.27	0.0044	2.197	1.89, 2.53	1.95	0.0033	1.507	1.36, 1.66	1.39	0.00094

¹PM: media posterior. ²PSD: desviación típica posterior. ³HPD95%: intervalo mínimo de máxima densidad a 95%. ⁴MCse: error de Monte Carlo. ⁵Min95%: Valor mínimo en el intervalo hasta 95% de densidad. ⁶Lag: correlación entre muestras consecutivas.
¹PM: posterior mean. ²PSD: posterior standard deviation. ³HPD95%: High posterior density interval at 95%. ⁴MCse: Monte Carlo standard error. ⁵Min95%: The minimum value with an interval to 95%. ⁶Lag: correlation between consecutive samples.

embriogénesis. Sin embargo, la variación genética tras la IA con dosis de baja concentración conservadas un cierto tiempo, estaría determinada por cualquier tipo de característica seminal con efecto sobre la fertilidad (compensable y no compensable) y también por una posible variación genética individual en la estabilidad de dichas características tras la conservación en determinados diluyentes. La interacción genotipo x tipo de dosis (figura 1) fue prácticamente despreciable (<6% de la media de la varian-

za aditiva) para los tipos de dosis 10 y 40. Esto se debe a que las varianzas genéticas del macho parecen ser prácticamente iguales para F_{10} y F_{40} y la correlación genética entre ambos caracteres parece ser alta y positiva. Esto significa que, probablemente, los mismos genes afectan a F_{10} y a F_{40} y, así, las respuestas a la selección para aumentar la fertilidad del macho que podrían ser obtenidas después de la IA -dentro de este rango de concentración de espermatozoides- serían las mismas, y también que la pro-

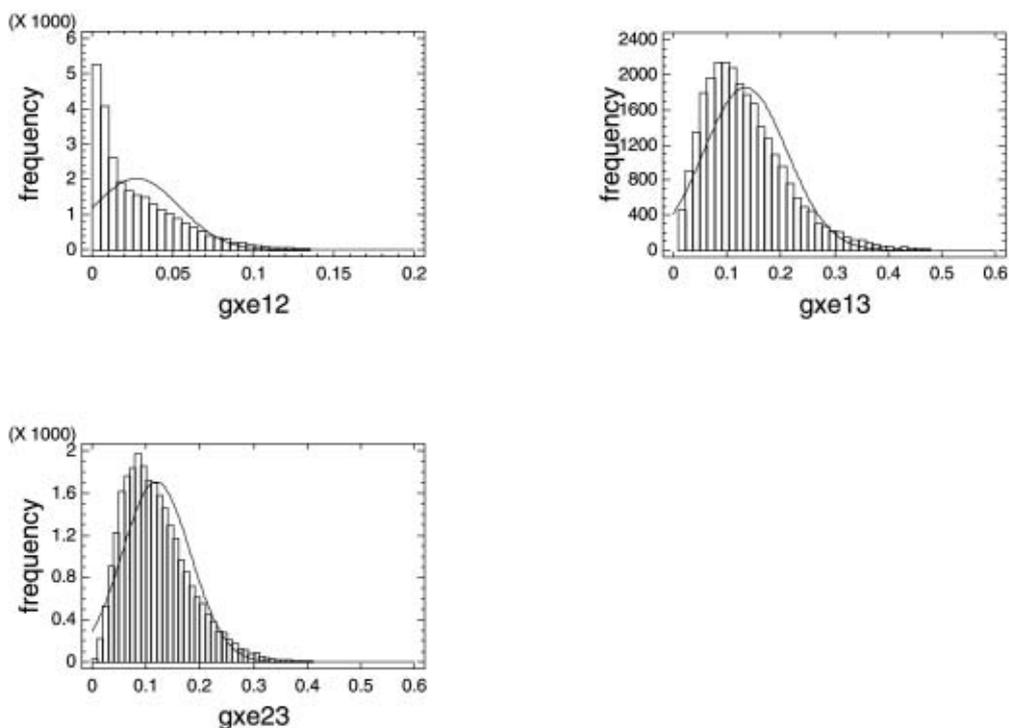


Figura 1. Histograma de frecuencias y estima de la distribución marginal de la varianza de la interacción entre el genotipo del macho y el tipo de dosis: dosis conservadas 24 hrs a 18 °C con 10×10^6 espermatozoides/ml (10) y con 40×10^6 espermatozoides/ml (40), y dosis sin ningún periodo de conservación y concentración desconocida (X).

Figure 1. Histogram of frequencies and estimated marginal posterior distribution of the variance of the interaction among the male genotype and the type of the doses of AI: doses stored for 24 hrs at 18 °C with a sperm concentration of 10×10^6 spermatozoa/ml (10) and 40×10^6 spermatozoa/ml (40), and doses used without any conservation period and unknown sperm concentration (X).

porción de respuesta seleccionando por un carácter, que podría ser esperada para el otro carácter –como respuesta correlacionada– sería elevada. Sin embargo, la interacción genotipo x tipo de dosis podría ser algo mayor entre los tipos de dosis 10 y X, y 40 y X. Esto se debe probablemente a que la varianza genética debida al macho fue superior para F_{10} y F_{40} que para F_x , y a que la correlación genética entre estos caracteres podría diferir de 1, aunque no podemos hacer una afirmación al respecto dada la gran imprecisión en las estimas de las correlaciones genéticas debidas al bajo valor de la heredabilidad para estos caracteres, especialmente F_x . Así pues se desconoce si algunos genes que afectan a la fertilidad tras la IA con dosis aplicadas inmediatamente después de su preparación no tienen efecto sobre este mismo carácter tras la IA con dosis conservadas o bien, si algunos genes que tienen un efecto positivo en unas condiciones de IA pudieran tener un efecto negativo en otro. Sin embargo, sí podría haber diferencias en la escala de los efectos de los genes en función del periodo de conservación.

De estos resultados se deduce que, dentro del rango de concentraciones estudiado, la selección para mejorar la fertilidad del macho tras la inseminación artificial con semen conservado a 18°C durante 24h, podría ser realizada a cualquier concentración de las dosis seminales, y podría haber mayor respuesta que con la selección por fertilidad del macho tras la MN o la IA con dosis no conservadas. Por otro lado, aunque existe un marcado efecto de la concentración sobre la fertilidad del macho, la variación genética individual de este efecto es prácticamente despreciable y por tanto, probablemente no existe variación genética individual del efecto de las características seminales compensables como un conjunto sobre la fertilidad tras la IA. Sin embargo, sí podría existir variación genética

individual en la estabilidad de las características seminales tras la conservación del semen por un determinado periodo y en determinadas condiciones. Así, si se quiere mejorar la fertilidad del macho a través de la selección indirecta por las características de calidad seminal, parece recomendable hacerlo evaluando los eyaculados tras un cierto periodo de conservación. Si no importa o no hay limitaciones en la concentración de la dosis, el criterio de selección sería uno o varios de los caracteres de tipo no-compensable, pero si el objetivo es además optimizar el uso de los eyaculados para obtener un elevado número de dosis de IA, el criterio de selección debería ser uno o varios de los caracteres de tipo compensables o de ambos tipos.

Agradecimientos

Proyecto financiado por el Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias (INIA-RTA2005-0008-C02) y una beca predoctoral INIA para Ll. Tusell.

Bibliografía

- Colenbrander B, Gadella BM, Stout TAE, 2003. The predictive value of semen analysis in the evaluation of stallion fertility. *Reprod Dom Anim*, 38, 305-311.
- García-Tomás M, Sánchez J, Rafel O, Ramon J, Piles M, 2006. Variability, repeatability and phenotypic relationships of several semen characteristics of production and semen quality in rabbits. *Anim. Reprod. Sci.*, 93, 88-100.
- Geyer CJ, 1992. Practical Markov Chain Monte Carlo. *Stat. Sci.*, 7, 473-511.
- Mathur PK, 2002. Methods for estimation and use of genotype-environment interaction. *7th World Congress on Genetics Applied to Live-*

stock Production, Communication, N°18-01, Montpellier, France.

Piles M, Rafel O, Ramon J, Varona L, 2005. Genetic Parameters of fertility in two lines of rabbit os different reproductive potencial. *J. Anim. Sci.*, 83, 340-343.

Saacke RG, Dalton JC, Nadir S, Nebel RL, Bame JH, 2000. Relationship of seminal traits and insemination

time to fertilization rate and embryo quality. *Anim. Reprod. Sci.*, 60-61, 663-677.

Sorensen DS, Andersen S, Gianola D, Korsgaard I, 1995. Bayesian inference in threshold models using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.*, 27, 229-249.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Moderado antagonismo genético entre rendimiento en piezas nobles y contenido en grasa intramuscular en cerdos Ibéricos

J. García-Casco*, A. Fernández**, E. de Pedro***, C. Rodríguez**, L. Silió**

* Dto. Mejora Genética Animal, INIA, Madrid y AECERIBER, Zafra

** Dto. Mejora Genética Animal, INIA, Madrid

*** Dto. Producción Animal, ETSIAM, Universidad de Córdoba.

E-mail: garcia.juan@inia.es

Resumen

La producción de cerdo ibérico está orientada a la obtención de materia prima para la elaboración de productos curados de alta calidad, determinada entre otros factores por el contenido en grasa intramuscular. Este trabajo tiene como objetivo estimar las correlaciones genéticas entre el contenido de grasa intramuscular, medido mediante tecnología NIRS en *M. longissimus*, y los principales caracteres productivos: porcentaje de jamones, paletas y lomos del peso de la canal, y la ganancia media diaria durante el periodo de 'Montanera'. Los registros analizados proceden de 6.103 cerdos castrados de 56 ganaderías y controlados desde 1993 al 2007 por AECERIBER. Los animales con un manejo extensivo común fueron sacrificados, en 79 lotes, a un peso medio de aproximadamente 160 kg. Las heredabilidades estimadas presentaron valores altos para todos los caracteres (0,37 a 0,48) indicando que la selección para todos los caracteres puede ser efectiva. Las correlaciones genéticas entre el porcentaje de las principales piezas nobles fueron altas y positivas (de 0,36 a 0,69) lo cual indica que dichos caracteres están en parte controlados por un mismo grupo de genes. Las correlaciones genéticas entre el contenido en grasa intramuscular y ganancia media diaria y el porcentaje de paletas no fueron significativamente diferentes de cero. Sin embargo, se estimaron efectos negativos significativos entre el contenido en grasa intramuscular y el porcentaje de jamones (-0.19 ± 0.04) y lomos (-0.23 ± 0.03). Estos valores indican que una intensa selección orientada a mejorar el porcentaje de piezas nobles de la canal, puede a medio plazo deteriorar la calidad de los productos curados en cerdos Ibéricos.

Palabras clave: Grasa intramuscular, Composición de la canal, Correlación genética, Cerdos Ibéricos

Summary

Limited genetic antagonism between premium cuts yield and intramuscular fat content in Iberian pigs

The production of Iberian pigs is mainly focused to obtain raw meat to elaborate dry-cured products of high sensorial quality, mainly influenced by the intramuscular fat content. The objective of this work was to estimate the genetic correlations between intramuscular fat content in *M. longissimus*, measured using NIRS technology, and the main productive traits: percentages on carcass weight of hams, forelegs and loins, and the daily growth along the final fattening period. Records for this analysis came from 6,103 castrate males, born in 56 herds and controlled by AECERIBER from 1993 to 2007. All the animals were fattened with a common extensive management system and slaughtered, distributed in 79 batches, at approximately 160 kg. Heritability estimates presented high values for all the traits (ranging between 0.37 and 0.48) indicating that the selection for these traits could be effective. Genetic correlations between percentages of premium cuts were high and positive (from 0.36 to 0.69). This fact indicates that these traits are partially controlled by the same group of genes. Genetic correlations between intramuscular fat content and the daily growth and percentage of forelegs showed estimated values statistically non different from zero. However, significant negative values of genetic correlations were estimated between intramuscular fat content and the percentages of hams (-0.19 ± 0.04) and loins (-0.23 ± 0.03). These last values indicate that a strong selection in Iberian pigs focused to the improvement of the carcass percentage of premium cuts, could cause a deterioration of the meat suitability for dry-curing in a medium-time horizon.

Key words: Intramuscular fat, Carcass composition, Genetic correlation, Iberian pigs

Introducción

Como es sabido, la producción de cerdo ibérico está orientada mayoritariamente a la obtención de materia prima para la elaboración de productos curados de alta calidad. Existe un programa de evaluación genética de cerdos Ibéricos, a cargo de la Asociación de Ganaderos AECERIBER, basado en datos registrados en cerdos sometidos a un manejo común conforme al sistema extensivo tradicional de 'Montanera' (López-Bote, 1998). Su objetivo es la mejora de caracteres productivos como el crecimiento en la fase final de engorde y el rendimiento en piezas nobles (jamones, paletas y lomos ajustados al peso de la canal), que son los caracteres de mayor influencia económica (Silió, 2000).

Pero la selección en cerdo Ibérico para este objetivo productivo debe evitar la disminución del contenido en grasa intramuscular (GIM), como ha ocurrido en otras razas porcinas (Lonergan et al., 2001), pues la calidad sensorial de sus productos se basa, entre otros factores, en este parámetro. Un alto contenido en GIM favorece una lenta deshidratación en el proceso de curación resultante en mayor jugosidad, adecuada textura y producción de aromas apreciados por los consumidores (Ruiz et al., 2000; Ventanas et al., 2007). Fernández et al. (2003) proporcionaron las primeras estimaciones de heredabilidades y correlaciones genéticas para los caracteres incluidos en el objetivo de selección y caracteres de calidad de carne y grasa. El objetivo del presente estudio es proporcionar nuevas estimas de los parámetros genéticos de los caracteres de ganancia media diaria, porcentaje en piezas nobles y contenido en GIM, basado en una mayor muestra de animales y ganaderías. Estas estimas deberán considerarse en los nuevos índices de selección con objeto de evitar el eventual deterioro en la calidad de la carne.

Material y métodos

Desde 1993 existe un programa de mejora de cerdo Ibérico basado en datos de campo y diseñado por la Asociación de Ganaderos AECERIBER (Silió, 2000). Actualmente, el Esquema de Valoración Genética de la raza Porcino Ibérica combina una evaluación genética intra-ganadería y una evaluación para ciclo completo de crecimiento en el periodo de ceba y composición de la canal, destinada a la obtención de cerdos pesados para el sacrificio. Para esta evaluación, animales de diferentes ganaderías son trasladados con 3-4 meses de edad a una finca común, siendo alimentados con pienso en régimen de alimentación restringida hasta un peso aproximado de 100 kg. Posteriormente y hasta el sacrificio, a un peso medio de 160 kg, los animales son engordados en régimen de "Montanera", con alimentación *ad libitum* de bellotas y pasto. La ganancia media diaria en la fase final de engorde (GMD) se obtiene a partir del cociente entre el peso ganado y los días transcurridos entre la entrada y salida en montanera. Después del sacrificio, se registran el peso de la canal caliente y los pesos de los jamones, paletas y lomos. A partir de una muestra del músculo *Longissimus dorsi*, obtenida al nivel de la cuarta costilla, se determina mediante espectroscopia de infrarrojo cercano (NIRS) el contenido de grasa intramuscular, humedad y proteína (Fernández et al., 2003). Los datos analizados de crecimiento y rendimiento en piezas nobles proceden de las campañas 1993/94 a 2006/07. Sólo a partir de 1998/99 comenzó a registrarse la grasa intramuscular. La información genealógica procede del libro genealógico que incluye todos los progenitores de los animales testados. La información completa para el análisis se muestra en la tabla 1.

Para la estima de los parámetros genéticos de los caracteres se ha empleado un modelo multicarácter en el que se consideraron

Tabla 1. Estructura de los datos y genealogía
 Table 1. Size and structure of data and pedigree information

	Total number
Animales con dato	6103
Animales con genealogía conocida / población base	6358 / 3004
Padres / Media de hijos por padre	526 / 12
Ganaderías	56
Lotes de sacrificio	79

como efectos fijos el tipo genético (4 niveles: Retinto, Entrepelado, Lampiño y Mixto), la tanda de sacrificio (79 niveles) y el peso de la canal como covariable, y como efectos aleatorios el genotipo del animal y el residuo. Se utilizó el programa REML/VCE 5.2 (Kovac y Groeneveld, 2003).

Resultados y discusión

En la tabla 2 se resumen los principales estadísticos de los caracteres analizados. Cabe destacar el alto contenido medio de grasa

intramuscular, del 9.61%, muy superior a los valores descritos en lomos de cerdos pesados de otras razas, si bien existen algunas diferencias en los métodos analíticos y la distribución de grasa. Por ejemplo Corino *et al.* (2002) describieron un valor medio de 3,74% para el contenido lipídico total en machos castrados de la raza Large White sacrificados a un peso de 160 kg. Las estimas de los parámetros genéticos (y sus errores típicos) para cada uno de los caracteres analizados se muestran en la tabla 3.

El valor estimado de heredabilidad (h^2) de la ganancia media diaria en "Montanera"

Tabla 2. Principales estadísticos de los caracteres analizados
 Table 2. Summary of statistics for the analyzed traits

	N	Media	SD	CV (%)	Mín.	Máx.
Crecimiento						
GMD, g/d	4589	590	144	24	23	1345
Composición corporal						
Jamones, %	6086	16,43	1,47	9	12,01	29,81
Paletas, %	5969	11,00	0,96	9	8,03	17,90
Lomo, %	5652	2,49	0,48	19	0,83	5,18
Calidad de carne						
Grasa Intramuscular, %	4095	9,61	3,14	33	1,78	27,43
Covariable						
Peso de la canal, kg	6103	128,57	14,24	11	68	188

Tabla 3. Heredabilidades (en la diagonal) y correlaciones genéticas (sobre la diagonal) y sus errores típicos (entre paréntesis) de los caracteres analizados

Table 3. Heritabilities (on diagonal) and genetic correlations between the analyzed traits (above the diagonal) with standard errors (between brackets)

	GMD	Jamones, %	Paletas, %	Lomos, %	GIM
GMD	0,46 (0,03)	0,00 (0,04)	-0,03 (0,04)	-0,04 (0,04)	-0,05 (0,05)
Jamones, %s		0,40 (0,02)	0,69 (0,03)	0,59 (0,04)	-0,19 (0,04)
Paletas, %			0,48 (0,02)	0,36 (0,04)	0,07 (0,04)
Lomos, %				0,43 (0,02)	-0,23 (0,03)
GIM					0,37 (0,02)

(GMD) es ligeramente inferior al descrito previamente a partir de datos preliminares (Fernández *et al.*, 2000), si bien, el alto valor observado (0,46) y su dispersión ($CV \approx 24\%$), confirman la posibilidad de modificar la tasa de crecimiento en el periodo de ceba mediante selección. Las correlaciones genéticas entre GMD y porcentaje en piezas nobles, así como entre GMD y GIM no fueron diferentes de cero.

Asimismo, las h^2 del porcentaje de jamones, paletas y lomos (ajustados para el peso de la canal) son elevadas (entre 0,40 y 0,50). Johansson *et al.* (1987) describieron estimas de heredabilidad para el porcentaje de jamón de 0,28 a 0,43. En las razas Large White Australiano y Landrace los valores obtenidos para este carácter han sido incluso inferiores (0,22; Hermes *et al.*, 2000). El porcentaje de magro en canal puede considerarse un carácter equiparable, si bien en el peso de jamones y paletas se incluye el peso de piel, hueso y grasa. Ducos (1994), tras revisar 77 estudios de la literatura de parámetros genéticos para los caracteres de canal porcina, halló un valor promedio de $h^2 = 0,54$. Las correlaciones genéticas entre los porcentajes de las diferentes piezas nobles en el presente estudio muestran valores altos y positivos (de 0,36 a 0,69), lo cual indica que dichos caracte-

res están en parte controlados por un mismo grupo de genes. La combinación de esta estructura favorable de correlaciones y elevados valores de h^2 sugiere que la selección para rendimiento en piezas nobles puede ser efectiva en el cerdo ibérico.

Para el contenido de GIM, el valor estimado de $h^2 = 0,37$ se encuentra en un rango inferior al descrito en estudios previos. Suzuki *et al.* (2005) hallaron una heredabilidad de 0,46 en la raza Duroc, similar a la descrita previamente por Hovenier *et al.* (1993) y por Sellier (1998), ambas con una estima promedio de 0,50. El bajo valor estimado en nuestro estudio podría atribuirse a la menor precisión de la medida de GIM mediante NIRS. Por ejemplo, Hermes *et al.* (2000) estimaron en cerdos Australianos un valor de $h^2 = 0,35$ para la heredabilidad del contenido de GIM medido mediante NIRS. En relación con el posible antagonismo genético entre el porcentaje de GIM y el porcentaje de magro de la canal, Sellier (1998) observó un valor de correlación genética negativa entre estos caracteres (de -0,07 a -0,55), obteniendo un valor promedio global de todos los estudios de $r_G = -0,34$. En el presente estudio, las correlaciones genéticas entre GIM y los porcentajes de jamones y lomos fueron asimismo negativas aunque ligeramente inferior-

res (-0,19 para el % de jamones y -0,23 para el % de lomo). La correlación entre GIM y las paletas mostró un valor positivo, pero no significativamente distinto de cero.

Estos resultados indican que, al menos a corto plazo, sería posible realizar un esquema de selección efectivo para aumentar el porcentaje de piezas nobles en las canales de cerdo ibérico, que debería priorizar la mejora del rendimiento en paletas ya que su bajo rendimiento es la principal limitación de las canales de ibéricos puros. Sin embargo, a medio plazo, para evitar el posible deterioro de la calidad de carne, el objetivo del esquema de selección debería modificarse para incorporar el contenido de GIM al objetivo de selección. Esto conlleva ciertos problemas metodológicos, puesto que la definición de los índices de selección se ve dificultada por la ausencia de linealidad entre los caracteres de calidad y el valor del producto, presentando un rango óptimo. Para ello, sería recomendable utilizar métodos para calcular los pesos económicos para caracteres con óptimos intermedios u otras técnicas alternativas como la selección restringida o índices de ganancias deseadas (García-Casco, 1993).

Agradecimientos

Los autores agradecen a Paloma Ureta y Florencio Álvarez, técnicos de AECERIBER, su inestimable ayuda en la obtención de los registros de campo y en matadero.

Bibliografía

Corino C, Magni S, Pagliarini E, Rossi R, Pastorelli G, Chiesa LM, 2002. Effects of dietary fats on meat quality and sensory characteristics of heavy pig loins. *Meat Sci*, 60, 1-8.

Ducos A, 1994. Paramètres génétiques des caractères de production chez le porc. *Mis au point bibliographique*, *Techni-porc*, 17, 35-67.

Fernández A, Silió L, Rodríguez MC, 2000. Análisis genético del crecimiento en montanera de cerdos ibéricos. *ITEA*, 97(1), 77- 89.

Fernández A, de Pedro E, Núñez N, Silió L, García-Casco J, Rodríguez MC, 2003. Genetic parameters for meat and fat quality and carcass composition traits in Iberian pigs. *Meat Sci*, 64, 405-410.

García-Casco J, 1993. Aspectos genéticos de la mejora de caracteres de crecimiento en cerdos Ibéricos. Tesis Doctoral, Universidad Complutense de Madrid.

Hermesch S, Luxford BG, Graser HU, 2000. Genetic parameters for lean meat yield, meat quality, reproduction and feed efficiency traits for Australian pigs. 1. Description of traits and heritability estimates. *Livest Prod Sci*, 65, 239-248.

Hovenier R, Kanis E, van Asseldonk Th, Westerink NG, 1993. Breeding for pig meat quality in halothane negative populations. A review. *Pig News Info*, 14, 17N-25N.

Johansson K, Andersson K, Sigvardsson J, 1987. Evaluation of station testing of pigs III. Genetic parameters for carcass measurements of partially dissected pigs. *Acta Agric Scand*, 37, 120-129.

Kovac M, Groeneveld E, 2003. VCE-5 user's guide and reference manual Version 5.1. University of Ljubljana, Slovenia, Institute of Animal Science, Federal Agricultural Research Center, Germany.

Lonergan SM, Huff-Lonergan E, Rowe LJ, Kuhlert DL, Jungst SB, 2001. Selection for lean growth efficiency in Duroc pigs influences pork quality. *J Anim Sci*, 79, 2075-2085.

López-Bote C, 1998. Sustained utilization of the Iberian pig breed. *Meat Sci*, 49, 17-27.

Ruiz J, Ventanas J, Cava R, Andrés A, García C, 2000. Texture and appearance of dry-cured ham as affected by fat content and fatty acid composition. *Food Res Inter*, 33, 91-95.

- Sellier P, 1998. Genetics of meat and carcass traits. In *The genetics of the pig*, Rothschild MF, Ruvinsky A. (eds), CAB International, New York, pp. 463-510.
- Silió L, 2000. Iberian pig breeding programme. In *Developing breeding strategies for lower input animal production environments*, Galal S, Boyazoglu J, Hammond K (eds), ICAR Technical Series, Roma, pp. 511-520.
- Suzuky K, Kadowaki H, Shibata T, Uchida H, Nishida A, 2005. Selection for daily gain, loin-eye area, backfat thickness and intramuscular fat based on desired gains over seven generations of Duroc pigs. *Livest Prod Sci*, 97, 193-202.
- Ventanas S, Ruiz J, García C, Ventanas J, 2007. Preference and juiciness of Iberian dry-cured loin as affected by intramuscular fat content, crossbreeding and breeding system. *Meat Sci*, 77, 324-330.
- (Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Efecto de la consanguinidad sobre la longevidad de cerdas Landrace

J. Casellas, L. Varona, N. Ibáñez-Escriche, J.L. Noguera

Genètica i Millora Animal, IRTA-Lleida, 25198 Lleida, Espanya

E-mail: joaquim.casellas@irta.es

Resumen

La consanguinidad es un fenómeno biológico de especial relevancia en las especies domésticas, pudiéndose caracterizar tanto en términos de coeficiente de consanguinidad como fraccionando la contribución de cada individuo fundador en coeficientes de consanguinidad parcial (CP). A partir de los registros de longevidad de 4.226 cerdas de raza Landrace, este trabajo se ha centrado en la modelización de los CP bajo modelos Weibull de riesgos proporcionales y su posterior comparación mediante el DIC (*deviance information criterion*). Se asumieron tres distribuciones *a priori* distintas para los efectos de CP, resultando la normal asimétrica (DIC = 55.064,6) claramente preferible a la normal simétrica (DIC = 55.069,2) y a la distribución uniforme (DIC = 55.077,9). Se descartó, también, el modelo estándar con la consanguinidad global de cada individuo (DIC = 55.078,4). En el caso del modelo con DIC mínimo, la distribución posterior de los efectos de CP fue claramente asimétrica, con el 85,15% de las estimas afectando negativamente a la longevidad de las cerdas y el 14,85% restante con efecto neutro o incluso positivo. Señalar por último, que la heredabilidad para el carácter longevidad fue de 0,159.

Palabras clave: Análisis de supervivencia, Asimetría, Consanguinidad, Landrace

Summary

Effect of inbreeding on the longevity of Landrace sows

Inbreeding is a biological phenomenon of special relevance in domestic species, where the overall inbreeding coefficient can be partitioned in founder-specific partial inbreeding (PI) coefficients. Taking longevity data of 4,226 Landrace sows as starting point, this research proposed alternative parameterization for PI effects under Weibull proportional hazard models, and compared their performance through the deviance information criterion (DIC). Three different *a priori* distributions were assumed for PI effects, asymmetric normal (DIC = 55,064.6), symmetric normal (DIC = 55,069.2) and flat (DIC = 55,077.9). Additionally, the standard model accounting for the overall inbreeding coefficient was clearly discarded (DIC = 55,078.4). For the model with asymmetric Gaussian prior, the posterior distribution of PI effects was clearly skewed. An 85.15% of the estimates showed negative effect on sow longevity whereas the remaining 14.85% ones had null or even positive effect on sow survival. Estimated heritability was 0.159.

Key words: Asymmetry, Inbreeding, Landrace, Survival analysis

Introducción

La longevidad de las cerdas es un carácter de máximo interés en los sistemas productivos actuales, dónde el incremento de consanguinidad resultante de la intensa presión de selección puede tener un efecto sustancial sobre los mismos. Aunque los efectos de la consanguinidad se han modelado históricamente sobre la consanguinidad global de cada individuo, algunos estudios proponen la utilización de los coeficientes de consanguinidad parcial (CP) inherentes a cada fundador (Rodríguez *et al.*, 1998; Gulisija *et al.*, 2006). Estos permiten establecer el grado de depresión endogámica (o efecto positivo) originado específicamente por el *background* genético de cada fundador, con las consiguientes implicaciones en los programas de conservación o gestión de la consanguinidad. El objetivo del presente trabajo es caracterizar la distribución de los efectos de CP sobre la longevidad de cerdas de raza Landrace dentro de un contexto Bayesiano, evaluando el ajuste obtenido bajo tres distribuciones *a priori* distintas.

Material y métodos

Origen de los datos de longevidad

Para este estudio se han utilizado los registros de longevidad de 4.226 cerdas Landrace hiperprolíficas ($13,28 \pm 0,06$ lechones por camada) de la cooperativa COPAGA SCCL, controlados entre los años 1988 y 2006. La longevidad de las cerdas se caracterizó como el intervalo temporal entre la fecha de primera cubrición y la fecha de muerte o desvieje (datos completos), mientras que los registros de las cerdas en producción al final de la recogida de datos se trataron como censurados. Durante el periodo analizado se registraron todas las variables producti-

vas y reproductivas de interés (p.ej. fechas de cubrición, parto y destete, número de lechones nacidos totales y vivos, destetados, etc).

El pedigrí completo incluye 6.351 individuos (456 machos y 5.895 cerdas), 1.078 de ellos siendo fundadores sin ancestros registrados. Únicamente 31 fundadores generaron consanguinidad en la población, 18 de ellos contribuyendo en más de 150 cerdas con longevidad registrada. Para los modelos de análisis se consideraron los coeficientes de CP de estos 18 fundadores y se agruparon los 13 fundadores restantes en una misma categoría.

Análisis de supervivencia

Los datos fueron analizados mediante el modelo *Weibull* de riesgos proporcionales desarrollado por Casellas (2007), incluyéndose los efectos sistemáticos del año a la primera cubrición (16 niveles) y número de lechones destetados (8 niveles; dependiente de tiempo), y los efectos aleatorios del año-estación (71 niveles; dependiente de tiempo) y el componente genético aditivo (modelo animal). Adicionalmente se consideraron los efectos de CP bajo 3 distribuciones *a priori* distintas, a) uniforme (modelo UN) b) normal simétrica de media 0 y varianza σ_c^2 (modelo NS), y c) normal asimétrica de varianza σ_c^2 y parámetro de asimetría α (modelo NA; Sahu *et al.*, 2003). Los tres modelos descritos, así como un modelo adicional estimando el efecto de depresión endogámica a partir del coeficiente global de consanguinidad (modelo CG; *a priori* plano), se analizaron mediante inferencia bayesiana, lanzando una única cadena de muestreo de 1.000.000 iteraciones y descartándose las 50.000 primeras como *burn-in*. Los modelos se compararon mediante el DIC (*deviance information criterion*) desarrollado por Spiegelhalter *et al.* (2002).

Resultados y discusión

La población Landrace analizada alcanzó una consanguinidad media del $0,518\% \pm 0,008\%$, siendo consanguíneas el 28,4% de las cerdas con registro de longevidad (consanguinidad de entre el 0,09% y el 25%). La función de supervivencia empírica para las cerdas Landrace puede observarse en la fig. 1, alcanzando una duración media de la vida productiva de 524 días con una tasa anual de reposición del 69,7%.

El modelo NA resultó claramente preferible (DIC = 55.064,6) sugiriéndose diferencias sustanciales con el modelo NS (DIC = 55.069,2). Los dos modelos restantes, CG y UN, estaban claramente penalizados en términos de DIC y alcanzando valores de 55.078,4 y 55.077,9, respectivamente. Estos resultados sugieren que la mayor flexibilidad de la distribución normal asimétrica desarrollada por Sahu et al.

(2003) aporta ventajas sustanciales mediante la modelización de los efectos de CP. Nótese que esta parametrización permite asimetrías tanto de la cola derecha como izquierda, así como que la distribución presente un valor modal distinto de cero (Sahu et al., 2003).

El modelo NA reportó un grado sustancial de heterogeneidad en los efectos de CP, con estimaciones modales comprendidas entre -0,029 y 0,076 para cada 1% de incremento en consanguinidad. Tomando este segundo valor como ejemplo, podemos observar que la probabilidad de causar baja era 1,078 o 2,138 veces superior, respecto los individuos no consanguíneos, para aquellas cerdas con un 1% o un 10% de consanguinidad, respectivamente. Resulta importante destacar que la distribución posterior para los efectos CP fue claramente asimétrica, sobre-expresándose la cola derecha de la misma (fig. 2). Esta distribución (media = 0,036; moda = 0,034; varianza =

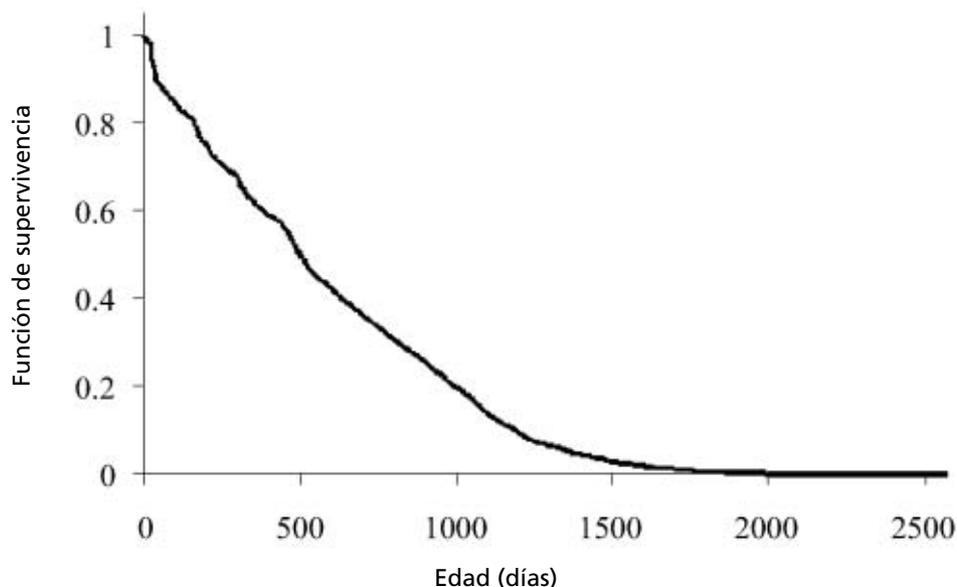


Figura 1. Función de supervivencia de la población Landrace.
Figure 1. Survival probability of the Landrace population.

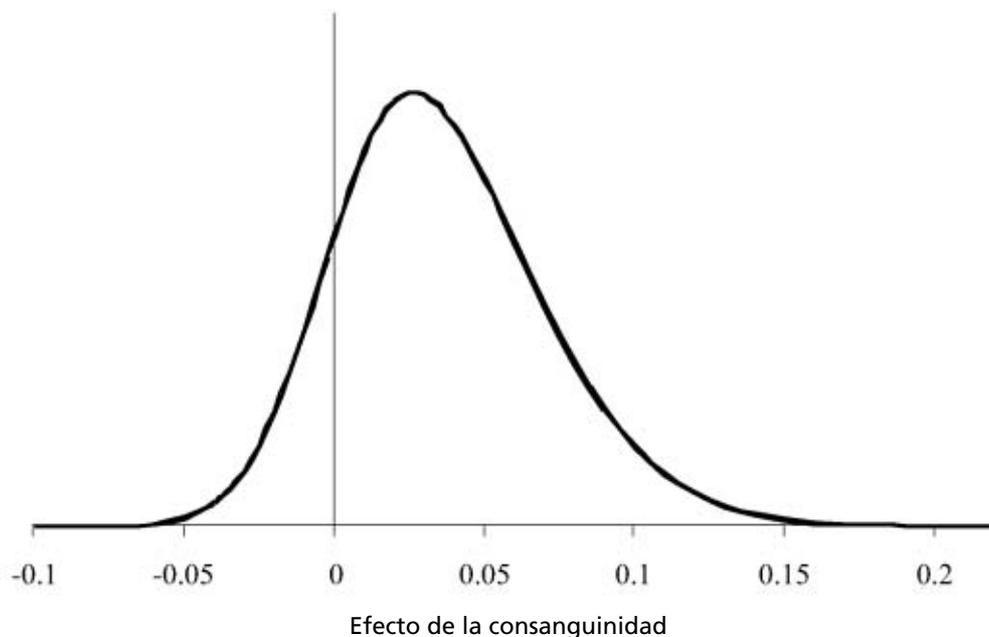


Figura 2. Distribución posterior de los efectos de consanguinidad parcial.
 Figure 2. Posterior distribution of the partial inbreeding coefficients.

0,001; kurtosis = $1,977 \times 10^{-5}$) presentaba un 85,15% de valores positivos (efecto negativo sobre la longevidad de las cerdas), mientras que solo el 14,85% de las estimas eran nulas o negativas. Estos resultados confirmaron la tendencia a empeorar la longevidad de los animales bajo la influencia de la consanguinidad debido probablemente al *background* genético deletéreo (Swindell y Bouzat, 2006), aunque sin descartar un porcentaje reducido de estimas nulas o incluso positivas.

La moda de la heredabilidad para carácter longevidad de las cerdas se situó en 0,153 (intervalo de máxima probabilidad posterior al 95% situado entre 0,131 y 0,189), coincidiendo con las estimas previas de Yazdi et al. (2000) en otra población Landrace. Estos resultados sugieren la posibilidad

de incidir genéticamente sobre la longevidad de las cerdas, tanto mediante selección directa como a través del control de la consanguinidad, sobretodo la originada por algunos fundadores.

Agradecimientos

Esta investigación se ha desarrollado gracias al financiamiento de IRTA (contrato 21022) y la colaboración del personal de la granja *Nova Genética* (Solsona, Lleida) y la cooperativa COPAGA SCCL. El contrato de investigación de J. Casellas está parcialmente financiado por el Ministerio de Educación y Ciencia de España (programa Juan de la Cierva).

Bibliografía

- Casellas J, 2007. Bayesian inference in a piecewise Weibull proportional hazards model with unknown change points. *J. Anim. Breed. Genet.*, 124, 176-184.
- Gulisija D, Gianola D, Weigel KA, Toro MA, 2006. Between-founder heterogeneity in inbreeding depression for production in Jersey cows. *Livest. Prod. Sci.*, 104, 244-253.
- Rodríguez J, Toro MA, Rodríguez MC, Silió L, 1998. Effect of founder allele survival and inbreeding depression on litter size in closed lines of Large White pigs. *Anim. Sci.*, 67, 573-582.
- Sahu SK, Dey DK, Branco MD, 2003. A new class of multivariate skew distributions with applications to Bayesian regression models. *Can. J. Stat.* 31: 129-150.
- Spiegelhalter DJ, Best NG, Carlin BP, van der Linde A. 2002. Bayesian measures of model complexity and fit. *J. Royal Stat. Soc., B* 64, 583-639.
- Swindell WR, Bouzat JL, 2006. Inbreeding depression and male survivorship in *Drosophila*: Implications for senescence theory. *Genetics*, 172, 312-327.
- Yazdi MH, Rydhmer L, Ringmar-Cedererg E, Lundheim N, Johansson K, 2000. Genetic study of longevity in Swedish Landrace sows. *Livest. Prod. Sci.*, 63, 255-264.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Asociación entre el picaje de la cloaca y la asimetría fluctuante en gallinas

M.T. Prieto, J.L. Campo, S.G. Dávila

Departamento de Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria, Apartado 8.111, 28080 Madrid
E-mail: mtppablos@inia.es

Resumen

El objetivo del presente estudio fue el análisis de la relación entre la incidencia del picaje en cloaca y la asimetría fluctuante en gallinas. En el experimento (140 gallinas) se midió la asimetría fluctuante de varios caracteres (longitud del dedo medio, longitud de la pata, longitud del ala, longitud de la barquilla y anchura de la pata) en gallinas de 20 semanas de edad de cinco razas de gallinas españolas (Andaluza Azul, Castellana Codorniz, Cara-Blanca Española, Vasca Roja Barrada y Leonesa Parda) y Leghorn Blanca que mostraban o no picaje en cloaca. Hubo diferencias significativas entre ambos grupos de gallinas en asimetría fluctuante relativa de la longitud del dedo medio ($P < 0.05$) y la asimetría fluctuante combinada de los cinco caracteres que se midieron ($P < 0.08$), la asimetría fluctuante relativa de las gallinas víctimas de picaje en cloaca resultó ser mayor que la de aquellas que no estaban picadas. Las gallinas con la cloaca picada resultaron por tanto, más asimétricas que las gallinas control (sin la cloaca picada). Los resultados fueron consistentes en todas las razas e indicaron que el picaje en la cloaca afecta negativamente al bienestar de las gallinas.

Palabras clave: Picaje en cloaca, Asimetría fluctuante, Gallinas, Bienestar, Canibalismo

Summary

Association between vent pecking and fluctuating asymmetry in hens

The purpose of the present study was to analyze the relationship between incidence of vent pecking, fluctuating asymmetry in chickens. The experiment (140 birds in three different replicates) measured the fluctuating asymmetry of several traits (middle toe length, leg length, wing length, wattle length, and leg width) in 20-week-old pullets of five Spanish breeds of chickens (Blue Andaluza, Quail Castellana, White-faced Spanish, Red-barred Vasca, and Birchen Leonesa), and a White Leghorn population, with and without evidence of suffering from vent pecking. The number of birds per breed was 20, 24, 12, 20, 18, and 46, respectively. There was a significant difference between vent pecked and non-vent pecked birds on the relative fluctuating asymmetry of middle toe length ($P < 0.05$), the relative fluctuating asymmetry of birds who suffered from vent pecking being larger. The combined relative fluctuating asymmetry of the five traits approached levels of statistical significance ($P = 0.08$). Thus, vent pecked birds were more asymmetrical than non-vent pecked birds, having increased relative fluctuating asymmetry. Differences were consistent across the breeds. Results indicate that vent pecking is associated with measures of stress like fluctuating asymmetry.

Key words: Vent pecking, Fluctuating asymmetry, Chickens; Welfare, Cannibalism

Introducción

El picaje es un ejemplo de agresión entre individuos de la misma especie que provoca la pérdida del plumaje y puede conducir, en su variante más severa, al canibalismo. El picaje de cloaca, va dirigido específicamente a las pequeñas plumas situadas bajo la cloaca y al área más roja situada en la parte superior de ésta (Savory, 1995). Tiene lugar, normalmente, cuando las hembras alcanzan la madurez sexual, aproximadamente a las 20 semanas de edad (Potzsch et al., 2001) y se incrementa con la precocidad de las hembras. El picaje es un problema importante, tanto a nivel económico como a nivel del bienestar de las gallinas de puesta, particularmente en animales que no están alojados en jaulas, presentándose como consecuencia, episodios de miedo y estrés (Jones, 1997)

La asimetría fluctuante es una medida indicadora de estrés y bienestar. La relación entre canibalismo y asimetría fluctuante (FA) ha sido estudiada en dos experimentos. El canibalismo en cloaca y vientre, fue estudiado por Yngvesson y Keeling (2001) en estirpes comerciales de gallinas ponedoras. Midiéron longitud de ala, longitud de pata, anchura de pata, anchura de pata a nivel del talón, longitud de dedo posterior y longitud de dedo medio y encontraron que tanto víctimas como los agresores eran más asimétricos que los animales control tanto en longitud de dedo medio como en longitud de ala. En hembras de raza Leghorn Blanca, en sistemas de producción en jaulas, Cloutier y Newberry (2002) considerando los ataques de canibalismo como aquellos que incluían picotazos en espalda, alas, grupa, cola, cloaca, patas y dedos y los ataques de agresividad los dirigidos a cabeza y cuello, observaron que las gallinas picadas eran más asimétricas que sus compañeras (caníbales y el resto) para la asimetría compuesta de varios caracteres (longitud de ala, longitud de pata, anchura de pata y longitud de dedo medio).

El propósito de este trabajo fue analizar la relación entre la incidencia del picaje en cloaca a las 20 semanas de edad y la asimetría fluctuante en gallinas. Teóricamente, se esperaba que aquellos animales que presentasen picaje en la cloaca mostraran también mayor asimetría en los caracteres morfológicos analizados. El estudio actual, complementa los escasos experimentos anteriores concernientes al análisis de la relación entre la incidencia del picaje y la asimetría fluctuante.

Material y métodos

Para la realización de este trabajo, se utilizaron gallinas procedentes de tres incubaciones distintas separadas 14 días.

Las razas de gallinas que se utilizaron en el presente estudio fueron cinco razas autóctonas Españolas (Andaluza Azul, Castellana Codorniz, Cara-Blanca Española, Vasca Roja Barrada y Leonesa Parda) y una población de Leghorn Blanca originada por cruzamiento de tres líneas seleccionadas por número y tamaño de huevo (Campo y Jurado, 1982). Todas estas razas se mantienen en la estación experimental El Encín (Alcalá de Henares, Madrid) dentro de un programa de conservación de recursos genéticos iniciado en 1975 (Campo y Orozco, 1982) y han sido descritas por Campo (1998).

Las gallinas de todas las razas fueron criadas en el mismo gallinero, con un tamaño de 600 aves aproximadamente (100 aves de cada raza). Se utilizaron un total de 140 gallinas de 20 semanas de edad para estudiar la asociación entre el picaje en cloaca y la asimetría fluctuante. Las gallinas se dividieron en dos grupos iguales. El Grupo 1 o víctimas, consistía en 70 gallinas (25, 27 y 18 de cada repetición, respectivamente de cada incubación) mostraba heridas recientes alrededor de la cloaca (10, 12, 6, 10, 9 y 23 de raza Andaluza Azul, Castellana Codorniz,

Cara-Blanca Española, Leonesa Parda y Leghorn Blanca, respectivamente), el Grupo 2 o control consistió en 70 gallinas adicionales, las cuales no tenían ningún rastro de picaje en cloaca (10, 12, 6, 10, 9 y 23 gallinas de cada raza, respectivamente).

Para la asimetría fluctuante, se utilizaron los caracteres morfológicos longitud del dedo medio, longitud de pata, anchura de pata, longitud de ala y longitud de barbilla, de los que se midieron tanto el lado derecho (R) como el izquierdo (L). Ambas medidas se tomaron en la misma sesión y se midieron en milímetros usando un micrómetro digital. Los valores de cada uno de los caracteres morfológicos, para la asimetría, son la media de la medida derecha e izquierda $[(R+L)/2]$. Todos los caracteres mostraron una frecuencia de distribución normal. La asimetría fluctuante (FA) de un tratamiento se considera una medida de estrés crónico (Moller y Swaddle, 1997) y se define como el valor absoluto de la diferencia entre el valor de las medidas derecha e izquierda $[|R-L|]$. Para identificar la asimetría como FA es necesario seguir una serie de pasos (Palmer, 1994; Knierim et al., 2007) puesto que hay varios factores que complican el análisis de la asimetría fluctuante (distribución normal de la diferencia R-L con media cero). En primer lugar, se comprueba la posible existencia de los otros dos tipos de asimetría, la asimetría direccional (DA) y la Antisimetría (AS). En segundo lugar, se debe distinguir entre error de medida y FA. Finalmente, se comprueba la independencia entre la FA y el valor del carácter.

Para el análisis estadístico de la FA, entre tratamientos, se realizó un análisis de varianza de tres factores utilizando el siguiente modelo estadístico (Sokal y Rohlf, 1981) $x_{ijkl} = \mu + T_i + B_j + TB_{ij} + r_k + Tr_{ik} + Br_{jk} + TBr_{ijk} + \varepsilon_{ijkl}$, donde x_{ijkl} era la medida analizada, μ era la media, T_i el efecto del tratamiento (gallinas picadas en cloaca y gallinas sin picar), B_j

es el efecto de la raza ($j = 1...6$), r_k el efecto de la repetición ($k = 1...3$), TB_{ij} , Tr_{ik} , Br_{jk} , y TBr_{ijk} eran las interacciones y ε_{ijkl} el error residual el número de gallinas en las subclases individuales era desigual, variando de 2 a 14). El tratamiento y la raza se consideraron efectos fijos y las repeticiones se consideraron como efectos aleatorios. Las diferencias significativas entre razas se estimaron utilizando la prueba múltiple de Student-Newman-Keuls (Snedecor y Cochran, 1980).

Resultados

Las repeticiones así como las interacciones repetición*tratamiento, repetición*raza y repetición*tratamiento*raza no fueron significativas para ninguno de los caracteres, se analizaron conjuntamente y se añadieron al residuo para dar lugar al análisis de varianza de dos factores para los efectos tratamiento y raza ($x_{ijk} = \mu + T_i + B_j + TB_{ij} + \varepsilon_{ijk}$). Los valores medios que indican el efecto del tratamiento y la raza sobre las medidas de asimetría relativa se resumen en la tabla 1. El efecto del tratamiento fue significativo para la asimetría relativa de la longitud del dedo medio ($P < 0.05$), siendo la asimetría relativa de las gallinas picadas en la cloaca mayor que la de las gallinas que no lo estaban. El efecto tratamiento se aproximaba a niveles de significación estadística del 5% para la asimetría relativa combinada de los cinco caracteres siendo el nivel de significación real del 8%. No se obtuvo significación para la interacción tratamiento*raza de ninguna de las asimetrías relativas de los distintos caracteres morfológicos. El efecto raza fue significativo para la asimetría relativa de la longitud de barbilla ($P < 0.01$), la asimetría relativa de longitud de barbilla resultó ser mayor en las gallinas de raza Castellana Codorniz que en las razas Leghorn Blanca y Leonesa Parda.

Tabla 1. Media de asimetría relativa (x100) de varios caracteres morfológicos en gallinas con y sin picaje en cloaca (n = 140)

Table 1. Mean relative asymmetry (x100) of various morphological traits in birds with or without vent pecking (n = 140)

Efecto	Longitud dedo	Longitud pata	Longitud ala	Longitud barbilla	Anchura pata	Combinado
Tratamiento						
Con picaje en cloaca	2.60 ^a	1.18 ^a	1.16 ^a	8.50 ^a	3.44 ^a	3.38 ^a
Sin picaje en cloaca	1.98 ^b	1.12 ^a	1.09 ^a	7.29 ^a	2.86 ^a	2.87 ^a
Raza						
Leghorn Blanca	2.19 ^a	1.39 ^a	1.12 ^a	5.81 ^b	3.06 ^a	2.72 ^a
Castellana Codorniz	2.61 ^a	1.23 ^a	1.07 ^a	12.49 ^a	3.44 ^a	4.17 ^a
Vasca Roja Barrada	2.33 ^a	1.35 ^a	0.82 ^a	10.59 ^{ab}	2.71 ^a	3.56 ^a
Andaluza Azul	1.90 ^a	0.82 ^a	1.83 ^a	10.27 ^{ab}	3.23 ^a	3.61 ^a
Leonesa Parda	2.77 ^a	0.63 ^a	1.14 ^a	5.56 ^b	3.60 ^a	2.74 ^a
Cara-Blanca Española	1.91 ^a	0.87 ^a	0.74 ^a	6.00 ^{ab}	3.20 ^a	2.54 ^a
Cuadrado medio del error	3.05	0.71	2.89	43.88	6.18	2.87

Las medias dentro del mismo efecto y columna sin la misma letra (a, b) difieren ($P < 0.05$).

Means within the same effect and column with no common superscript (a, b) differ ($P < 0,05$).

Las aves con la cloaca picada tuvieron una longitud del dedo medio, longitud de ala, longitud de barbilla y anchura de pata (45.95 ± 0.33 , 85.60 ± 0.49 , 28.60 ± 1.08 y 17.87 ± 0.11 mm, respectivamente) que no diferían significativamente de las de las gallinas no picadas (45.52 ± 0.33 , 84.54 ± 0.49 , 29.75 ± 1.08 , y 17.97 ± 0.11 mm, respectivamente), mientras que sí hubo diferencias significativas ($P < 0.05$) entre picadas y no picadas para longitud de pata. (93.98 ± 0.52 y 92.56 ± 0.52 mm, respectivamente).

Discusión

Las víctimas del picaje, tuvieron la FA de la longitud del dedo medio un 31% mayor que los animales sin la cloaca picada. Estos resultados sugieren, que el picaje de cloaca afecta al bienestar de las aves utilizando la asimetría fluctuante como indicador de estrés. Todas

las medidas de asimetría, significativas o no, apuntaban en la misma dirección ya que, las aves picadas tuvieron los dedos medios, las patas, las alas y las barbillas más asimétricas y la asimetría combinada de las cinco medidas fue significativa a nivel del 8%. La longitud del dedo no mostró DA ni AS, la estima de FA se confundía con el error de medida y se utilizó por tanto, la FA relativa.

Las víctimas del picaje, pueden haber sido más sensibles al estrés que aquellas no afectadas, resultando en mayor inestabilidad durante el desarrollo y en FA. En concordancia con los resultados del presente trabajo, Yngvesson y Keeling (2001) y Cloutier y Newberry (2002) encontraron que las víctimas de los ataques de canibalismo eran más asimétricas que las aves control. No obstante, Yngvesson y Keeling (2001) observaron que los caníbales eran más asimétricos que los controles, mientras que Cloutier y Newberry (2002) no encontraron diferencias entre los caníbales y

controles. Yngvesson y Keeling (2001) detectaron FA en longitud del dedo medio y longitud de ala, pero las medidas de la diferencia entre la longitud del ala derecha y la izquierda no fueron repetidas y la asimetría utilizada por Cloutier y Newberry (2002) no era la verdadera FA ya que todos los caracteres presentaron AS.

El picaje a la cloaca fue más frecuente en Leghorn Blanca (8% aproximadamente) que en las cinco razas españolas (en las que variaba del 2% al 4%), indicando que la selección de las gallinas por alta producción de huevos, generalmente conduce a la pérdida del equilibrio homeostático y por lo tanto a un riesgo más alto de problemas fisiológicos y de comportamiento, siendo menos probable que las gallinas utilicen el color del plumaje para elegir a la víctima. Hocking *et al.* (2004) indicaron que existe una fuerte variación genética del picaje y del canibalismo en las razas de aves domésticas.

Los resultados del presente estudio indican que existe relación entre el picaje en la cloaca y la asimetría fluctuante. Las gallinas de varias razas que son picadas en la cloaca al principio de la puesta son más asimétricas y presentan un incremento del valor de FA relativa para varios caracteres. Esto indica que el picaje de cloaca causa consecuencias muy negativas para el bienestar de los animales.

Bibliografía

- Blokhuis HJ, Beuving G, 1993. Feather pecking and other characteristics in two lines of laying hens. Proceedings of the Fourth European Symposium on Poultry Welfare. Edinburgh, UK: 266-267.
- Buitenhuis AJ, Rodenburg TB, Wissink PH, Visscher J, Koene P, Bovenhuis H, Ducro BJ, van der Poel JJ, 2004. Genetic and phenotypic correlations between feather pecking behavior, stress response, immune response, and egg quality traits in laying hens. *Poult. Sci.*, 83, 1077-1082.
- Campo JL, 1998. Conservation and genetical study of Spanish chicken breeds. Proceedings of the Sixth World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, Australia: 155-158.
- Campo JL, Jurado JJ, 1982. Evaluation of multiple trait selection in strains of layers. Proceedings of the Second World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Madrid, Spain: 869-874.
- Campo JL, Orozco F, 1982. Conservation and genetical study of Spanish chicken breeds. Proceedings of the Second World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Madrid, Spain: 88-93.
- Cloutier S, Newberry RC, 2002. Differences in skeletal and ornamental traits between laying hen cannibals, victims and bystanders. *Appl. Anim. Behav. Sci.*, 77, 115-126.
- Hocking PM, Channing CE, Robertson GW, Edmond A, Jones RB, 2004. Between breed genetic variation for welfare related behavioural traits in domestic fowl. *Appl. Anim. Behav. Sci.*, 89, 85-105.
- Jones RB, 1997. Fear and Distress. Appelby, M.C., Hughes B.O. (Eds.), *Animal Welfare*. CAB International, Wallingford, UK: 75-87.
- Kjaer JB, Sorensen P, 1997. Feather pecking behaviour in White Leghorns, a genetic study. *Br. Poult. Sci.*, 38, 333-341.
- Knierim U, van Dongen S, Forkman B, Tuytens FAM, Spinka M, Campo JL, Weissengruber GE, 2007. Fluctuating asymmetry as an animal welfare indicator. A review of methodology and validity. *Physiol. Behav.* (on line).
- Moller AP, Swaddle JP, 1997. *Asymmetry, Developmental Stability, and Evolution*. Oxford University Press, Oxford, UK.
- Palmer AR, 1994. Fluctuating asymmetry analyses: a primer. In: Markow, T.A. (Ed.), *Developmental Instability: Its Origins and Evolutionary Implications*. Kluwer Academic, Dordrecht, The Netherlands: 335-364.

- Potzsch CJ, Lewis K, Nicol CJ, Green LE, 2001. A cross-sectional study of the prevalence of vent pecking in laying hens in alternative systems and its associations with feather pecking, management and disease. *Appl. Anim. Behav. Sci.*, 74, 259-272.
- Savory C, 1995. Feather pecking and cannibalism. *World's Poult. Sci. J.*, 51, 215-219.
- Snedecor GW, Cochran WG, 1980. *Statistical Methods*, seventh ed. Iowa State University Press, Ames, IA.
- Sokal RR, Rohlf FJ, 1981. *Biometry*. Freeman and Co. London, UK.
- Su G, Kjaer JB, Sorensen P, 2005. Variance components and selection response for feather pecking behaviour in laying hens. *Poult. Sci.*, 84, 14-21.
- Yngvesson J, Keeling LJ, 2001. Body size and fluctuating asymmetry in relation to cannibalistic behaviour in laying hens. *Anim. Behav.*, 61, 609-615.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Objetivos, organización y factores limitantes de los programas de selección de las razas autóctonas en España

Trabajo colectivo coordinado por J.M. Serradilla

(ver lista de autores al final del trabajo), pa1semaj@uco.es

Resumen

En esta ponencia invitada se resumen las principales características de los programas de selección de las razas autóctonas que se están llevando a cabo en España. Se describen para cada una de ellas la población controlada, los caracteres registrados, los objetivos y criterios de selección, la valoración genética de los reproductores, los aspectos organizativos, la utilización de la información por parte de los ganaderos y los factores limitantes del progreso genético. Los más antiguos de estos programas comenzaron al principio de la década de los 80 del pasado siglo, la mayoría lo hicieron al final de dicha década o en la siguiente y unos pocos en la década actual. Debido a esta disparidad de fechas de iniciación y a otros factores estructurales y organizativos, sus niveles de desarrollo y efectividad son muy variables. Entre los factores limitantes de dicho desarrollo y efectividad más frecuentemente citados se encuentran los reducidos tamaños de los núcleos de selección, la reducida implantación de la I.A. y, consecuentemente, el bajo número de sementales en prueba de descendencia y las bajas fiabilidades de las valoraciones genéticas, la escasa utilización por parte algunos de los ganaderos de las valoraciones genéticas de sus animales para elegir la reposición en los rebaños y, en un cierto número de casos, la escasa participación e interés de los mismos.

Palabras clave: Programas de selección, razas autóctonas, factores limitantes del progreso genético.

Summary

Objectives, organization and limiting factors of selection programs for indigenous breeds in Spain

This invited contribution summarizes the most important characteristics of selection programs being applied to Spanish indigenous breeds. Population and traits being recorded, selection objectives and criteria, breeding values estimation, managing aspects, diffusion to and use of genetic information by breeders and constraints to genetic progress are synthetically described for each breed. The oldest programs started at the beginning of the eighties of the last century. Most of them began at the end of the eighties or in the nineties and a few were initiated within present decade. Due to these age differences, and to other structural and managing factors, their developmental and effectiveness levels are very variable. Small number of animals being registered and, therefore, selected, low number of dams inseminated and its consequence on the capacity to sire testing and on the reliability of estimated breeding values, the scanty use that some of the breeders make of the genetic evaluations and the low participation of farmers in the programs, are among the most important factors limiting their development and their effectiveness in terms of genetic progress obtained.

Key words: selection programs, indigenous breeds, constraints to genetic progress.

Antecedentes y consideraciones generales

La última revisión del estado de los programas de mejora genética animal en España se realizó en la XI Reunión Nacional de Mejora Genética Animal que se desarrolló en Pamplona en 2002. En aquella ocasión se presentaron ponencias sobre los programas de mejora genética de todas las especies y orientaciones productivas, menos el caprino lechero y las especies de piscifactoría, temas estos que si se habían tratado, junto con todos los mencionados anteriormente, en la anterior ocasión en que se revisó el estado de los programas de mejora genética animal en nuestro país, en la octava de estas reuniones celebrada en León en 1996.

En esta ocasión, los organizadores de la actual reunión me han encargado la preparación de esta ponencia sobre el estado actual de los programas de mejora genética de los animales de interés zootécnico en nuestro país. Dada la magnitud de la tarea, que en ningún caso podría haber abordado yo solo, solicité a todas las personas cuyos nombres aparecen al final de este trabajo, tanto de la Universidad como de los diferentes organismos de investigación y de las propias asociaciones de criadores, la información necesaria para elaborarla. Me he centrado en las razas autóctonas, dejando deliberadamente al margen los esquemas de selección de algunas razas foráneas de rumiantes, ya bien afinadas en España desde hace tiempo, y de las especies de ganadería industrial (cerdo blanco, gallinas y peces), no porque sean menos importantes, si no por, la amplitud del trabajo que haría casi interminable esta ponencia, en la que se trata de abarcar en un solo trabajo todo lo que en las anteriores reuniones fue tratado en varias ponencias diferentes.

Como consecuencia del procedimiento encuestal que he empleado para recabar la información necesaria para redactar esta ponencia y, probablemente como consecuencia de no haber yo planteado adecuadamente las preguntas, la terminología utilizada comúnmente en mejora animal, como son los objetivos, criterios de selección, etc. no son interpretados por todos los que han respondido las encuestas de la misma forma. Esto da lugar a una cierta heterogeneidad entre razas en el significado de las respuestas. Yo he tratado de corregir en parte esta heterogeneidad, espero que acertadamente, reinterpretando algunas de las respuestas a alguno de los conceptos en función de las respuestas a otros conceptos relacionados.

Esta ponencia es un trabajo colectivo de todos los que han respondido a las encuestas que les envié. Lo que he escrito, sin embargo, es mi interpretación de dichas respuestas y, por lo tanto, los fallos y errores son solamente de mi responsabilidad. Pido disculpas a todos los que no haya interpretado adecuadamente, así como a los responsables de razas ausentes, si las hay, a los que pude no enviar las encuestas por un fallo de mi capacidad de memoria.

Paso a describir sintéticamente en forma de tablas, acompañadas por los correspondientes comentarios, las respuestas a las encuestas sobre los esquemas de selección de las diversas razas autóctonas, comenzando por las razas de rumiantes orientados a la producción de leche, siguiendo con las orientadas a la producción de carne, después las razas equinas y, por último por la selección del porcino Ibérico, finalizando la ponencia con unas conclusiones generales.

Programa de mejora genética del vacuno Frisón

Datos poblacionales

Control lechero		I.A	Prueba de sementales			
Nº rebaños	Nº hembras (% censo raza)	% hembras inseminadas	Nº en prueba	Nº hijas/macho	Nº rebaños/macho	Nivel conexión rebaños
8.803	512.000 ¹ 54	90	132 ²	140	110	Alto

¹322.839 vacas con lactaciones controladas en 2006.

²Existen cuatro centros en España con programas de testaje propios consolidados: ABEREKIN S.A. (País Vasco), ASCOL (Asturias), XENETICA FONTAO (Galicia), y CENSYRA León, que ha empezado su programa recientemente, con 36, 25, 60 y 11 (Frisona Española XXVII: 60-2007).

Objetivos y criterios de selección

OBJETIVOS: En el ganado Frisón se busca una mejora de los niveles productivos junto

con el control de caracteres funcionales. En concreto, el índice combinado que refleja la combinación de caracteres evaluados genéticamente es el ICO.

Caracteres controlados

Caracteres registrados ¹ (h ²)									
P. leche	% grasa	% proteína	% extracto seco	Células somáticas	Calificación morfológica	Nº inseminaciones	Facilidad de parto	Velocidad ordeño	
Si	Si	Si	Si	Si	Si ³	Si ²	Si ²	Si ²	Si ²

¹De la información de control lechero se obtiene además el dato de longevidad (meses entre el primer parto y el último control registrado) y los días abiertos (obtenidos restando al intervalo entre partos la duración de la gestación, 282 días).

²En varias CCAA algunos de estos caracteres se han empezado a recoger muy recientemente o incluso todavía no ha comenzado su registro.

³Calificación morfológica lineal de estatura (EST), anchura de pecho (ANPE), profundidad corporal (PC), anchura de grupa (ANCHG), ángulo de grupa (AG), angulosidad (ANG), vista lateral de patas traseras (VLP), vista posterior de patas traseras (VPP), ángulo podal (AP), inserción anterior (IA), altura Inserción posterior (AIP), ligamento suspensor (LS), profundidad de ubre (PU), colocación de pezones anteriores (CPA), colocación de pezones posteriores (CPP), longitud de pezones anteriores (LPA) y miembros y aplomos (MA).

Criterios de selección

Criterios selección		
Sementales ICO ¹	Madres de sementales ²	Madres de hembras reposición rebaños ³

¹El principal criterio de selección para la elección de los sementales a utilizar en inseminación artificial es el ICO, pero cada programa de testaje o casa comercial es independiente en la toma de sus propias decisiones. Para obtener hembras de reposición el ganadero toma sus propias decisiones, pudiendo dar mayor o menor importancia el ICO según sus preferencias. Para elegir los padres de sementales, los centros empiezan a dar ya mayor importancia a los nuevos caracteres funcionales.

²Los padres y madres se eligen entre los mejores reproductores a nivel mundial. Debido a ello, al contratar un gran porcentaje de madres extranjeras, se deben importar los embriones. La decisión relativa a la elección de las madres de sementales corresponde a cada programa de testaje. Dada que la fiabilidad de las pruebas de las vacas no es alta y que son fácilmente alterables por manejo preferencial los centros de testaje suelen exigir además de altos niveles genéticos en los caracteres de interés varias generaciones de datos fenotípicos destacados. Muchas madres de sementales se localizan en otros países.

³El criterio de selección varía mucho según el ganadero. Dispone de la información fenotípica y las valoraciones genéticas de sus animales.

$$ICO=200 + 10 * (12 * KL/630 + 12 * KG/23 + 32 * KP/20 + 3 * ppp/0.11 + 16 * ICU/1.0 + 10 * IPP/1.0 + 9 * IGT/1.0 + 3 * longevidad/10 + 3 * RCS/10),$$

donde:

$$IGT=(3 * EST + 18 * ANG + 4,5 * VPP + 0,5 * ANPE + 10 * PC + 7 * ANCHG + 1 * AG + 4 * AP - 1,5 * VLP + 14 * IA + 24 * AIP + 4 * LS + 6 * PU + 2 * CPA - 0,5 * LPA) / 66,53$$

$$ICAP=(21 * EST + 19 * ANPE + 57 * PC + 3 * ANCHG) / 89$$

$$IPP=(55 * MA + 22 * VPP + 17 * AP - 6 * VLP) / 89,68$$

$$ICU=(20 * IA + 7 * AIP + 22 * LS + 34 * PU + 17 * CPA) / 73,43$$

En la expresión del ICO, las pruebas están divididas entre unos valores, que son las desviaciones típicas de los toros del catálogo para cada carácter.

Se utilizan también unos índices sintéticos de tipo.

Valoración genética

Prueba ADN		Valoración genética ³			Estima tendencia genética Kg/año (1999-2004) ⁴			
Machos	Hembras	Método	Frecuencia	Fiabilidad sementales	Fiabilidad hembras	P. leche	P. grasa	P. proteína
Sementales ¹	¹	Modelo animal ²	2/año	Alta	Baja	79 (0,12)	2,4 (0,11)	2,7 (0,13)

¹Por una parte, se realiza un muestreo aleatorio en la población y, por otra, un muestreo dirigido en ganaderías determinadas. Se contrastan paternidades: de las hembras muestreadas y de todos los sementales y maternidades.

²Se usa el BLUP-modelo animal para todos los caracteres excepto para longevidad que se usan técnicas de análisis de supervivencia (Suval kit).

³Valoración internacional: Las valoraciones nacionales de los toros se envían a INTERBULL que combina las valoraciones calculadas en cada país mediante el método MACE. El MACE es un BLUP modelo macho multicarácter, en el que cada país se trata como un carácter distinto. A cada país INTERBULL le envía las valoraciones de todos los toros del mundo convertidas a su sistema de evaluación.

⁴Estimas obtenidas a partir de los datos proporcionados por CONAFE de las medias de valor genético predicho por año de parto, usando los datos de la evaluación de diciembre de 2007.

Aspectos organizativos

Esquema selección		Gestión esquema selección			Financiación programa selección	
Fecha resolución	Fecha inicio	Organización (nº técnicos)	Organismos asesores	Aportación ganaderos (%)	Aportación MAPA (%)	Aportación C.C.A.A.(%)
1986 ¹	1988 ²	3	INIA	36	17	47

¹Existe un Esquema Nacional de Valoración Genético-Funcional de Sementales Bovinos de Razas Lecheras amparado por la O.M. de 13 de marzo de 1986, obsoleto por la propia dinámica de los procesos de mejora que se han desarrollado en esta raza con el conocimiento expreso y consentimiento del propio MAPA. De tal forma el Esquema de la O.M. tal cual, no existe sino parcialmente. En la práctica no hay un solo Esquema de Selección sino varios que se superponen. Las competencias de control lechero corresponden a las CC.AA. y los programas de testaje son empresas privadas con distinto grado de ayuda de las administraciones públicas autonómicas. CONAFE coordina los aspectos de recogida de datos, gestiona la base de datos nacional y es responsable de la realización de las evaluaciones genéticas y de establecer el índice de mérito genético global (ICO). Cada programa de testaje selecciona los toros a poner en prueba y decide los criterios para mantener un toro activo, pero siempre teniendo como referencia que es CONAFE quien establece los criterios de ordenación para definir cuáles son los mejores sementales de la raza en función de sus méritos genéticos.

²La actual configuración se podría datar en 1988, en el momento en que comenzó la realización de las evaluaciones genéticas con el modelo BLUP Modelo Animal y de forma periódica. Los nuevos programas de testaje comenzaron a finales de los años 80 y desde 1991 todos los datos de control lechero y genealogías de todas las CC.AA. fluyen directamente hacia CONAFE, heredera de la anterior asociación nacional de ganaderos (ANFE).

Utilización de la información por parte de los ganaderos

Reciben controles rendimiento	Reciben valoraciones genéticas		Utilizan valoraciones genéticas	
	Sementales	Todos animales rebaño	Elección reposición machos	Elección reposición hembras
Si ¹	Si ¹	Si ¹	²	Si ²

¹Los ganaderos si reciben los datos de control de rendimiento de sus animales y tienen acceso a las valoraciones genéticas de los reproductores. Las de los sementales son publicadas en el Catálogo de Sementales y en el Catálogo Internacional de Sementales. Las de las vacas se les envían en los informes por ganadería. Además la información de los sementales es accesible en la página Web de CONAFE y cada ganadero puede acceder a toda su información por Internet, mediante la clave correspondiente.

²Los ganaderos individuales NO eligen madres de sementales, esa es tarea de los programas de testaje, aunque estos están a su vez participados por ganaderos. La utilización de los índices genéticos para elegir la reposición depende de cada ganadero, así como el énfasis a poner en cada carácter. Lo que sí sucede es que el plantel de toros cuyo semen se comercializa sí está muy influenciado por la clasificación de los sementales por ICO.

Factores limitantes en el desarrollo del esquema de selección

Se podría considerar aquí la problemática ligada a los datos recogidos por el propio ganadero, como son la facilidad de parto, la mortalidad perinatal o la recogida de los datos de todas las inseminaciones. En algunas CC.AA. estos datos se han empezado a recoger recientemente y cuesta concienciar al ganadero de que se recojan con la mayor precisión, sobre todo en los muchos casos en

que esta recogida no se realiza para la propia gestión de la explotación.

Por otra parte, hay nueva áreas de trabajo en el futuro próximo, como desarrollar la recogida de nuevos caracteres, la progresiva implantación del software común desarrollado por CONAFE para la informatización de los datos de control lechero y libro genealógico en las distintas CC.AA, la continua mejora de las evaluaciones genéticas actuales y la incorporación de la información molecular a las evaluaciones genéticas.

Programas de mejora genética del ovino lechero

Datos poblacionales

		Latxa	Churra	Castellana	Manchega
Controles rendimientos	Nº rebaños	209	80	12	131
	Nº machos (vivos)	3.158 ¹			
	Nº hembras paridas (vivas)	69.752	39.283	8.607	136.943
	% censo raza	25 ²	5	3	13,5
I.A.	% hembras en control inseminada	39	32	12	5,2
Pruebas sementales	Nº en prueba	106/año (aprox.) ³	126 50/año	13 5/año	200/año
	Nº hijas/macho	100-120	50	30	30
	Mº rebaños/macho	10-12	15	5	6
	Nivel conexión rebaños	Alto	De alto a bajo (según rebaños)	De alto a bajo (según rebaños)	Alto

¹Machos en explotaciones en control.

²50% rebaños con mas 100 cabezas.

³47 probados (mejorantes), 102 en testaje y 143 en espera

Existe una marcada diferencia entre las cuatro razas en el censo de población controlada, muy reducida en los casos de la Churra y la Castellana, destacando la Latxa, con una cuarta parte del censo. La incidencia de la I.A., sin embargo es muy baja en el caso de la Manchega y bastante más alta en la Latxa y la Churra. El elevado número de ovejas en control de rendimientos, en el caso de la Manchega, permite probar un importante número de sementales al año, a pesar de la baja tasa de I.A.

El número medio de hijas utilizadas para la prueba de los sementales es muy alto en el caso de la Latxa, pero suficientemente elevado en los demás casos como para que las fiabilidades de sus valoraciones genéticas sean, en general, altas (Tabla 3). El número medio de rebaños con hijas de cada semental en prueba es mayor en los casos de la Latxa y la Churra y casi una tercera parte en los de las otras dos razas. Sin embargo parecen ser suficientes para generar un alto nivel de conexión entre los rebaños (al menos entre algunos de ellos).

Objetivos y criterios de selección

		Latxa	Churra	Castellana	Manchega
Objetivos selección		Producción leche	Producción leche	Producción leche	Producción leche
Caracteres registrados	Leche	Si	Si	Si	Si
	% grasa	Si ¹	Si	No	Si
	% proteína	Si ¹	Si	No	Si
	% extracto seco	Si	Si	No	Si
	Células somáticas	Si	Si	No	Si
	Calificación morfológica	Si ²	Si	No	Si
Criterios selección	Machos I.A.	v.g. leche Morfología mamaria madre	v.g. leche, %proteína, morfología	v.g. leche Morfología	v.g. leche (120 días), morfología
	Madres machos I.A.	Idem	Idem	Idem	Idem
	Madres reposición rebaños	v.g. leche	Idem	Idem	Idem

¹En rebaños con alto uso de I.A.

²Morfología de ubre en rebaños con alto uso de I.A.

Existe una gran homogeneidad entre las diferentes razas en lo referente a los caracteres controlados, con excepción de la Castellana,

en la que solamente se registra la producción de leche.

Valoración genética

		Latxa	Churra	Castellana	Manchega
Prueba ADN	Padres	I.A., resto 1% aleatorio	Sementales	Sementales	Todos
	Madres	Madres sementales I.A., resto 1% aleatorio	Solo lotes con dudas	No	Todas
Valoración genética	Método	Modelo animal (m. repetidas)	Modelo animal (m. repetidas)	Modelo animal (m. repetidas)	Modelo animal (m. repetidas)
	Frecuencia	2/año	2/año	2/año	2/año
	Fiabilidad v.g. machos I.A	Alta	Alta	Media	Alta
	Fiabilidad v.g. hembras	Media-baja	Media-baja	Media-baja	Media
	Estima tendencia genética	Si	Si	No	Si
	leche grasa proteína	2,5-3%	1 litro/año		1,5%
	Años	1990-2007	25 años		1988-2006

En todas las razas se contrastan las paternidades y maternidades declaradas de los descendientes de I.A. mediante marcadores de ADN. Solamente en la raza Manchega se contrastan todas las maternidades y paternidades.

Las fiabilidades de las valoraciones genéticas son, en general, altas para los sementales I.A. y medias o bajas para las hembras.

Solamente en la Castellana (cuyo programa de selección ha comenzado más recientemente) no se han estimado la tendencia genética. Los progresos genéticos observados entran dentro del rango observado en otros programas de selección para leche, como el del vacuno.

Aspectos organizativos

		Latxa	Churra	Castellana	Manchega
Esquema selección	Fecha resolución	Oficial	Oficial	Oficial	03/1986
	Fecha inicio	1982	1986	2000	1987
Gestión esquema selección	Organización	ACOL	ANCHE	ANCA	AGRAMA
	Nº técnicos ¹	0	0	0	0
	Organismos asesores ²	NEIKER	U. León	U. León	CERSYRA, INIA
	Nº asesores	1	2	1	3
Financiación Programa selección	Aportación ganaderos (%)	25	10	10	40
	Aportación MAPA (%)	15	40	60	
	Aportación C. Autónoma (%)	60	40	20	60
	Otras aportaciones (%)		10	10	
		(Diputaciones)		(Diputaciones)	

Destaca la antigüedad de los programas de selección (con excepción de la Castellana) en relación a los de otras razas y especies (con excepción del vacuno lechero). Las aporta-

ciones económicas de los criadores son muy variables, destacando la de los ganaderos de la raza Manchega.

Utilización de la información por parte de los ganaderos

	Latxa	Churra	Castellana	Manchega
Reciben controles rendimiento	Si	Si	Si	Si
Reciben valoraciones genéticas:				
Sementales I.A.	Si	Si	Si	Si
Todos animales rebaño	Si	Si	Si	Si
Utilizan valoraciones genéticas ¹ :				
Elección reposición machos	Si	Si	Si	En general si
Elección reposición hembras	Si	Si	Si	Idem

Existe en todas las razas una buena difusión de los datos de controles lecheros y de las valoraciones genéticas a los ganaderos que, en general, los utilizan para la elección de la reposición, tanto de machos como de hembras.

Factores limitantes en el desarrollo del esquema de selección (orden importancia)

	Latxa	Churra	Castellana	Manchega
Núcleo de selección reducido		1	1	
No conexión entre rebaños				
No prueba descendencia				
No sementales mejorantes				
Bajo % hembras inseminadas				
Escasa información genealógica				
Información insuficiente para valoración g. con metodología actual				
Todos ganaderos no utilizan valoraciones g.				
Escasa participación ganaderos				
Discontinuidad del programa de selección				
Escasez de personal				
Normativa inadecuada				
Otras causas	1 ¹	2 ²		1 ³

¹El factor limitante es la situación socioeconómica del sector y la continuidad de la actividad en relación al relevo generacional. En cuanto a los aspectos técnicos sería de interés inseminar mas animales pero los resultados de fertilidad (en torno al 50%) y la estacionalidad que presenta la raza hacen difícil que aumente el número de animales inseminados. Además, otro aspecto muy importante es la financiación. ya que el programa se sustenta gracias a las aportaciones de las distintas administraciones.

²Escasez recursos económicos.

³Los ganaderos, no siempre utilizan adecuadamente la información recibida. Se debería ampliar algo el núcleo de selección con algún ganadero más. Quizás hasta llegar a los 200 ganaderos.

El tamaño del núcleo de selección es el principal factor limitante para dos de las razas encuestadas. Los problemas de financiación también son mencionados. En el caso de la Manchega, se menciona el que no todos los ganaderos utilizan las valoraciones genéticas para elegir la reposición en sus rebaños.

Programas de mejora genética del caprino lechero

Datos poblacionales

	M-g (Murcia)	M-g (Valencia) ¹	M-g (Granada)	Malagueña	Payoya	Florida	Guadarrama	
Controles	150	23		68	20	24	23	
rendimientos	5.671	305	1.131	1.690	368		100	
Nº hembras paridas vivas	32.971	7.471	32.971	35.900	6.019	8.597	6.200	
% censo raza	?	50 ²	12	5,68 ³	40	58	68	
I.A.	% hembras en control inseminadas	10-15	8	6,06	4,5	7	11	Muy bajo
Pruebas sementales	Nº en prueba	15 (4 probados)	13	15	20 (6-7/año)	8	4	4
	Nº hijas/macho	30-40	13,3	15	20	53	52	?
	Mº rebaños/macho	3-5	6	3	4	7	7	?
	Nivel conexión rebaños	Medio	Alto	Medio	Medio	Alto ⁵	Bajo	Muy bajo

¹Los rebaños de esta comunidad están integrados en la asociación AMURVAL, pero su esquema de selección está integrado en el de ACRIMUR

²En relación al censo de esta raza en la Comunidad Valenciana.

³13,64% del censo de la raza en Andalucía.

⁴No existen sementales en centro de prueba.

⁵Para el núcleo de rebaños conectados por I.A.

⁶El número total de rebaños en los que tienen hijas los 13 machos es 11.

Destaca el alto porcentaje de cabras en control de rendimientos en las razas con menor censo (Payoya, Florida, Guadarrama), frente a bastante menores porcentajes en las razas con mayores censos (Malagueña). La proporción de hembras inseminadas es bastante baja, lo que concuerda con el dato de número de sementales en prueba de descendencia que, en general es bastante bajo. Esto es un indicador de la efectividad de los programas de selección de las razas caprinas autóctonas. Es también de destacar que en ninguna de las razas encuestadas se declare la existencia de machos mejorantes, lo que indica que los programas de valoración de machos por descendencia (que corren paralelos a la implementación de la I.A.) son relativamente recientes,

tal y como se comprueba al observar las fechas de iniciación de los programas de selección que se describen (ver Tabla 4), con excepción del de la Asociación a Murciano Granadina (ACRIMUR). En cuanto al número de hijas con lactaciones completas por semental en prueba, es en general alto, con excepción de la Murciano-granadina del núcleo de control de la Comunidad de Valencia. Sin embargo, estos datos contrastan con las fiabilidades de las valoraciones genéticas de los sementales que no siempre se corresponden con lo esperado de estas cifras (ver Tabla 3). El número de rebaños en los que cada semental tiene hijas es bajo, con la excepción del núcleo de AMURVAL, lo que genera un nivel bajo de conexión entre rebaños.

Objetivos y criterios de selección

	M-g (Murcia)	M-g (Valencia) ¹	M-g (Granada)	Malagueña	Payoya	Florida	Guadarrama
Objetivos selección	Producción leche (210 días)	Producción leche manteniendo % grasa y proteína	C. Lecheros Morfotipo	E. S. Q. ¹ Morfotipo	Producción lechera vitalicia proteína y grasa	E. S. Q. ¹ Morfotipo ⁷	Producción leche
Caracteres registrados	Leche % grasa % proteína % extracto seco Células somáticas Calificación morfológica	Si Si Si Si ? ?	Si Si Si Si Si Global (15-17 meses) Ubre 1 ^{er} parto	Si Si Si Si Si Si	Si Si Si Si Si Si ⁴	Si Si Si Si Si Si ⁸	Si Si Si Si Si No
Criterios selección	Machos I.A.	?	?	Indice ² C. Morfológica	Indice ⁵	Hijos de 4-5% mejores madres y calificación morfotipo	v.g. kg leche (180 días)
	Madres machos I.A.	?	?	Indice ³ C. Morfológica	Indice ⁵	v.g. producción leche y composición morfotipo ⁹	idem
	Madres reposición rebaños	?	?	Indice ³ C. Morfológica	Idem	v.g. producción y composición leche	idem

¹E.S.Q. extracto seco queso (cantidad de grasa + cantidad de proteína)

²Indice = 0,5 valor genético cantidad grasa + 0,5 valor genético cantidad proteína.

³Incluye cantidad leche y cantidad proteína 2^a lactación (240 días) ponderadas.

⁴Solamente a machos de I.A. sus hijas y las madres de éstas

⁵Indice=0,75 v.g. Kg proteína y 0,25 v.g. Kg grasa (vitalicias). Se consideran también la calificación morfológica y la longevidad y baja incidencia mamitis. Solamente se utilizan datos genealógicos contrastados.

⁶Se consideran también parámetros de velocidad de ordeño.

⁷Énfasis en caracteres asociados a longevidad y adaptación ordeño.

⁸Valor morfofuncional global y calificación morfológica lineal.

⁹85 puntos valor global y 40 sistema mamario

Existe una gran homogeneidad entre las diferentes razas en lo que a los caracteres registrados en el control de rendimiento se refiere. Sin embargo, no es así en lo referente a los criterios de selección utilizados. Es frecuente, sin embargo la utilización de algún índice que combina caracteres de producción (leche, proteína, grasa, extrac-

to seco queso) con los de composición (contenidos de estas componentes en la leche). Pero la forma del índice varía de unas razas a otras, lo cual no es extraño, dado que los sistemas de pago de la leche varían también de unos mercados a otros. Casi todos consideran también criterios morfológicos.

Valoración genética

Prueba ADN	Padres	M-g (Murcia)	M-g (Valencia)	M-g (Granada) ¹	Malagueña	Payoya	Florida	Guadarrama ²
		Todos	Todos	I.A. y núcleo selectivo de M.N.	Machos I.A.	Machos I.A.	Machos I.A. y todos en un núcleo de 12 rebaños	Todos ³
	Hembras	Madres sementales I.A. y sementales subasta nacional ⁷	Hijas de I.A. y sus madres ⁶	Madres de candidatos a semental	Hijas de I.A. y sus madres	Hijas de I.A. y sus madres	Hijas de I.A. y todas en un núcleo de 12 rebaños	Todas ³
Valoración genética	Método	Modelo animal (m. repetidas)	?	Modelo macho (m. repetidas)	Modelo animal (m. repetidas)	Regresión aleatoria (día de control) ⁵	Modelo animal (m. repetidas)	Modelo animal (m. repetidas)
Frecuencia Fiabilidad v.g. machos I.A.	Alta	Anual	Anual	Anual	Anual	Anual	Semestral	Anual
Fiabilidad v.g. hembras	Alta	Alta	Alta	Media	Media	Alta	Baja	Baja ⁴
Estima tendencia genética	Si	Si	No	Si	No	No	No	Si
leche	?	?	?	0,34 Kg/año	0,023 Kg/año	0,34 Kg/año	0,3 Kg leche/año	
grasa	?	?	?	0,023 Kg/año	0,023 Kg/año	0,34 Kg/año		
proteína	?	?	?	0,34 Kg/año	0,34 Kg/año	0,34 Kg/año		
Años	?	?	?	1985-2006	1985-2006	1985-2006		1996-2006

¹Las valoraciones genéticas se han realizado solamente en un núcleo reducido de 15 rebaños conectados por machos de I.A.

²Valoraciones y selección intrarebaños.

³Se reconstruyen todas las genealogías con marcadores.

⁴Se trata de machos en su mayoría en M.N.

⁵Desde el 2008

⁶Y todas en 4 rebaños

⁷También 10% paternidades compra venta de animales para vida.

Destaca el hecho de que en todas las razas se hace algún tipo de verificación de filiaciones mediante microsatélites; si bien, en casi todos los casos, menos en el de la cabra del Guadarrama en cuyo esquema de selección apenas se utiliza la I.A. y se verifican todas las filiaciones, la verificación se restringe a los productos de la I.A. y en algunas ocasiones (solamente a los que van a ser destinados sementales en prueba). En cuanto al método y modelo utilizado en la valoración genética, la única excepción es la raza Payoya, para cuya última valoración genética (2008) se ha utilizado un modelo de regresión aleatoria ("test day"). Las fiabilidades de las valoraciones genéticas son

en general bajas o medias, con excepción de las de ACRIMUR y de las de los machos en la valoración realizada por regresión aleatoria en la Payoya. Solamente en dos de las razas (la Murciano-granadina en la Asociación Española de Criadores de la Cabra Murciano-Granadina y la del Guadarrama se han realizado estimas de tendencia genética. Coinciden ambas en valores similares de ganancia genética anual para la producción lechera. La ganacia genética en el contenido de grasa en la leche es, en el caso en el que se ha estimado (Murciano-granadina) muy baja, como era de esperar en un carácter con un importante efecto de la dieta.

Aspectos organizativos

	M-g (Murcia)	M-g (Valencia)	M-g (Granada)	Malagueña	Payoya	Florida	Guadarrama
Esquema selección	¿	3	05/1999 2003	05/1999 ? 1999	Comunicación C.A. 2000	11/2004 2005	No oficial 1997
Gestión esquema selección	ACRIMUR 3	AMURVAL 1	ANCCMG 0	AECOM 2	ACRCP 1	ACRIFLOR 3	ACGCRG 2
Organismos asesores ²	INIA, IMIDA ⁶	UPV y CITA (IVIA)	UCO	UCO	UCO	UCO	INIA
Nº asesores	7	1	2	2	2	2	2
Financiación Programa selección							
Aportación ganaderos (%)		25	4	15	40	25	20
Aportación MAPA (%)	65-70		30	30		22	
Aportación C. Autónoma (%)	30-35	50 ⁴	60	45	60	53	80
Otras aportaciones (%)		25 ⁵	6	15			

¹Que participan en la gestión del esquema de selección

²Universidades u organismos de investigación que participan asesorando y/o realizando valoraciones genéticas.

³EI de ACRIMUR.

⁴Proyecto CAPA

⁵INIA y MEC

⁶Participan también los Núcleos de Control Lechero (AMURVAL, NUCOLEMUR, ANCLA, NUCLEOCYL, AGCLEMA) y 3 centros de testaje: Lorca (Murcia), Toro (Zamora) y Segorbe (Castellón).

Todos los esquemas de selección, excetando el de ACRIMUR, tienen una historia corta, lo que justifica lo anteriormente descrito en relación al escaso número de sementales en prueba, la ausencia de sementales declarados mejorantes. Todos están asesorados por organismos públicos de investigación (universidades e institutos

de investigación, en los que además de otras funciones de asesoramiento se realizan las valoraciones genéticas. Todos tienen una financiación pública que cubre más de la mitad de su presupuesto, si bien existen importantes diferencias en lo que a la aportación de los ganaderos se refiere, destacando el caso de la raza Payoya, con un 40%.

Utilización de la información por parte de los ganaderos

	M-g (Murcia)	M-g (Valencia)	M-g (Granada)	Malagueña	Payoya	Florida	Guadarrama
Reciben controles rendimiento	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si
Reciben valoraciones genéticas:							
Sementales I.A.	Si	No ³	Si	Si	Si	Si	Si ²
Todos animales rebaño	Si		Solo hijas I.A.	Si	Si	Si	Si
Utilizan valoraciones genéticas ¹ :			No ³				
Elección reposición machos	La mayoría			Grado utilización variable	Grado utilización variable	Si	Si
Elección reposición hembras	Idem			Idem	Idem	Si	Si

¹Las madres de reposición sementales I.A. las seleccionan en todos los casos los técnicos del programa.

²Sementales en prueba en sus propios rebaños.

³Se van a realizar valoraciones genéticas por primera vez en 2008.

Todos los ganaderos reciben tanto los datos del control de rendimiento de sus cabras como las valoraciones genéticas de todos sus animales, así como las de los sementales en prueba, excepto en el caso del núcleo

AMURVAL en el que se comenzarán a hacer valoraciones genéticas el presente año. Sin embargo, en varios casos no todos los ganaderos utilizan dichos valores para realizar la elección de los reproductores.

Factores limitantes en el desarrollo del esquema de selección (orden importancia)

	M-g (Murcia)	M-g (Valencia)	M-g (Granada)	Malagueña	Payoya	Florida	Guadarrama
Núcleo de selección reducido	3	1		2	5	2	9
No conexión entre rebaños	4	11			6	3	4
No prueba descendencia	5	7					1
No sementales mejorantes	6	2		1	3	4	2
Bajo % hembras inseminadas		3			2		3
Escasa información genealógica		5					12
Información insuficiente para valoración g con metodología actual							
Todos ganaderos no utilizan valoraciones g.	2	4		3	7	5 ⁵	5
Escasa participación ganaderos	1	6			4		6
Discontinuidad del programa de selección	8	9					10
Escasez de personal	7	8					7
Normativa inadecuada		10	1				8
Otras causas			2 ¹	4 ²	1 ³	1 ⁴	

¹No se ha desarrollado suficientemente el control genealógico y baja eficacia del control de rendimientos.

²Bajo porcentaje de lacataciones terminadas de hijas de machos en prueba, en relación al número de inseminaciones realizadas.

³Escasa formación, conciencia de trabajo en grupo y rutina de recogida de información por parte de los ganaderos. Poca valoración de los trabajos técnicos, de la importancia de la participación para el logro de objetivos comunes e individuales. Crisis económica del sector; la mejora genética no es una tarea prioritaria.

⁴Baja fertilidad I.A.

⁵Una gran parte de los ganaderos deja todas las hembras que nacen de reposición por estar aumentando el tamaño de los rebaños.

Existen diferencias en la percepción que tienen los diferentes encuestados respecto al orden de importancia de los factores limitantes del desarrollo y eficacia de los programas de selección que se mencionan en la tabla, pero tamaños reducidos del núcleo de selección, la ausencia de semen-

tales declarados mejorantes, el uso insuficiente de las valoraciones genéticas por parte de los ganaderos y la insuficiente participación de los ganaderos, figuran entre las primeras. En un caso se declara también como importante la inadecuación de la normativa.

Programas de mejora genética del vacuno de carne

Datos poblacionales

	Asturiana de la Montaña	Asturiana de los Valles	Avileña Negra Ibérica	Morucha	Pirenaica	Retinta	Rubia Gallega	Tudanca
Controles								
Nº rebaños	550	3.400	139	42	835 ⁶	200 (75) ¹¹	2.005	20-30
Nº machos reproductores vivos	220	2.300	200 ²		7.050	4.000 50 ¹¹	500	100
Nº hembras paridas vivas	4.200	42.800	5.000	2.129 ¹	21.600	46.700 (5.800) ¹¹	15.000 ⁸	300
% censo raza	89	40		4	100	37,5 (% sobre libro genealógico)	50	10
Terneros		40.000	2.800 ²	2.129	6.550	4.000 (40.000 histórico)	10.500	300
I.A.								
% hembras en control inseminadas	1	36-37	5 ³	0 ⁴	20	4,2	60	Muy pocas
Pruebas sementales								
Nº en prueba	52 ¹²	160		7 ⁵	10 ⁷	50	10	15-20 ¹²
Nº hijas/macho		6-50			Variable	Mínimo 20	Variable	
Nº rebaños/macho		6-20			Variable	Variable	Variable	
Nivel conexión rebaños	Bajo ⁹	Alto/medio ¹⁰	Bajo	Bajo	Muy alto	Medio	Medio	Bajo ⁹

¹En el año 2007.

²Puros Avileños, no cruzados. En el periodo post-destete los animales se controlan en cebaderos comerciales pero existe un Centro de Control donde se llevan unos 250 terneros al año que mimetizan las condiciones comerciales excepto por los aspectos sanitarios que hace que los animales se puedan recuperar para vida, si así lo deciden los ganaderos.

³Los ganaderos son reacios a la inseminación por múltiples razones. Aún así, existe un cierto grado de conexión entre rebaños, pero las precisiones de las valoraciones son bajas respecto de un sistema donde la IA se utilizara masivamente.

⁴Bajísima fertilidad de la I.A. en extensivo.

⁵Prueba individual.

⁶Está en control genealógico la totalidad de la población. El control de producciones se realiza en 207 explotaciones. En la actualidad este sistema está en regresión y se intenta sustituir por los datos de SIMOGAN.

⁷Los 10 sementales en prueba son los que han sido preelegidos por el centro de inseminación y de los cuales se empieza a distribuir semen.

⁸El control genealógico se realiza sobre unas 30.000 hembras reproductoras. Sin embargo, algunos censos mencionan 200.000 reproductoras.

⁹Tamaño medio de explotaciones bajo y escasa utilización de IA dificulta la conexión entre grupos de contemporáneos.

¹⁰Según caracteres.

¹¹Caracteres reproductivos (caracteres de crecimiento).

¹²Son animales en control individual de crecimiento.

Destaca el elevado número de rebaños y animales, así como los altos porcentajes del censo total de la raza, en control existente en casi todas las razas de vacuno de carne.

El empleo de la I.A. es en general bajo, salvo en la Asturiana de los Valles, la Pirenaica y la Rubia Gallega.

Muchas de ellas tienen centro donde se prueban sementales, pero en algunos casos (Asturiana de la Montaña, Morucha y Tudan-

ca) se realizan solamente controles individuales de crecimiento. En los casos en los que se realizan pruebas de descendencia, el número de hijas por semental no se especifica, pero en algunos casos debe de ser bajo, ya que la fiabilidad de las valoraciones genéticas es media o baja (ver Tabla 3). Las conexiones entre los rebaños son variables, coincidiendo los más bajos con aquellas razas en las que no hay prueba de sementales o hay poca I.A.

Objetivos y criterios de selección

	Asturiana de la Montaña	Asturiana de los Valles	Avileña Negra Ibérica	Morucha	Pirenaica	Retinta	Rubia Gallega	Tudanca
Objetivos selección	Crecimiento hasta 16 meses	Crecimiento y desarrollo muscular hasta 14 meses	¹	Producción cárnica al final del cebo	Peso sacrificio ⁴ y 110	Crecimiento, conformación y reproducción	Peso a los 7 meses ⁶	Crecimiento ⁹ predestete y crecimiento postdestete
Caracteres registrados	Fertilidad Pesos predestete (a días)	No Medidas corporales al destete	No Destete	No Nacimiento y 210 (destete)	No Nacimiento y 110	Si Pesadas periódicas (tipifica 120, 180 días)	No Nacimiento y destete	No Peso destete
	Pesos postdestete	Crecimiento postdestete ⁷	En cebo		310 ⁵	Pesadas ¹⁰ periódicas		Peso al año
	Canal	No	Si ²	No	Si ⁴	Si ¹¹ (en fase experimental)	No	No
	Calificación morfológica	Lineal	Si ¹²	Si	Si	Si	Si	?
Criterios selección	Sementales	Crecimiento en pastoreo V. individual en estación) ¹⁵	³	v.g. GMD post destete, índice transformación, morfología	Peso al nacimiento y a los 7 meses (ICO paterno)	Peso a los 4 y 6 meses	Peso al nacimiento y a los 7 meses (ICO paterno)	Crecimiento en pastoreo V. individual en estación)
	Madres de sementales	Características morfológicas	³	Índice aptitud maternal	Ídem+ICO materno	Índice Global (maternos, reproductivos, morfológica)	Ídem+ caracteres de la vaca maternos	Morfología de la vaca
	Madres de reposición de hembras	No	Capacidad de cría al destete	Índice aptitud maternal	Ídem+ICO materno	Ídem	?	No

¹No existe un objetivo único y ahora es un momento de incertidumbre. El ganadero tradicional ha dejado paso a ganaderos con distintos sistemas y orientaciones. El ganadero que busca fundamentalmente vender hembras como reproductoras para cruce y terneros al destete mantiene un equilibrio entre la capacidad de cría y el potencial de crecimiento al destete. Hay otro sector de ganaderos que han puesto más énfasis en el rendimiento en cebo de los terneros.

²Peso canal, rendimiento canal, estado de engrasamiento, conformación de la canal y pH a 24 h. del sacrificio.

³Depende del tipo de producción. Hay ganaderos que buscan la aptitud de cría y otros un equilibrio entre potencial de crecimiento y aptitud de cría.

⁴Sin incrementar el peso al nacimiento. Se empiezan a considerar las características de la canal.

⁵Recientemente, los datos de SIMOGAN.

⁶Sin incrementar el peso al nacimiento.

⁷Crecimiento postdestete medido en centro de testaje y comportamiento en pastoreo.

⁸Crecimiento postdestete (centro de valoración individual), dificultad al parto, desarrollo muscular al año.

⁹Crecimiento postdestete solamente en centro de valoración individual en pastoreo.

¹⁰En centro de testaje crecimiento en prueba y peso a los 12 meses

¹¹Peso canal, rendimiento canal, estado de engrasamiento, conformación de la canal y pH a 24 h. del sacrificio

¹²Combina características de estándar racial y funcionalidad. Está en proceso el cambio a un sistema lineal donde se separa claramente la calificación de estándar racial y la calificación funcional.

¹³Que han superado los niveles fijados para crecimientos pre- y post-destete.

¹⁴Selección en tres etapas: selección basada en información de madres y del ternero hasta el destete (1ª etapa), selección individual en centro de testaje para crecimiento postdestete (2ª etapa), selección sobre descendientes para facilidad al parto (3ª etapa)

¹⁵Selección en dos etapas: Por ejemplo, un ternero es seleccionado para ir a invernar al centro de testaje utilizando las características morfológicas de la madre y su peso al destete (1ª etapa), en la segunda etapa se selecciona por su crecimiento postdestete en pastoreo también en centro de control individual.

En pocos casos se registran, o se tienen en cuenta, datos relativos a la reproducción de las hembras (precocidad, intervalo entre partos). En todas se registran pesos de los terneros pre- y post-destete y en varias (asturiana de los Valles, Avileña, Pirenaica y Retinta) se registran características de la canal; en algunas de ellas (Avileña y Retinta) con medidas de conformación, estado de engrasamiento y pH 24 h. después del sacri-

ficio) En todas se registran características morfológicas.

En todas las razas se considera el crecimiento como criterio de selección de los sementales, en algunos casos en estación y en otros en pastoreo. Las características maternas se declaran como criterio de elección de sementales en varios casos (Asturiana de los Valles, Avileña) y como criterios de selección de las madres en casi todos.

Valoración genética

Prueba ADN	Padres	Si ⁵	Asturiana de la Montaña	Asturiana de los Valles	Sementales I.A.	Avileña Negra Ibérica	Morucha	Pirenaica	Retinta	Rubia Gallega	Tudanca
Padres	Si ⁵	Sementales I.A.	Todos	No	Ocasionalmente	Sementales centro testaje					
Madres	Si ⁵	Madres . sementales I.A. ⁶	Todas	No	Ocasionalmente	Sementales centro testaje					
Valoración genética	Método animal univariante	Modelo animal	Modelo animal ¹	Modelo animal	Modelo animal	Modelo animal	Modelo animal	Modelo animal	Modelo animal	Modelo animal	Modelo animal
Frecuencia	1/año	Cada 8-12 meses	2/año	1/año	1/año	1/año	1/año	1/año	1/año	1/año	1/año
Fiabilidad v.g. machos I.A	Media	Alta	Media ²	Baja	Alta	Alta	Alta	Alta	Alta	Alta/media	Alta
Fiabilidad v.g. hembras	Media	Media	Baja ³	Baja	Media/alta	Media	Media	Media	Media	Media	Media
Estima tendencia genética	No	No	Si	No	No	Si	No	No	Si	No	No
Pesos											
Calificación morfológica											
Años											

¹Con efecto materno en el caso de los caracteres registrados antes del destete. Se espera aplicar un modelo de regresión aleatoria en las próximas valoraciones.

²Destete directo 44%. Destete materno 37%. Peso 365 días 66%.

³Destete directo 21%. Destete materno 29%. Peso 365 días 34%.

⁴(1986-2007): Destete directo 225 g/año y destete materno 100 g/año. (1998-2007): Peso 365 días 914 g/año.

⁵Machos del banco de germoplasma y sus madres, animales del centro de testaje y animales que participan en concursos.

⁶Machos en el centro de testaje y animales que participan en los concursos.

⁷Y animales que participan en concursos.

Salvo en la Morucha, Pirenaica y Rubia gallega, en las que no se hacen controles de paternidad con pruebas de ADN, o se hacen solo ocasionalmente. En todas las demás se llevan a cabo al menos en lo referente a los sementales.

Las fiabilidades de las valoraciones genéticas son en general medias o altas para los

sementales (salvo en los casos de la Morucha y la Tudanca, que son también las que tienen menores censos controlados). Las fiabilidades de las hembras son en general medias.

Solamente en la Avileña y la retinta se han estimado tendencias genéticas.

Aspectos organizativos

	Asturiana de la Montaña	Asturiana de los Valles	Avileña Negra Ibérica	Morucha	Pirenaica	Retinta	Rubia Gallega	Tudanca
Esquema selección	Resolución comunicada ?	Resolución comunicada ?	Resolución comunicada 1991	Resolución comunicada ?	BOE 16/03/88	Resolución comunicada 1992	Resolución comunicada 09/1996 ⁷	Resolución comunicada ?
Fecha inicio	1991	1991	1985	1992	1987	1992		1992
Gestión esquema selección	ASEAMO ⁸ 1	ASEAVA ⁹ 1	AECRANI ² 1	ANCRMS ³	CONASPI ⁴ 6	ANCRE ¹¹	ACRUGA ⁵ 2	ANCVSRT ¹⁰ 1
Organismos asesores	U. Complutense U. Valladolid U. Oviedo	U. Complutense U. Valladolid U. Oviedo	INIA	U. de León	U. Zaragoza, ITG Navarra, IKT (P. Vasco) y ABEREKIN	U. Córdoba	U. Zaragoza y CENSYRA (Lugo)	U. Complutense
Nº asesores	4	4	3	1	4	3	?	1
Financiación Programa selección	Aportación ganaderos (%)	38	20	10	20	20	0	30
Aportación MAPA (%)	35	30	60	72	50	50	40	30
Aportación C. Autónoma (%)	30	32	20	10	20	30	30	40
Otras aportaciones (%)				8 ⁶	10		30	

¹Asociación de Criadores de Ganado Vacuno de Raza Charoles de España

²Asociación Española de Criadores de la Raza Avileña Negra Ibérica.

³Asociación Nacional de Criadores de Ganado Vacuno de Raza Morucha Selecta.

⁴Confederación de Asociaciones de Raza Pirenaica.

⁵Asociación Nacional de Criadores de Ganado Vacuno Selecto de Raza Rubia Gallega

⁶Diputación de Salamanca.

⁷Modificada en 12/2000.

⁸Asociación Española de Criadores de Ganado Vacuno Selecto de Raza Asturiana de la Montaña.

⁹Asociación Española de Criadores de Ganado Vacuno Selecto de Raza Asturiana de los Valles.

¹⁰Asociación nacional de Criadores de Vacuno Selecto de la Raza Tudanca.

¹¹Asociación Nacional de Criadores de Vacuno Selecto de la Raza Retinta

Prácticamente todos los programas tienen casi veinte años de antigüedad, pero al no existir estimas de tendencia genética es difícil saber lo eficaces que están resultando; si bien, a juzgar por la escasa implantación de la I.A. es de suponer que, al menos desde el

punto de vista de difusión de la mejora no pueden ser muy eficaces.

La aportación económica de los ganaderos, salvo en el caso de la Morucha y la Rubia Gallega, es importante.

Utilización de la información por parte de los ganaderos

	Asturiana de la Montaña	Asturiana de los Valles	Avileña Negra Ibérica	Morucha	Pirenaica	Retinta	Rubia Gallega	Tudanca
Reciben controles rendimiento	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si
Reciben valoraciones genéticas:								
Sementales I.A.	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si
Todos animales rebaño	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si
Utilizan valoraciones genéticas:								(Difícil saberlo)
Elección reposición machos	No todos	No todos	No todos	Si	No todos	No todos	No todos	No todos
Elección reposición hembras	No todos	No todos	No todos	No	No todos	No todos	No todos	No todos

La difusión de la información (controles de rendimiento y valoraciones genéticas de sus animales) a los ganaderos es buena. Sin embargo, en casi todos los casos se declara que no todos ellos hacen uso de los valores

genéticos de sus animales para elegir la reposición en sus rebaños. Esto, posiblemente confirma la suposición hecha anteriormente de poca efectividad de los programas.

Factores limitantes en el desarrollo del esquema de selección (orden importancia)

	Asturiana de la Montaña	Asturiana de los Valles	Avileña Negra Ibérica	Morucho	Pirenaica	Retinta	Rubia Gallega	Tudanca
Núcleo de selección reducido		4 ⁷		2	1	4	1	1
No (o poca) conexión entre rebaños	1		1					2
No prueba descendencia								
No sementales mejorantes								
Bajo % hembras inseminadas con machos mejorantes	3			3	2	3		3
Escasa información genealógica								
Información insuficiente para valoración g. con metodología actual								
Todos los ganaderos no utilizan valoraciones genéticas	4	1			3	2	2	4
Escasa participación ganaderos					4	1	3	5
Discontinuidad del programa de selección								
Escasez de personal	5	2						5
Normativa inadecuada								
Otras causas	2 ⁴ 6 ⁵	3 ⁶	2 ¹	1 ²	5 ³			8

¹ Incertidumbre hacia donde orientar la producción de carne. Tanto la Asociación como el equipo del INIA pensamos que la Avileña debería no poner todos sus esfuerzos en aumentar cantidad de carne, sino en la búsqueda de valor añadido (calidad de productos) y de nuevos caracteres orientados a la reducción de los costes de producción, especialmente para adaptarse a sistemas de producción donde la disponibilidad de alimentos es un factor limitante y las condiciones de temperatura son extremas. Por otra parte, está claro que la raza juega un papel como mantenedores del medio ambiente y eso se debe de cuantificar y poder incorporar en un índice de forma que compense buscar caracteres como la longevidad funcional, la capacidad de movilizar reservas, la eficiencia energética etc.

² Dificultad para inseminar a las vacas en el sistema extensivo de explotación de la raza.

³ La población es pequeña.

⁴ Pocos caracteres registrados.

⁵ Se pone también énfasis en la elección de machos por su reducido parentesco medio con el fin de no incrementar en exceso los niveles de endogamia, lo cual también tiene una incidencia en lo que puede considerarse como progreso genético por selección.

⁶ Escasos incentivos que justifiquen un programa de elevado coste y número de caracteres registrados reducido.

⁷ El número de animales de los que se dispone de toda la información es reducido.

⁸ Es una raza que por sus efectivos y el nivel de cruzamiento industrial debería centrar sus actividades más en no reducir la variabilidad genética que en seleccionar para caracteres de productividad.

El reducido tamaño del núcleo de selección, la escasa conexión entre rebaños, el bajo porcentaje de hembras inseminadas con semen de machos mejorantes, el hecho de que no todos los ganaderos utilicen las valoraciones genéticas para elegir la reposición de los sus rebaños, la escasa participación de los ganaderos, las dificultades de implementar la inseminación en las condiciones de explota-

ción usuales y la incertidumbre del sector respecto a los objetivos de producción, se mencionan como las principales causas limitantes de los esquemas de selección de estas razas.

Programa de mejora genética del toro de lidia

Datos poblacionales

Controles		I.A	Prueba de sementales	Nivel conexión rebaños
Nº rebaños	Nº hembras (% censo raza)	% hembras inseminadas		
		Testimonial	No existe	Bajo ¹

¹A pesar de que el tamaño medio de las explotaciones es elevado, la escasa utilización de IA y el reducido intercambio de reproductores dificulta la conexión entre grupos de contemporáneos.

Objetivos y criterios de selección

relacionados con la lidia a pie en festejos picados y la tienta.

OBJETIVOS: En el toro de lidia se busca mejorar los caracteres de comportamiento

Caracteres controlados

Caracteres registrados¹

Acometividad	Toreabilidad	Fiereza	Caída	Movilidad	Recorrido	Meter la cara
--------------	--------------	---------	-------	-----------	-----------	---------------

¹Pueden variar, según criterios de los ganaderos. Se registran mediante puntuación subjetiva en una escala discreta.

Criterios de selección

posible hacer una cuantificación porque este énfasis varía de uno a otro ganadero y de una temporada a otra, en función de la situación de la ganadería.

Posiblemente ponen diferente énfasis en los caracteres de comportamiento cuando se trata de machos y de hembras, pero no es

Criterios de selección

Sementales	Madres de sementales	Madres de hembras reposición rebaños
------------	----------------------	--------------------------------------

Valoración genética

Prueba ADN		Valoración genética ³				Estima tendencia genética
Machos	Hembras	Método	Frecuencia	Fiabilidad sementales	Fiabilidad hembras	
1	1	Modelo animal ²	Anual	Media	Media	No sistemática

¹Aleatoriamente o ante determinados problemas y dudas.

Aspectos organizativos

Esquema selección		Gestión esquema selección		Financiación programa selección		
Resolución	Fecha inicio	Organización (nº técnicos)	Organismos asesores (nº técnicos)	Aportación ganaderos (%)	Aportación MAPA (%)	Aportación C.C.A.A.(%)
Comunicada	2007	1	U. Complutense 2	30-50	50-70	

Utilización de la información por parte de los ganaderos

Reciben controles rendimiento	Reciben valoraciones genéticas	Utilizan valoraciones genéticas	
		Elección reposición machos	Elección reposición hembras
Si	Si	Si	Si

Factores limitantes en el desarrollo del esquema de selección

1. No hay conexión entre rebaños.
2. Se inseminan pocas hembras con el semen de sementales probados mejorantes.
3. No se realizan valoraciones genéticas para una gran mayoría de animales registrados.

4. Escasez de personal para llevar el esquema.

5. Escasa participación de los ganaderos.

6. La raza de lidia tiene una serie de peculiaridades, entre ellas el estar muy subdividida en líneas o encastes prácticamente aisladas genéticamente y en los que las actuaciones genéticas podrían diferir mucho en relación al énfasis selección/conservación.

Tabla 1. Datos poblacionales

	Merina	Rasa Aragonesa ¹	Rasa Aragonesa ²	Segureña	Navarra
Controles rendimientos					
Nº rebaños	56	389	137 ⁴	81	84
Nº machos reproductores	200 ¹	7.682	117	687	3.000
Nº hembras paridas vivas	5.720 ²	369.328	108.139 ⁵	189.849 ⁶	70.000
% censo raza	25 ³	26,5	7,76	8,5 ⁷	20
I.A.					
% hembras en control inseminadas	5	4	7,46	16,66	6
Pruebas sementales					
Nº en prueba	70	40/año	27	35	11/año
Nº mejorantes			5		
Nº hijas/macho	50		53,36	30	
Mº rebaños/macho	2			3	
Nivel conexión rebaños	Medio	Bajísimo	Medio	Alto	Bajísimo

¹976 en el histórico

²3.100 en control de crecimiento de sus corderos (27.739 en el histórico).

³% del total de animales (machos y hembras) inscritos en el libro genealógico.

⁴74 de ellos conectados con un mínimo de 20 hijas de 5 machos diferentes.

⁵La cifra en la tabla corresponde a hembras vivas. En total hay datos de 193.968 l con 741.261 partos.

⁶Número de hembras vivas con control de prolificidad. En 2007, se controló el crecimiento de 5.612 corderos.

⁷En cuanto a prolificidad. En cuanto a controles de pesos, el 2,55%

Existe una gran heterogeneidad entre razas en lo relativo al número de rebaños y animales en control de rendimientos. Es de destacar el caso de la Rasa Aragonesa, que entre los dos programas de selección que se describen suman un considerable colectivo de rebaños y animales, aunque en términos de porcentaje del censo total de la raza controlado, está próxima a la Navarra.

En cuanto a la incidencia de la I.A. en los programas, destaca la raza Segureña. Solamente

en uno de los programas (el de la RASA Aragonesa de Carne Aragón) se declara tener machos mejorantes.

El número de hijas de machos en prueba no es demasiado alto, lo que redundaría en las fiabilidades de las valoraciones genéticas de los sementales (ver tabla 3). El número medio de rebaños conectados por cada semental en prueba es muy bajo, lo que implica una mala conexión entre rebaños.

Tabla 2. Objetivos y criterios de selección

	Merina		Rasa Aragonesa ¹		Rasa Aragonesa ²		Segureña		Navarra	
Objetivos selección	Crecimiento corderos Cualidades maternas Morfología ¹	Producción carne por oveja	Producción carne por oveja	Producción carne por oveja	Prolifricidad ⁵	Prolifricidad ⁵	Crecimiento corderos y prolificidad ovejas	Crecimiento corderos y prolificidad ovejas	Producción carne por oveja	Producción carne por oveja
Caracteres registrados										
Fertilidad	Si	No	No	No	No	No	No	No	No	No
Prolifricidad	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si
Pesos (adlas)	75	No	No	No	No	No	307, 45, 75	307, 45, 75	No	No
Ganancias peso (periodos entre días números)	0-30 30-75	No	No	No	No	No	0-30 0-45 0-75	0-30 0-45 0-75	No	No
Calificación morfológica	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si
Defectos	Sj ²	?	?	?	Si	Si	Si	Si	?	?
Locus PRNp	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si	Si
Criterios selección										
Machos I.A.	Morfología, crecimientos y prolificidad ³	v.g. prolificidad, morfología PRNp	v.g. prolificidad, morfología PRNp	v.g. prolificidad, morfología PRNp	v.g. prolificidad y estándar racial	v.g. prolificidad y estándar racial	v. g. directo y materno para . pesos y g.m.d	v. g. directo y materno para . pesos y g.m.d	v.g. prolificidad, morfología PRNp	v.g. prolificidad, morfología PRNp
Madres machos I.A.	Valores genéticos para ⁴	Idem	Idem	Idem	Idem	Idem	Índice ⁸	Índice ⁸	Idem	Idem
Madres reposición rebaños	Idem anterior	Idem	Idem	Idem	En pocos casos v.g. prolificiad ⁶	En pocos casos v.g. prolificiad ⁶	Índice ⁸	Índice ⁸	Idem	Idem

¹Incluida entre las características raciales la producción de lana.
²Arcada dentaria defectuosa, pigmentaciones, lana heterotípica, aplomos malos, barrocos, arrugas
³Valor genético morfología, valor genético para crecimiento predestete (30 d), valor genético en cebo (45-75) e índice de peso de la camada a los 75 días
⁴Valor genético morfológico, valor genético para crecimiento predestete, valor genético en cebo e índice de peso de la camada a los 75 días. Índice maternal global.
⁵Incremento de prolificidad por parto de 1,3 a 1,5 en 10 años.
⁶En la mayoría de los casos solamente adecuación al estándar racial.
⁷En los casos de destete precoz.
⁸Índice que combina valores fenotípicos de prolificidad de la oveja en el segundo parto, puntuación morfológica global y peso de la oveja a los 70 días de vida.

Tabla 2. Aparte del carácter prolificidad, que es registrado en todos los programas, hay diferencias entre ellos en lo que se refiere a los demás caracteres. Así, no tienen ningún control de los pesos de los corderos ni la Rasa Aragonesa ni la Navarra. La calificación morfológica es común en todas ellas, como lo es también, por imperativo legal, la determinación del genotipo para el locus PRNp

En consonancia con lo anterior, los criterios de selección son diferentes en las distintas razas. Solamente la morfología es tenida en cuenta en todas ellas. En el caso de la segureña se consideran como criterios tanto los valores genéticos directos como maternos de los crecimientos.

Tabla 3. Valoración genética

	Merina	Rasa Aragonesa ¹	Rasa Aragonesa ²	Segureña	Navarra
Prueba ADN					
Padres	Solo sementales ¹	Ocasional a machos candidatos	?	Sementales I.A. ³	Ocasional a machos candidatos
Madres	No ¹	Idem	?	Madres sementales I.A.	Idem
Valoración genética					
Método	Modelo animal (Regresión Aleatoria experimental)	Modelo umbral	Modelo animal (med. repetidas)	Modelo animal ²	Modelo umbral
Frecuencia	Semestral	Semestral	Anual	Anual	Semestral
Fiabilidad v.g. machos I.A	Media	Bajo	Media	Baja-Media	Baja
Fiabilidad v.g. hembras	Baja	Muy baja	Media	Baja	Muy baja
Estima tendencia genética	Si	Pequeñas pruebas ocasionales	Si	Si	Pequeñas pruebas ocasionales
Prolificidad			Aprox. 0,25 ⁵	- 0.000435 crías/año ⁴	
Pesos	0,085 Kg/año (75 días)				
Calificación morfológica	0,1 punto/año				
Años	10 años		1990-2004		

¹Se contrasta una muestra aleatoria de animales para contrastar datos de montas dirigidas.

²Con efectos maternos para los caracteres de crecimiento y con medidas repetidas para la prolificidad.

³En un núcleo reducido de rebaños se controlan todos los sementales.

⁴Valor estimado componente directo: Peso 30 días: + 0.00761 kg./año. Peso 45 días: + 0.00764 kg./año. Peso 75 días: + 0.01135 kg./año. Ganancia media diaria 0-75 días = + 0.00014553 kg./día por año.

⁵En las ovejas con padres conocidos.

La utilización de las pruebas de ADN para contrastar paternidades y maternidades declaradas está poco generalizada en estas razas. Solamente declaran hacerlo en relación con todos los sementales la Merina y la Segureña.

En cuanto a los métodos de valoración genética, se utilizan diferentes modelos (umbral en el caso de la Rasa Aragonesa y la Navarra, e incluso metodología (regresión aleatoria en el

caso de la Merina). Las fiabilidades de las valoraciones genéticas son, en general, reducidas.

Existen estimas de tendencia genéticas en tres de las razas y solamente ocasionalmente en las otras dos. Los progresos genéticos declarados no son muy elevados, con excepción de la prolificidad en las ovejas con padres conocidos en el programa de Carne Aragón.

Tabla 4. Aspectos organizativos

	Merina	Rasa Aragonesa ¹	Rasa Aragonesa ²	Segureña	Navarra
Esquema selección					
Fecha resolución	Resolución comunicada	Resolución comunicada	No oficial	Resolución 09/1999	Resolución comunicada
Fecha inicio	1996	1994	1994	2003	1998
Gestión esquema selección					
Organización	ANCGM	ANGRA	Carne Aragón	ANCOS	ARANA
Nº técnicos ¹	2	2	0	0	1
Organismos asesores ²	UCO	U. Zaragoza y CENSYRA (Movera)	INIA	UCO	U. Zaragoza y CENSYRA (Movera)
Nº asesores	2	1	1	2	
Financiación. Programa selección					
Aportación ganaderos (%)	10	27	?	11,7	10
Aportación MAPA (%)	40	13		12,4	80
Aportación C. Autónoma (%)	50	60		56,7	10
Otras aportaciones (%)				19,2	

Todos los esquemas de selección tienen una historia relativamente corta (máximo 18 años), particularmente en lo referente a caracteres como la prolificidad y teniendo en cuenta, además, que estos programas en las condiciones usuales de explotación de estas razas tardan en ser efectivos.

Las aportaciones económicas de los ganaderos a los programas son, en general bajas, con excepción de l program de Carne Aragón, en el que su aportación es a través de la cooperativa.

Tabla 5. Utilización de la información por parte de los ganaderos

	Merina	Rasa Aragonesa ¹	Rasa Aragonesa ²	Segureña	Navarra
Reciben controles rendimiento	Si	Si	Si	Si	Si
Reciben valoraciones genéticas:					
Sementales I.A.	Si	Si	Si	Si ²	Si
Todos animales rebaño	Si	Si	Si	Si	Si
Utilizan valoraciones genéticas ¹ :					
Elección reposición machos	No siempre	No siempre	?	Un 60%	No siempre
Elección reposición hembras	No siempre	No siempre	Si	Un 60%	No siempre

¹Se asume que las madres de sementales I.A. a ser probados las eligen los técnicos del esquema de selección.

²Los ganaderos tienen acceso a la información derivada de las evaluaciones genéticas anuales que se realizan para los caracteres de pesos y crecimiento y prolificidad, de todos aquellos animales con buena valoración genética y que además presenten una aceptable fiabilidad de sus valores genéticos, ya sean machos testados como animales jóvenes en prueba.

La difusión de la información (controles de rendimiento y valoraciones genéticas de sus animales) a los ganaderos es buena. Sin embargo, en casi todos los casos se declara

que no todos ellos hacen uso de los valores genéticos de sus animales para elegir la reposición en sus rebaños.

Tabla 6. Factores limitantes en el desarrollo del esquema de selección (orden importancia)

	Merina	Rasa Aragonesa ¹	Rasa Aragonesa ²	Segureña	Navarra
Núcleo de selección reducido	2			7	
No (o poca) conexión entre rebaños	5	1		8	1
No prueba descendencia				9	
No sementales mejorantes				9	
Bajo % hembras inseminadas con machos mejorantes	1	2	1	5	2
Escasa información genealógica					
Información insuficiente para valoración g. con metodología actual					
Todos los ganaderos no utilizan valoraciones g.	3	3	2	2	3
Escasa participación ganaderos	4			3	
Discontinuidad del programa de selección				6	
Escasez de personal				1	
Normativa inadecuada		4		4	4
Otras causas		5 ¹			5 ¹

¹Irrupción injustificada de la selección según locus PRNp por normativa del MAPA.

La escasa conexión entre los rebaños, el bajo porcentaje de hembras inseminadas con machos mejorantes y la escasa utilización de las valoraciones genéticas por parte de los ganaderos están entre las principales limitaciones de los esquemas de selección de estas

razas. Otros factores mencionados son el tamaño reducido del núcleo de selección y la escasa participación de los ganaderos. La necesidad impuesta por la normativa, de tener en cuenta el genotipo del locus PRNp es otra de las causas mencionadas.

La mejora genética de los caballos

Datos poblacionales

	Pura Raza Española (PRE)		Pura Raza Árabe (PRA)		Anglo-Árabe		Deporte Español (CDE)		Trotador Español (CTE) ¹		Raza Menorquina ²	
	Nº ganaderías	295	Árabe (PRA)	191	173	286	1800					
Doma	Nº total animales	3.513			66	138						353
	% censo raza	4,66			1,93	5,87						19
	Nº caballos	1.612			29	69						157
	Nº yeguas	1.901			37	69						196
Salto	Nº total animales				437	843						
	% censo raza				12,77	35,87						
	Nº caballos				172	368						
	Nº yeguas				265	475						
Raid	Nº total animales		1.496		252		10.939					
	% censo raza		16,72		7,37		98					
	Nº caballos		677		129		6.159					
	Nº yeguas		819		123		4.780					
Concurso completo	Nº total animales				326	234						
	% censo raza				9,53	9,96						
	Nº caballos				139	112						
	Nº yeguas				187	122						
I.A.	% yeguas inseminadas	4	?	?	?	20	50 ⁵					6
Conexión ³		Medio	Medio	Medio	Medio	Medio	Medio	Medio	Medio	Medio	Medio	Alto

¹Censo de animales con registros en la disciplina propia de la raza que es la carrera de trote.

²Censo de animales con registros en las disciplinas de doma menorquina y doma clásica. El control comenzará oficialmente en 2008.

³Nivel de conexión entre las distintas pruebas y competiciones en las que han participado los animales.

⁴A partir de 2007.

⁵Es una población equina con una constante inclusión de material genético (importación de semen) de reproductores de otras poblaciones trotadoras a nivel mundial, principalmente de Francia, Italia y América.

⁶Hasta ahora no, pero se aprobará con la modificación de su normativa oficial (pendiente de aprobación del MAPA). Es una población en peligro de extinción que en la actualidad aborda un programa de Conservación-Selección. El nivel de consanguinidad de la población es alto ya que existen principalmente dos líneas paternas importantes de las que descienden la mayoría de los animales.

Con excepción del Caballo Trotador Español, el de Deporte Español (en la disciplina de salto) y la raza Menorquina, con una proporción más o menos elevada de ejemplares en control, los núcleos sobre los que se puede hacer la selección son pequeños en relación a los censos raciales. La diversidad de disciplinas en las que se evalúan algunas de las razas hace que el número de animales con registros de caracteres relacionados algunas de dichas disciplinas sea bajo.

Solamente en dos de las razas, Caballo de Deporte Español y Trotador Español, se

tiene una incidencia importante de la I.A., si bien en el caso de los caballos se puede tener una buena conexión entre las distintas pruebas y competiciones en las que participan (que es la relevante para las valoraciones genéticas porque es donde expresan los animales sus rendimientos) viene dada sobre todo por la participación de un determinado conjunto común de caballos en las distintas pruebas. Es por esto por lo que dichas conexiones son medias, a pesar de no existir apenas I.,A. en muchos casos.

Objetivos y criterios de selección

	Pura Raza Español (PRE)	Pura Raza Árabe (PRA)	Anglo-Árabe	Deporte Español(CDE)	Trotador Español (CTE)	Raza Menorquina ²
Objetivos selección	Morfología, conformación y funcionalidad	Morfología, temperamento y movimientos deporte y silla	Relativos a las disciplina doma clásica, salto, raid y CCE	Conformación, fortaleza física, temperamento, salud y fertilidad	Conformación y temperamento para funcionalidad en competiciones	Conformación, actitudes funcionales y temperamentales
Caracteres registrados	Calificación morfológica lineal (CML)	CML		CML	Variables zoométricas importantes para rendimiento en pruebas funcionales de trote	CML. variables zoométricas, fanerópticas (capa negra) y morfológicas
Caracteres funcionales doma clásica ¹	Presentación, Doma. Clasificación total ponderada		Presentación, reprise y clasificación total ponderada	Presentación, reprise y clasificación total ponderada		Domas clásica y menorquina Movimientos básicos en pruebas de campo específicas
Caracteres funcionales salto ¹			Aires y modelos, doma y maneras, penalización y clasificación ponderada salto.	Aires y modelos. Doma y maneras. Penalización y clasificación ponderada salto.		
Caracteres funcionales raid ¹		Puesto clasificatorio, tiempos total y parcial, etc.	Puesto clasificatorio, tiempos total y tiempos parciales.			
Caracteres funcionales concurso completo de equitación (CCE) ¹			Complementarios, penalización ponderada salto, cross y doma.	Complementarios, penalización ponderada salto, cross y doma		
Caracteres trote						
						Pruebas de trote ¹⁰

Objetivos y criterios de selección (continuación)

	Pura Raza Español (PRE)	Pura Raza Árabe (PRA)	Anglo-Árabe	Deporte Español(CDE)	Trotador Español (CTE)	Raza Menorquina ²
Criterios selección	Morfofuncionales CML 32 variables	Pura Raza Árabe (PRA) CML, temperamento, aptitudes internas ³	Anglo-Árabe Morfofuncionales, de comportamiento y aptitudes internas ⁵	Deporte Español(CDE) Índices de variables morfológicas para salto, CCE y doma	Trotador Español (CTE) Derivados de concursos y pruebas ⁹	Raza Menorquina ² Selección indirecta a partir de información de conformación Para las disciplinas de doma Clásica y Menorquina ¹¹
	Funcionales de pruebas y concursos	Doma clásica ²	Derivados de concursos y pruebas ⁶	Derivados de concursos y pruebas ⁸		
	Locomotoros y fisiológicos	Raid ⁴	Análisis biomecánicos de locomoción y del metabolismo energético ⁷			

¹Caracteres registrados en las Pruebas de Selección de Caballos Jóvenes.

²Derivados de los resultados de concursos hípicos especialmente Doma y Ciclos de Caballos Jóvenes para esta disciplina.

³Evaluación morfológica de los animales de acuerdo con una metodología lineal. Así mismo, se evalúan los aires de los animales al paso, trote y galope (valorándose la elasticidad, rectitud, impulsión, equilibrio, cadencia, potencia, regularidad y ritmo, amplitud, suspensión, y coordinación) y las aptitudes internas (comportamiento, carácter, temperamento y nobleza) a través de la realización de pruebas de campo organizadas en concentraciones de caballos de raza Árabe.

⁴Derivados de los resultados de concursos hípicos especialmente RAID y Ciclos de Caballos Jóvenes para esta disciplina. En posteriores fases del Esquema de Selección, si el número de animales árabes que participan en otras disciplinas así lo aconseja, se podrán ampliar estos criterios.

⁵Evaluidos en los concursos de modelos y aires reservados a la raza Anglo-árabe. Los aspectos funcionales se evaluarán en los movimientos a los tres aires; paso, trote y galope, tanto con el caballo en libertad como en la prueba montado y en las pruebas de salto en libertad y montado.

⁶Sintetizan todos los aspectos funcionales, de locomoción, fisiológicos y de comportamiento referidos anteriormente. Las puntuaciones obtenidas en los concursos hípicos oficiales u homologados, los obtenidos en las pruebas de selección de caballos jóvenes, que se ajustarán al reglamento que para ellas se desarrolle, y en las carreras selectivas reservadas a la raza Anglo-árabe serán tenidos en cuenta como criterios de selección.

⁷Se plantea realizarlos en laboratorios de locomoción equina. Son facultativos y sirven como orientación para el propietario de las capacidades del animal, previa a la puesta en competición. En la actualidad no se están realizando aún.

⁸Se recogerán los resultados deportivos obtenidos tanto en los Ciclos de Caballos Jóvenes como en las Competiciones y Concursos (salto, concurso completo de equitación y doma) oficialmente reconocidos a nivel nacional e internacional.

⁹Caracteres registrados en las pruebas de trote celebradas en España.

¹⁰Porcentaje de primeros puestos al año. Ganancias anuales. Media kilométrica anual. Mejor tiempo anual por hipódromo y modo de salida.

¹¹Además se consideraran caracteres de temperamento y actitudes internas por relacionarse con el rendimiento funcional.

Los objetivos de selección son muy variables, en función de las disciplinas en las que participa cada raza. Esto constituye una dificultad en algunas razas, como la Anglo-árabe y el Caballo de Deporte Español, que participan en varias disciplinas, porque se pretenden caballos buenos para todas ellas, lo que multiplica los objetivos.

Los caracteres registrados son también muy diversos, según la disciplina de que se trate. Morfo-funcionalidad y temperamento son, sin embargo, caracteres comunes a todas las razas y constituyen criterios de selección, junto a otras características más específicas, como las derivadas de puntuaciones en pruebas y concursos específicos (doma clásica, salto, raid, cross). Una parte importante de

los registros de los caracteres se realizan en la actualidad en las Pruebas de Selección de Caballos Jóvenes, reguladas por el Ministerio de Agricultura y organizadas por éste y las Organizaciones oficialmente reconocidas. En ellas se recaba la información para la valoración de caballos y yeguas de 4, 5 y 6 años, para la selección de los futuros reproductores. Muchos de estos caracteres son apreciaciones subjetivas de los jueces calificadores y evaluadores de las pruebas que, aunque con una repetibilidad razonable tienen heredabilidades bajas (muchas de ellas todavía no estimadas en las razas españolas). Esto, junto con el elevado número de caracteres considerado puede retardar considerablemente el progreso genético en muchos de ellos.

Valoración genética

	Pura Raza Español (PRE)	Pura Raza Árabe (PRA)	Anglo-Árabe	Deporte Español(CDE)	Trotador Español(CTE)	Raza Menorquina
Prueba ADN Hembras	Todos Todas	Todos ¹ Todas ¹	Todos ¹ Todas ¹	Todos ¹ Todas ¹	Todos ¹ Todas ¹	Todos ¹ Todas ¹
Valoración genética	Modelo animal 1/año Baja	Modelo animal 2/año Media	Modelo animal 1/año Media	Modelo animal 1/año Baja a media	Modelo animal ² 2/año Media	Modelo animal ³ 1/año Sin determinar
Fiabilidad v.g. machos I,A	Muy baja	Baja	Baja	Baja	Media	Sin determinar
Fiabilidad v.g. hembras	No	No	No	No	No	No
Estima tendencia genética	No	No	No	No	No	No
Años						

¹A partir de 2008 será obligatorio.

²Se han comenzado a utilizar modelos de regresión aleatoria.

³Está previsto hacerlas, no se han realizado aún.

Destaca la extensión generalizada de las pruebas de ADN para controlar las filiaciones en todas las razas.

Dada la juventud de todos los esquemas de selección de las razas de caballos, el número de animales con registros procedentes de pruebas y competiciones es , en general, es

relativamente pequeño y, por tanto, hay pocos grupos de animales emparentados con datos, lo que incide en unas fiabilidades bajas de de las valoraciones genéticas. Por la misma razón, no existen estimas del progreso genético, que razonablemente debe ser aún escaso o nulo.

Aspectos organizativos

	Pura Raza Español (PRE)	Pura Raza Árabe (PRA)	Anglo-Árabe	Deporte Español(CDE)	Trotador Español(CTE)	Raza Menorquina
Esquema selección	Fecha resolución 14/2003 Fecha inicio 2003	01/09/2005 2004	2004 2004	19/04/2005 2004	01/09/2005 2005	21/05/2007 2007
Gestión esquema selección	ANCCE	AECCA	AECAá	ANCADES	ASTROT	Associació de Criadors i Propietaris de Cavalls de Raça Menorquina ¹
Nº técnicos						
Entes asesores	Grupo PAI AGR-158 ¹	Grupo PAI AGR-158 ¹	Grupo PAI AGR-158 ¹ y Grupo AGR 128	Grupo PAI AGR-158 ¹	Grupo PAI AGR-158 ¹	Grupo PAI AGR-158 ¹
Nº asesores	6	3	3	6	4	4
Financiación Programa selección	Aportación ganaderos (%) 70	30	30	30	30	30
	Aportación MAPA (%) 70	70	70	70	70	70
	Aportación C. Autónoma (%) 70					
	Otras aportaciones (%) 70					

¹Grupo del Plan Andaluz de Investigación constituido por miembros de las Universidades de Córdoba y Sevilla.

Como puede verse en la tabla, todos los esquemas de selección han comenzado en la presen-

te década. La aportación económica de los ganaderos es, en todos los casos, importante.

Utilización de la información por parte de los ganaderos

	Pura Raza Española (PRE)		Pura Raza Árabe (PRA)		Anglo-Árabe		Deporte Español(CDE)		Trotador Español(CTE)		Raza Menorquina	
	Si	No	Si	No	Si	No	Si	No	Si	No	Si	No
Reciben controles rendimiento	Si		Si		Si		Si		Si		Si	
Reciben valoraciones genéticas:	Si		Si		Si		Si		Si		Si	
Utilizan valoraciones genéticas ¹ :	Si		Si		Poco		Poco		Poco		Si	

¹Es difícil conocer el grado de utilización real de las valoraciones genéticas para elegir los reproductores (aún en los casos en los que se declara que si las utilizan), porque, además de la poca tradición de utilizarlas, se trata de un tipo de ganadería bastante especial, donde otro tipo de consideraciones tienen mucho peso.

El flujo de información a los ganaderos sobre los rendimientos y valores genéticos de sus animales está bien organizado, pero

el uso que éstos hacen de las valoraciones genéticas es aún limitado.

Factores limitantes en el desarrollo del esquema de selección (orden importancia)

	Pura Raza Española (PRE)		Pura Raza Árabe (PRA)		Anglo-Árabe		Deporte Español(CDE)		Trotador Español(CTE)		Raza Menorquina	
	Español	Árabe	Árabe	Árabe			Español	CDE	Español	CTE	Menorquina	Menorquina
Núcleo de selección reducido	2		2		2		4		2		2	
Insuficiente conexión entre pruebas		10					5		3			
No prueba descendencia	4		8		7		3				3	
No sementales mejorantes		7			6						4	
Bajo % hembras inseminadas		9							2			
Escasa información genealógica	1		1		1		1				1	
Información insuficiente para valoración g. con metodología actual												
Todos ganaderos no utilizan valoraciones g.	3		2		8		2		1			
Escasa participación ganaderos		6										
Discontinuidad del programa de selección												
Escasez de personal												
Normativa inadecuada			4 ¹ 5 ²		3 ³ 4 ¹ 5 ²		6 ³		4 ⁴		5 ⁵	
Otras causas												

¹Poco interés por parte del ganadero, porque el concepto de ganadería en el sector equino es distinto al resto de especies debido a su carácter lúdico-deportivo, el ganadero no depende económicamente de la explotación.

²Elevado intervalo generacional, por lo que el ganadero no puede observar el progreso genético a corto plazo.

³ Todavía no se realizan valoraciones genéticas con todos los datos de los concursos en los que participan los animales.

⁴ El tamaño de las ganaderías es bastante reducido por lo que el número de crías anuales por ganadería también lo es. Debido a la elevada tasa de importación de semen la conexión entre ganaderías es limitada, así como la utilización de los reproductores nacionales, lo que dificulta su valoración genética.

⁵ Se trata de una población en peligro de extinción, por lo que a la hora de abordar el proceso selectivo es muy importante controlar en todo momento los niveles de consanguinidad asesorando adecuadamente a los ganaderos en el diseño de los apareamientos entre reproductores. Es necesario abordar estudios previos para lograr un óptimo asesoramiento técnico.

Los factores limitantes del nivel de desarrollo y de la eficacia de los programas de selección que se declaran como más importantes son la escasa información genealógica (se refiere a la ausencia de grupos de animales emparentados con datos de rendimientos, debido a que

éstos son aún un número reducido), el reducido tamaño del núcleo de selección (relacionado con la misma escasez de animales con datos mencionada anteriormente) y la poca costumbre de los ganaderos de usar los valores genéticos para elegir los reproductores.

Programa de mejora genética del cerdo ibérico

Datos poblacionales

Control de rendimientos		I.A	Prueba de sementales ⁴		
Nº rebaños	Nº animales (% censo raza)	% hembras inseminadas	Nº en prueba (ciclo completo)	Nº medio hijos/macho	Nivel conexión rebaños
25	2.000 – 3.000 ¹ < 1 ²	Muy escasa ³	80/testaje 2 testajes/año	10 ⁵	No existe

¹Ver tabla debajo de distribución de censo de animales controlados por categorías e índices de selección utilizados:

Hembras	Reproductoras	Verracos	Lechones
Índice de Lechón	1.360	163	10.345
Índice de Ciclo Completo:	414	1.360	

²Aunque no hay censos oficiales, se calculan unas 500.000 madres Ibéricas en producción.

³Nula en términos de aportación al Esquema.

⁴Hay una granja de cebo arrendada por Aeceriber donde se ceban ejemplares procedentes de distintas ganaderías, pero NO es un centro de testaje oficial ni se hacen pruebas sobre sementales al estilo, digamos, tradicional.

⁵Variable, aunque se trata que al menos sean 10 por verraco, no se cumple en muchas ocasiones. El ganadero da lo que tiene, o lo que le sobra, o lo que le parece.

Objetivos y criterios de selección

OBJETIVOS: Las explotaciones ganaderas del sector porcino, podrían agruparse, básicamente, en dos sistemas productivos que requieren un tratamiento netamente diferenciado. Así se distinguen ganaderías con una producción exclusiva, o casi exclusiva de lechones, y ganaderías que realizan la recría y el cebo de los animales, es decir, el ciclo

completo. Ante esta estructura productiva de explotaciones, los objetivos de la selección son:

- Ganaderías que producen solamente lechones: Peso a los 90 días
- Ganaderías de ciclo completo: Ganancia media diaria en cebo, rendimiento en piezas nobles (jamones, paletas y lomos) y calidad de la carne (porcentaje de grasa intramuscular).

Caracteres controlados

Criterios de selección								
Producción lechones			Ciclo completo					
Pesos entre 30 y 60 días	Pesos entre 70 y 90 días	Peso entrada cebo	Peso salida cebo	Peso canal	Peso jamones recortados	Peso paletas recortados	Peso lomos ¹	Porcentaje grasa intramuscular ²

¹Limpios de grasa.

²Tomado en una muestra en la punta del lomo.

Criterios de selección

Sementales	Madres de sementales	Madres de hembras reposición rebaños
Índice de lechón ¹ o índice de ciclo completo ² , según sistema productivo.		

¹En el caso del sistema de producción de lechones se utilizan los registros obtenidos en las propias explotaciones en animales de paternidad conocida. IG = EVM (P90). Dada la inexistente conexión genética entre ganaderías, al menos establecida mediante genealogías conocidas, las evaluaciones para este carácter tienen validez limitada al ámbito propio de cada ganadería.

²En el sistema de ciclo completo se obtiene el índice $IGE = 0,037 \cdot EVMGMD + 12,02 \cdot EVM(J) + 7,81 \cdot EVM(P) + 13,22 \cdot EVM(L)$,

EVM, estima del valor de mejora obtenida en la valoración genética.

P90, peso a los 90 días; J=jamones

J, jamones.

P, paletas.

L, lomo.

Una vez obtenido el índice genético-económico para todos los reproductores, se tipifica con una media global de 100 y una desviación típica de 10, para obtener el Índice Tipificado General, que nos permite clasificar los animales en las cuatro categorías siguientes: $IGE \geq 120$ muy bueno, $IGE < 120$ y ≥ 105 bueno, $IGE < 105$ y ≥ 95 aceptable; $IGE < 95$ malo.

En el Catálogo se presenta, para cada uno de los verracos que ha sido padre de animales cebados, un Índice Tipificado de Estirpe. Para su obtención se han considerado tres grandes grupos de animales: Lampiños, Entrepelados y Retintos, de modo que la tipificación se realiza sobre la media de los índices genéticos-económicos del grupo a que pertenecen los reproductores.

Valoración genética

Prueba ADN		Valoración genética ²				Estima tendencia genética
Machos	Hembras	Método	Frecuencia	Fiabilidad sementales	Fiabilidad hembras	
1	1	Modelo animal	1-2/año ³	Media	Media	No ⁴

¹Todavía no, aunque se espera estar en condiciones de efectuarlo en no mucho tiempo. Se contrasta la filiación de determinados individuos del Libro Genealógico que no necesariamente son valorados genéticamente.

²Dada la nula conexión entre ganaderías, se trata de una valoración o bien exclusivamente intra-ganadería (índice de lechón), o bien conectada a través de los efectos fijos del modelo (campana, serie de sacrificio) por lo que permite comparaciones entre ganaderías pero no entre individuos de distintas ganaderías (ciclo completo).

³Índice de Lechón: Algunas sólo una vez (paridera de otoño o de primavera), otras dos veces al año (otoño y primavera), algunas más de dos veces al año (incluso 6). Ciclo Completo: Una vez al año, aunque debería hacerlo dos: cuando se sacrifican los animales nacidos en otoño (febrero-marzo) y cuando se sacrifican los nacidos en primavera (julio-agosto).

⁴Se han efectuado trabajos concretos sobre progreso genético para el Índice de Lechón en algunas ganaderías con suficientes datos productivos y genealógicos como para ello, pero no se efectúa de manera rutinaria o sistemática.

Aspectos organizativos

Esquema selección		Gestión esquema selección			Financiación programa selección	
Resolución	Fecha inicio	Organización (nº técnicos)	Organismos asesores (nº técnicos)	Aportación ganaderos (%)	Aportación MAPA (%)	Aportación C.C.A.A.(%)
Comunicada	1992 ¹ 1994 ²	AECERIBER 1	INIA 3	30	56	9 ³ 5 ⁴

¹Índice de lechón.

²Ciclo completo.

³Junta de Extremadura.

⁴Junta de Andalucía.

Utilización de la información por parte de los ganaderos

Reciben controles rendimiento	Reciben valoraciones genéticas		Utilizan valoraciones genéticas	
	Sementales	Todos animales rebaño	Elección reposición machos	Elección reposición hembras
Si	Si	Si	1	1

¹Apenas. Algunos concretos, sí, pero casi exclusivamente el Índice de Lechón y muy dirigido a las subastas oficiales (machos y hembras con valoración positiva). Hay un ganadero que utiliza como casi único criterio el índice de lechón para machos y hembras de renovación y varios lo tienen en cuenta para elección de verracos.

Factores limitantes en el desarrollo del esquema de selección

1. No hay conexión entre rebaños.
2. Escasa participación de los ganaderos, especialmente en Andalucía.
3. El número de animales en control es pequeño.
4. No todos los ganaderos utilizan las valoraciones genéticas de sus animales para elegir la reposición en sus rebaños.
5. El programa no tiene continuidad. Se producen interrupciones esporádicas del control de rendimientos y de los programas de valoración de sementales por falta de recursos económicos o por otras causas.
6. Para caracteres de prolificidad (no incluidos hasta ahora oficialmente en el Esquema), el tamaño del núcleo de selección (rebaños en control en los que se valoran y seleccionan reproductores) es pequeño.
7. Otras causas (para Ciclo Completo):
 - Escasa importancia numérica de la producción de cerdos Ibéricos puros, reducida a cebo extensivo en montanera (menos del 20% de la producción total). La mejora de las características de canal se consigue cruzando con Duroc.
 - Dificultad de acceder a un número elevado de registros de matadero
 - El precio de venta del cerdo cebado se basa en el peso al sacrificio, sin correcciones en función del rendimiento en piezas nobles. El ganadero tradicional no siente la necesidad de mejora.

Conclusiones

Existe una gran disparidad de desarrollo y grado de efectividad, medida en términos

de tendencia genética en los pocos casos en los que se ha estimado, o bien supuesta en función de las características descritas, entre los programas de selección de las diferentes razas autóctonas. Esta diversidad se deriva en parte de las diferentes edades de dichos programas, pero también (quizás en mayor grado) de las diferencias estructurales y organizativas. Los programas del vacuno Frisón y de las razas de ovino lechero son quizás los que se pueden considerar en cabeza. Es difícil comparar el resto entre sí, pero sí se puede afirmar que los programas de selección de los caballos y el del cerdo Ibérico son los menos desarrollados, quizás por ser los que se han iniciado más recientemente.

En cuanto a los factores que limitan el desarrollo y la efectividad de los programas más frecuentemente citados se encuentran los reducidos tamaños de los núcleos de selección, la reducida implantación de la I.A. y, consecuentemente, el bajo número de sementales en prueba de descendencia y las bajas fiabilidades de las valoraciones genéticas, la escasa utilización por parte algunos de los ganaderos de las valoraciones genéticas de sus animales para elegir la reposición en los rebaños y, en un cierto número de casos, la escasa participación e interés de los mismos.

Relación de autores que han participado en la elaboración de este trabajo

Altarriba J. Mejora Genética. Facultad de Veterinaria (Universidad de Zaragoza) C/ Miguel Servet 177. 50013 Zaragoza. altarrib@unizar.es

Avilés Ramírez C. Dpto. de Genética. Universidad de Córdoba. Agr158bovinos@gmail.com

Bartolomé Medina E. Dpto. de Ciencias Agroforestales. EUITA. Universidad de Sevilla. V92bamee@gmail.com

Cañón J. Dpto. de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Universidad Complutense. E-28040 Madrid. jcanon@vet.ucm.es

- Carabaño M.J. Departamento de Mejora Genética Animal. INIA. Ctra de La Coruña Km. 7,5. 28040 Madrid. mjc@inia.es
- Castillo Gómez J. ACRIMUR. C/Barón del Solar 22-A, EDIFICIO II, Entresuelo A, Puerta B. 30.520 Jumilla (Murcia). jorgecastillo2007@hotmail.com
- Cervantes Navarro I. Dpto. de Producción Animal. Universidad Complutense de Madrid. icervantes@vet.ucm.es
- De la Fuente L.F. Departamento de Producción Animal. Universidad de León.
- Díaz C. Dpto de Mejora Genética Animal. INIA. Ctra. de la Coruña Km. 7,5. 28040 Madrid. cdiaz@inia.es
- Díez de Tejada P. Asociación de Criadores de Ganado Caprino de la Raza de Guadarrama. Ctra.de Guadalix de la Sierra, Km. 2. 28770 Colmenar Viejo. Madrid. Spain
- García Casco J. Centro Nacional de I+D del Cerdo Ibérico. Zafra, Badajoz. jmgarciascasco@aeceriber.es
- Gómez E. IVIA - Centro de Tecnología Animal. Apdo 187. 12400 Segorbe. egomez@ivia.es
- Gómez Ortiz M.D. Asociación de Criadores y Propietarios de caballos de Raza Menorquina. pottokamdg@gmail.com
- González Casquet O. Asociación de Criadores de la Raza Caprina Payoya. C/ Arco, nº 23, Apdo. de Correos nº 16, 11680, Algodonales, Cádiz. payoya@payoya.e.telefonica.net
- Jurado García J.J. Departamento de Mejora Genética Animal. INIA. Ctra de La Coruña Km. 7,5. 28040 Madrid. jurado@inia.es
- León J.M. Dpto. de Genética. Edificio Gregor Mendel, planta baja. Campus Universitario de Rabanales. Universidad de Córdoba. 14071 Córdoba. jomalejur@yahoo.es
- Micheo J.M. y A. Sánchez. Asociación Española de Criadores de Cabra Malagueña. c/ El Pozuelo s/n 29160. Casabermeja (Málaga). cabrama@infonegocio.com
- Molina A. Dpto. de Genética. Edificio Gregor Mendel, planta baja. Campus Universitario de Rabanales. Universidad de Córdoba. 14071 Córdoba. Ge1moala@uco.es
- Muñoz E. ACRIFLOR. Campus Universitario Rabanales, Edif. Producción Animal, 14014 Cordoba. acriflor@uco.es
- Pérez-Guzmán Palomares, M.D. Centro Regional de Selección y Reproducción Animal (CERS-YRA). Av del Vino s/n. 13300 Valdepeñas. Ciudad Real. mdperez@jccm.es
- Serradilla Manrique J.M. Departamento de Producción Animal. Campus de Rabanales. Universidad de Córdoba. Ctra. N IV km. 396. 14014 Córdoba. pa1semaj@uco.es
- Serrano Noreña M. Departamento de Mejora Genética Animal. INIA. Ctra de La Coruña Km. 7,5. 28040. malena@inia.es
- Ugarte E. NEIKER. Centro de Arkaute. Arkaute Granja-Eredua. 46 Post. E-01089 Vitoria-Gasteiz (Alava). eugarte@neiker.net
- Valera M Córdoba. Dpto. Ciencias Agroforestales. E.U.I.T.A. Universidad de Sevilla. mvalera@us.es

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Resultados preliminares del efecto de la temperatura y humedad relativa sobre la producción de leche y sus componentes en cabras de raza Payoya

F. Romero*, A. Molina*, O. González**, I. Clemente*, F. Arrebola***, A. Menéndez-Buxadera*

* Grupo de Investigación Meragem. Dpto. de Genética. Universidad de Córdoba

** Asociación de Criadores de raza Payoya

*** Grupo de Investigación Meragem. CIFA de Hinojosa del Duque. IFAPA

E-mail: ambuxadera@yahoo.com

Resumen

Un total de 81625 registros mensuales de 8380 hembras de la raza Payoya paridas en 18 ganaderías entre 2004 y 2007 fueron estudiados aplicando diferentes modelos lineales, con el objetivo de estimar los posibles efectos de un índice que combina Temperatura y Humedad Relativa (**THI**), sobre las variables de producción de leche y sus características físico-químicas. Los primeros resultados indicaron que existe una zona de termoneutralidad (**THI** entre 13 y 22) en la cual no se han evidenciado claramente los efectos del estrés térmico. Para valores de **THI**>22 se creó una función **ft** para estimar los componentes genéticos generales y los debidos al estrés térmico. Las correlaciones genéticas fueron -0.342 y -0.320 entre producción de leche y la **ft** indicando un antagonismo entre ambas características. Por último, se pudo poner de manifiesto la existencia de una variabilidad genética importante para capacidad de adaptación frente al estrés térmico. Estos resultados pueden brindar importantes beneficios a los criadores de la raza caprina Payoya.

Palabras clave: Caprino lechero, Payoya, Estrés por calor, Índice temperatura-humedad, Componentes de la varianza

Summary

Preliminary results of the effect of temperature and relative humidity on milk yield and components in Payoya breed goats

Production data included 81625 test-day records of 8380 dairy goats (Payoya breed) from 18 flocks collected from 2004 to 2007. The traits analyzed were daily milk yield and milk composition, using different linear models, to determine the effect of increasing temperature-humidity index (**THI**) on these traits. The results report that the range between 13 and 22 for THI is the thermoneutral zone of the animals. The genetic correlations between the general additive effect and the additive effect of heat tolerance were negative (-0,342 to -0,320) to THI>22. Therefore, milk yield is antagonistic with heat tolerance. However, the genetic variability to heat tolerance could report important profits to dairy goat breeders if they consider the greater or smaller adaptability to the environmental conditions as a selection criteria.

Key words: Dairy goats, Payoya, Heat stress, Test-day model, Temperature-humidity index, Variance components

Introducción

Los resultados generales de los programas de selección animal aplicados hasta el momento, han supuesto el aumento de la producción de las distintas razas mediante la elección de animales mejorantes. Sin embargo, todos los efectos de una mejora productiva intensiva no son positivos, y generalmente la presión ejercida hacia una mayor cantidad de leche ha ido en detrimento de los parámetros reproductivos, incrementándose los problemas sanitarios y produciéndose un aumento de la susceptibilidad de los animales frente a cambios bruscos de las condiciones ambientales, derivando en una tasa de reposición más elevada y una disminución de la vida útil reproductiva del animal. Ante tal situación, los objetivos planteados en los programas de mejora de las distintas especies han tenido que sufrir una reorientación, para incluir la resistencia de los animales ante diversos factores ambientales como criterio de selección. Estos criterios han sido estudiados ampliamente en el vacuno lechero, donde se ha comprobado que una sensación térmica estresante es el factor que mayor influencia negativa ejerce sobre la producción lechera, especialmente en animales de gran mérito genético (Kadzere *et al.*, 2002). En los últimos años se han orientado estos estudios hacia las especies caprina y ovina, ya que los sistemas de explotación tradicionales en los que son explotadas, hacen que éstas producciones sean más dependientes de las condiciones ambientales. En definitiva, se trata de seleccionar animales con mayor rusticidad y adaptabilidad, en sistemas de producción como el de la raza Payoya, mayoritariamente extensivos o semi-extensivos. La resistencia al estrés térmico es una de estas nuevas alternativas, sobre la cual recientemente se han publicado resultados muy interesantes en vacuno lechero (Ravagnolo *et al.*, 2000, West *et al.*, 2003, Misztal y

Ravagnolo 2002). Los estudios realizados en pequeños rumiantes son escasos y principalmente se han orientado a determinar los efectos ambientales (intrínsecos y extrínsecos) sobre la producción lechera. No obstante en la última década diversos autores han trabajado en la misma línea desarrollada por el grupo de Misztal, tanto en ovino lechero de la cuenca Mediterránea (Sevi *et al.*, 2001; Finocchiaro *et al.*, 2005) como en razas caprinas lecheras sudamericanas y europeas (Nazan y Okan, 2007; Benicio de Souza *et al.*, 2008; Brown *et al.*, 1998; Salvador y Martínez, 2007).

Material y métodos

Para este estudio se partió de la base de datos de control de rendimientos de la Asociación de Criadores de la Raza Caprina Payoya (ACAPA). De la información inicial (128412 registros), siguiendo las recomendaciones del Real Decreto 368/2005, de 8 de abril, se pasó a un volumen de 94469 registros mensuales, pertenecientes a un total de 9271 cabras distribuidas en 20 ganaderías, a partir de la que se estimaron los principales parámetros genéticos (Menéndez-Buxadera *et al.*, 2008). Posteriormente se eliminaron todos los controles realizados antes de 2005, debido a la existencia de un número reducido de datos, quedando un total de 81625 registros de 8380 hembras en 18 ganaderías y se dispuso del pedigrí de un total de 9917 animales de la raza en cuestión. A estos registros le fueron añadidos los campos correspondientes a los parámetros ambientales tenidos en cuenta (Temperatura máxima y humedad relativa media), la media de los tres días anteriores al control lechero. Los valores de los parámetros climáticos fueron recopilados a través de la base de datos de Información Agroclimática de la Junta de Andalucía (www.juntadeandalucia.es).

Para la estimación de la sensación térmica se empleó un Índice de Temperatura-Humedad (THI), que relaciona el efecto combinado de la temperatura y humedad relativa del ambiente con la sensación térmica en condiciones de estrés térmico (Bohomanova et al., 2007), de considerable utilidad para valorar la incidencia del estrés térmico sobre la producción lechera (Ravagnolo et al., 2000). Recurrimos al índice THI propuesto por Kelly y Bond (1971) y empleado por Finocchiaro et al., (2005) para el estudio del efecto del estrés térmico sobre la producción de ovino lechero de la cuenca mediterránea:

$$\text{THI} = [T - (0.55 \cdot (1 - \text{RH})) \cdot (T - 14.4)]$$

Donde **T** es la temperatura ambiental máxima (en °C) y **RH** es la Humedad Relativa (%) promedio. Ambas variables representan la media de los tres días anteriores al control lechero. De esta forma, se estimó un valor de THI para cada fecha de control. Los registros de THI se agruparon en 18 clases en función de los valores obtenidos. La primera de las clases, designada como THI=13, incluyó además los valores de THI=12; al igual que la última clase (THI=30), donde se incluyen igualmente valores de 30 y 31; compensando así el escaso número de observaciones con THI=12 y THI=31.

Los datos fueron analizados por un modelo lineal de efectos fijos que incluyó como factores causantes de variación a la ganadería, año y mes de control; el número de lactancia, el número de ordeño y el tamaño de la camada. El THI se incorporó como variable discreta con 18 clases, variando, como se ha mencionado anteriormente, de THI=13 a THI=30. Las constantes mínimo cuadráticas para este último efecto fueron empleadas para construir los gráficos de los resultados. Las variables dependientes estudiadas fueron: producción de leche en el día de control (PL); por ciento de grasa (GR); por cien-

to de proteína (PR); Lactosa (LA); por ciento de Extracto Seco (ES); Células Somáticas (CE en x1000) y se añadió la producción diaria total de grasa + proteína (GRP) y la Materia Seca Total (MS) del día de control.

Para la estimación de los componentes de varianza se empleo ASREML (Gilmour et al., 2000) aplicando un modelo de regresión aleatoria (MRA). Este modelo incorporo los mismos efectos fijos antes mencionados, así como regresiones fijas de diferente orden de ajuste. Como efectos aleatorios se consideraron el efecto permanente debido a las repeticiones del mismo rasgo en el animal y un componente genético (animal) que se estimó a lo largo de la trayectoria de la variable (fT) definida como una función del estrés térmico. En ambos casos se aplicó una ecuación una regresión aleatoria de orden 1. Esta función fT se estimó según las proposiciones de Misztal y Rovagnolo (2002):

$$fT=0 \text{ si } \text{THI} \leq 22 \text{ y } fT=\text{THI}-22 \text{ si } \text{THI} \geq 23$$

De acuerdo a los datos disponibles esta **fT** tiene 9 niveles. Estas clases se incorporaron como varianza residual heterogénea. Por facilidades de computo solo se estudiaron las variables producción diaria de leche y la producción de grasa + proteína.

Resultados y discusión

Todos los efectos incluidos en el modelo tuvieron una influencia altamente significativa ($p < 0,001$) sobre todas las variables, con coeficientes de determinación entre 16.3% para CE y 50.5% para LA. La importancia del índice **THI** sobre algunas de las variables se presenta en las figuras 1 y 2. El primer rasgo a destacar en la respuesta tan variable (en zigzag) que se produce en todos los casos, lo cual pudiera estar relacionado con la naturaleza del dato o el reducido número de años representados. En concordancia con

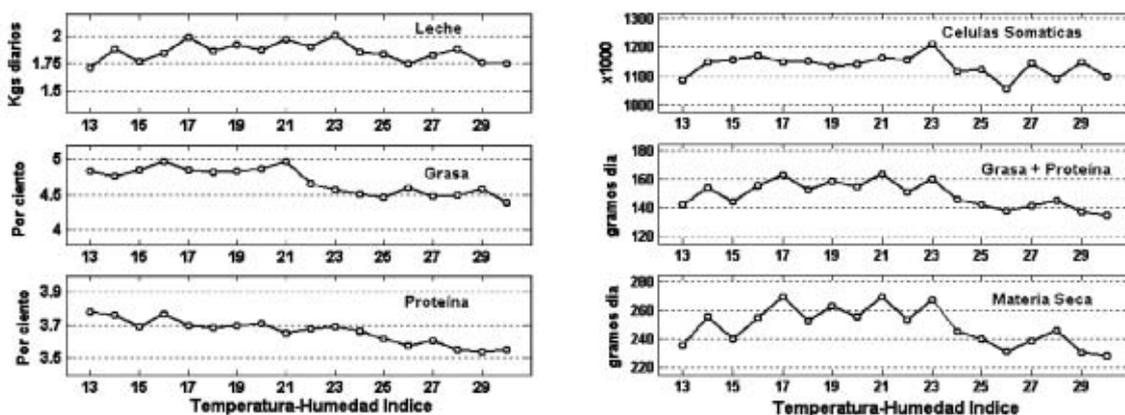


Figura 1. Efecto del Índice Temperatura-Humedad (THI) sobre la producción de leche, contenido graso, proteico, células somáticas, grasa+proteína y materia seca en cabras Payoya.
 Figure 1. Effect of Temperature-Humidity Index (THI) on the production of daily milk yield, fat, protein, somatic cells, fat+protein and dry matter in Payoya goats.

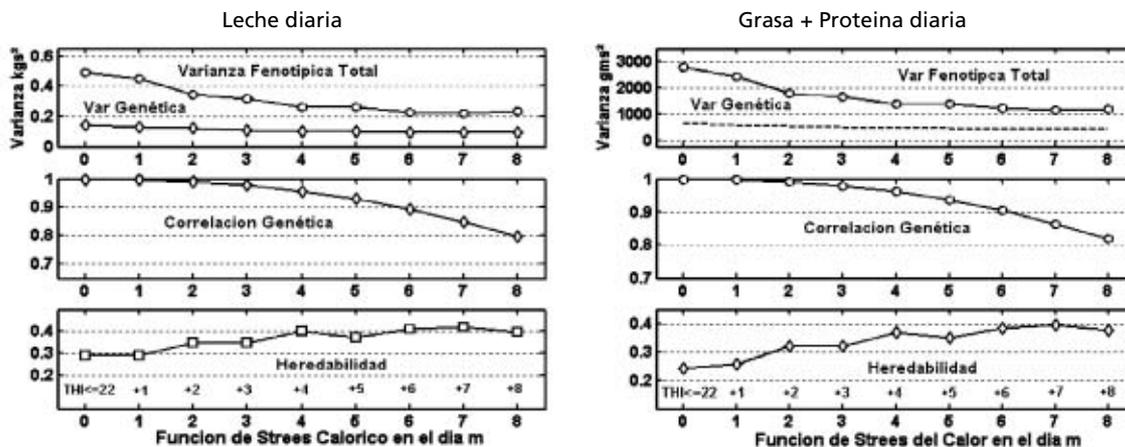


Figura 2. Componentes de varianza y parámetros genéticos de la producción diaria de leche y grasa + proteína a lo largo de la trayectoria de la función del estrés térmico.
 Figure 2. Components of variance and genetic parameters of the daily milk and fat + protein throughout the trajectory of the function of thermal stress.

los resultados ofrecidos por Finocchiaro et al., 2005, para ovinos lecheros de la zona del Mediterráneo, el valor de **THI** a partir del cual se determinó un decrecimiento en el comportamiento de los animales de raza Payoya se situó entre 21 y 22.

La curva de respuesta antes mencionada presenta algunas particularidades que deben ser aclaradas para una mayor comprensión de los resultados. Así, la MS total es la variable que más decrece a partir de **THI=23** (coeficiente de regresión $b = -3.83$

g/día por cada unidad que se incrementa la variable **THI**), sin embargo en la zona comprendida entre **THI=13** y **THI=17** este efecto fue contrario y la MS experimentó un incremento de 6.63 g/día por cada unidad de **THI** que se incrementaba. La producción diaria de grasa + proteína presentó el mismo comportamiento, viéndose afectada de igual manera. Con la excepción de los parámetros LA y ES que decrecen en toda la trayectoria de la curva-respuesta frente a **THI**, el resto de las variables no evidencian cambios para valores de **THI** comprendidos entre 17 y 22, lo que podríamos definir como zona de termoneutralidad. El nivel de **THI=22** equivale al nivel umbral y corresponde con una temperatura de 24.1°C y 65.8 % de humedad relativa.

La literatura disponible sobre este tipo de estudios denomina tolerancia general al parámetro estimado que resulta de la intercepción de la ecuación de regresión aleatoria (clase 0 en la función **ft**), mientras que el coeficiente de regresión se conoce como el efecto genético de tolerancia frente al calor. El cálculo del punto de convergencia de ambas variables dependientes, resultó tedioso. Las correlaciones genéticas entre Tolerancia general y Tolerancia al calor fue de -0.343 y -0.320 para la producción diaria de leche y producción de grasa + proteína respectivamente, lo cual indica una correlación negativa entre el potencial genético para ambos caracteres y la tolerancia al calor. En otras palabras, la selección para mayor producción tendrá como efecto colateral una disminución en la resistencia al calor de los animales. Las figuras 3 y 4 muestran la evolución de los componentes de varianza, correlación genética entre la manifestación del rasgo en la zona de termoneutralidad (**ft=0**) y la zona de estrés térmico, así como la heredabilidad de ambos rasgos a lo largo de la trayectoria de **ft**.

Los dos rasgos manifiestan un comportamiento muy similar. La varianza genética

prácticamente se mantiene constante, pero disminuye la varianza fenotípica total de manera que los parámetros estimados de h^2 se incrementan en la medida que aumenta **ft**. Las correlaciones genéticas (r_g) entre el mismo rasgo estimado en la zona de termoneutralidad (**ft=0**) o **ft<=5** toman valores superiores a 0.90, sin embargo estos niveles disminuyen hasta $r_g=0.80$ y $r_g=0.81$ para producción de leche y grasa + proteína respectivamente para valores de **ft=8**, sugiriendo la existencia de importantes cambios en el orden de mérito de los animales seleccionados en ambiente favorable o bajo estrés térmico.

Conclusiones

Todos los resultados indican sin lugar a dudas la existencia de una relación entre el índice **THI** y las variables productivas. Esta relación manifiesta un incremento productivo cuando el **THI** va de 13 a 17 posteriormente hay una etapa bastante estable como posible zona de confort, hasta **THI= 21** o 22. Posteriormente hay un decrecimiento neto. Desde el punto de vista genético, se ha estimado una importante variabilidad en esta población de cabras Payoya para resistencia al estrés térmico, que puede brindar importantes beneficios. Se sugiere continuar con este estudio y profundizar en los componentes genéticos estimados.

Bibliografía

Benicio de Souza B, Danusio de Souza E, Fontes M, Haus de Souza W, Soares dos Santos JR, Alves T, 2008. Temperatura superficial e índice de tolerancia ao calor de caprinos de diferentes grupos raciais no semi-árido nordestino. Ciênc. Agrotec., Lavras, 32, 275-280.

- Bohmanova J, Misztal I, Colet JB, 2007. Temperature-Humidity Indices as Indicators of milk Production Losses due to Heat stress. *J Dairy Sci*, 90, 1947-1956.
- Finocchiaro R, Van Kaam JBCHM, Portolano B, Misztal I, 2005. Effect of Heat Stress on Production of Mediterranean Dairy Sheep. *J Dairy Sci*, 88, 1855-1864.
- Gilmour AR, Cullis BR, Welham SJ and Thompson R, 2000. ASREML Reference Manual. NSW Agric. Biom. Bull. NSW Agriculture, Locked Bag, Orange, NSW 2800, Australia.
- Kadzere CT, Murphy MR, Silanikove N, Maltz E, 2002. Heat stress in lactating dairy cows: a review. *Livest Prod Sci*, 77, 59-91.
- Kelly CF, Bond E, 1971. Bioclimatic factors and their measurement: A guide to environmental research on animals. National Academy of Sciences, Washington, DC.
- Nazan Darcan and Okan Güney, 2008. Alleviation of climatic stress of dairy goats in Mediterranean climate. *Small Ruminant Research*, 74, 212-215.
- Ravagnolo O, Misztal I, Hoogenboom G, 2000. Genetic Component of Heat Stress in Dairy Cattle, Development of Heat Index Function. *J Dairy Sci*, 83, 2120-2125.
- Real Decreto 368/2005, de 8 de abril por el que se regula el control oficial del rendimiento lechero para la evaluación genética en las especies bovina, ovina y caprina.
- Salvador A, Martínez G, 2007. Factores que afectan a la Producción y Composición de la Leche de Cabra: Revisión Bibliográfica. *Revista Facultad Ciencias Veterinarias. UCV*. 48 (2), 61-76.
- Sevi A, Annicchiarico G, Albenzio M, Taibi L, Muscio A, Dell'Aquila S, 2001. Effects of Solar Radiation and Feeding Time on Behavior, Immune Response and Production of Lactating Ewes Under High Ambient Temperature. *J Dairy Sci*, 84, 629-640.
- West JW, Mullinix BG, Bernard JK, 2003. Effects of Hot, Humid Weather on Milk Temperature, Dry Matter Intake, and Milk Yield of Lactating Dairy Cows. *J Dairy Sci*, 86, 232-242.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Identificación genética y control genealógico en equinos mediante secuencias microsatélites de ADN

J.A. Bouzada^{*,**}, J.M. Lozano^{*,**}, M.R. Maya^{*,**}, B. Ossorio^{*,**}, A. Trigo^{*,**}, M. Estévez^{*,**}, T. Mayoral^{**}, E. Anadón^{**}, C. Gómez-Tejedor^{**}

* Sanidad Animal y Servicios Ganaderos, S.A. (TRAGSEGA). Dirección de estudios y consultoría. C/ Conde de Peñalver 84, 28006 Madrid

** Laboratorio Central de Veterinaria. Ctra. de Algete, km 8. 28110 Algete Madrid

E-mail: jbouzada@mapa.es

Resumen

El Laboratorio Central de Veterinaria de Algete (LCV) ha sido nombrado centro de referencia para la realización de análisis de marcadores genéticos y la homologación de las técnicas para la identificación y el control de filiación en équidos, con el fin de garantizar las genealogías de los animales inscritos en los libros genealógicos (Real Decreto 662/2007). A partir de ese momento, se ha desarrollado un protocolo de trabajo que cubre la totalidad de los pasos a seguir desde la recogida de muestras en el campo hasta la recepción final de los resultados por parte de la asociación de ganaderos. La metodología empleada utiliza los medios más avanzados y tiene establecidos una serie de puntos de control para poder detectar los errores que pudieran producirse tanto en la recogida de muestras como en la transmisión de la información que a éstas debe acompañar para su posterior análisis. La optimización de la metodología empleada posibilita procesar un número elevado de muestras en un corto espacio de tiempo con una gran fiabilidad en los resultados obtenidos. El análisis al que se someten las muestras incluye 18 marcadores microsatélite de ADN, amplificados en una reacción única de PCR, elegidos de la lista propuesta por la ISAG (International Society for Animal Genetics). Se dispone, además, de dos paneles adicionales compuestos de 22 y 8 nuevos marcadores respectivamente, que son utilizados en los casos en que se necesita una mayor capacidad de exclusión o para llevar a cabo estudios de genealogías con datos de progenitores procedentes de otros laboratorios donde utilicen estos marcadores, algo bastante habitual en las razas equinas en las que existe gran movimiento de animales entre distintos países.

Palabras clave: Mejora genética, Microsatélites, Probabilidad de exclusión, ISAG

Summary

Genetic identification and pedigree control on horses through microsatellite DNA sequences

Central Veterinary Laboratory of Algete (LCV) has been appointed as a referral center for the analysis of genetic markers and certification of techniques for the identification and genealogical control in horses, in order to guarantee the genealogies of the animals entered in studbooks (Royal Decree 662/2007). Since then, it has developed a working protocol covering all the steps to follow from the collection of samples in the field until receipt of the final results by the breeders' association. The methodology uses the most advanced and has established a series of checkpoints in order to detect any errors that may occur in both the sample collection and transmission of information that must accompany them for later analysis. The optimization methodology enables to process a large number of samples in a short time with great reliability in the results. The analysis that the samples are submitted includes 18 microsatellite DNA markers, amplified in a single PCR reaction, chosen from the list proposed by the ISAG (International Society for Animal Genetics). It also provides two additional panels composed of 8 and 22 new markers, respectively, which are used in cases where there is a need for increased capacity of exclusion or to conduct studies pedigrees with data from parents from other laboratories where use these markers, which is quite common in horse races where there is great movement of animals between countries.

Key words: Genetic improvement, Microsatellites, Exclusion probability, ISAG

Introducción

La veracidad de los registros de los libros genealógicos es, habitualmente, uno de los puntos más débiles a la hora de llevar a cabo un programa de mejora genética. Muchas veces esta información no está contrastada o simplemente no es correcta. Es recomendable disponer de un sistema que permita certificar las relaciones genealógicas para evitar que existan animales incorrectamente filiados o cuya filiación no sea conocida. Otras veces, existe también la necesidad de asegurar la correcta identificación de los animales a lo largo de toda su vida o la trazabilidad de los productos a los que pueda dar origen (carne, células germinales, etc.). Ambas necesidades son especialmente importantes en las razas ganaderas de alto valor económico y cuyo propietario cambia con cierta frecuencia, entre las que se encuentran las razas equinas.

Con la publicación, el 25 de mayo, del Real Decreto 662/2007, el Laboratorio Central de Veterinaria de Algete (LCV), del Ministerio de Agricultura Pesca y Alimentación, ha sido designado centro de referencia para la realización de análisis de marcadores genéticos y la homologación de las técnicas para la identificación y el control de filiación en équidos, con el fin de garantizar las genealogías de los animales inscritos en los libros genealógicos. Por este motivo se ha desarrollado un completo protocolo de trabajo que comienza con la extracción y envío de muestras desde las distintas ganaderías y termina con la recepción final de los resultados por parte del ganadero. Se han robotizado todos los procesos que ha sido posible con el fin de poder realizar un número elevado de análisis en un corto espacio de tiempo asegurando una total fiabilidad en los resultados obtenidos. Se han puesto a punto en el laboratorio la totalidad de los marcadores microsatélites de ADN que usan los laboratorios de todo el mundo que se dedican a este tipo de análisis para que, en los

casos necesarios, se pueda compartir la información, sin importar en qué laboratorio ha sido obtenida.

El laboratorio ha puesto a punto 48 marcadores microsatélites equinos, todos ellos presentes en la lista propuesta en los Test de Comparación Internacional de ADN Equino 2005/2006 coordinados por la ISAG (International Society for Animal Genetics) y entre los que se incluyen los 9 *loci* designados como el *set internacional mínimo* recomendado para los estudios de genotipado en los animales de la especie equina. Del total disponible, 18 de ellos se analizan en todas las muestras recibidas, amplificadas en una reacción única de PCR. Existe un pequeño número de casos en los cuales es difícil llevar a cabo un estudio de filiación a partir de la información obtenida por estos marcadores para lo cual se han puesto a punto dos paneles auxiliares constituidos por 22 y 8 marcadores, respectivamente, y que puede ser empleada tanto para resolver los casos dudosos como en estudios de caracterización genética.

La capacidad de exclusión de las relaciones de paternidad mal asignadas es muy elevada cuando se llevan a cabo utilizando el panel principal, pero para los casos en que puedan existir dudas en los estudios de filiación se dispone de 30 marcadores que harán más fiable la decisión tomada.

En el presente trabajo se describe la metodología llevada a cabo en este laboratorio. Se muestran, además, los resultados obtenidos hasta este momento, después de haber analizado el grupo de 18 marcadores genéticos elegidos en más de 18.000 animales de la raza equina Pura Raza Española.

Material y métodos

El objetivo fundamental a la hora de llevar a cabo este trabajo, ha sido el desarrollo de

una metodología que permita una alta capacidad de procesamiento de muestras, total trazabilidad durante todo el proceso de análisis y alta fiabilidad de los resultados obtenidos, para ello se han robotizado la mayor parte de las etapas por las que deben pasar las muestras, y se ha informatizado la transferencia de información a lo largo las distintas etapas del análisis.

Material biológico

La recogida de muestras debe hacerse siguiendo un protocolo preestablecido para poder proceder a la posterior robotización de su tratamiento en el laboratorio. También es muy importante la correcta vinculación entre la muestra recién extraída y el animal del que procede. Se ha establecido el envío de muestras de sangre entera recogidas en tubos con un conservante de material biológico (*Magic Buffer*[®] de *BIOGEN Diagnóstica*). Este tipo de tubos presenta la ventaja de poder mantener las muestras a temperatura ambiente durante largos periodos de tiempo sin sufrir degradaciones indeseables, lo que facilita considerablemente su manipulación, envío y conservación posterior. Los tubos deben ir identificados de la forma: EQ#AAA0000 junto con su correspondiente código de barras que permitirá la lectura en el laboratorio. En casos excepcionales, en este tipo de tubos se pueden enviar muestras de semen, raíces de pelo o tejidos de diferente origen. El laboratorio contempla también la posibilidad del envío de muestras de sangre entera fijada en tarjetas *FTA*[®] (*Flinders Technology Associates*), formato recomendable para las muestras remitidas desde el extranjero. Este tipo de soporte ofrece, entre otras, la ventaja de poder ser transportado más fácilmente que la sangre líquida y la posibilidad de poder ser conservado durante largo tiempo a temperatura ambiente.

La recogida de información relacionada con los animales recién muestreados se realiza

mediante una terminal tipo PDA y se descarga posteriormente en las aplicaciones informáticas de las que disponen las distintas asociaciones de ganaderos desde donde es enviada de forma telemática al LCV e incorporada en una base de datos, *Filus*, diseñada específicamente para gestionar el flujo de información durante todo el proceso de análisis así como el envío final, a los ganaderos, de los resultados obtenidos.

Alicuotado y almacenamiento de muestras

Las muestras son identificadas a través de la lectura de su código de barras y alicuotadas, sin necesidad de abrir los tubos en que son recibidas mediante la *GENESIS Workstation 150* de *Tecan*. Una alícuota se utiliza en el proceso de análisis llevado a cabo en el laboratorio y el otro se mantiene en un banco de muestras disponible para usos futuros. El almacenamiento de las muestras se realiza en tubos *micronic*[®], cuya identificación se puede hacer mediante lectores ópticos automáticos debido al código matricial que llevan impreso y su ubicación queda recogida en *Filus*. El resultado final es la organización de los tubos individuales de muestras en placas de análisis de 96 pocillos (identificadas con un código del tipo EQ000AA) generándose un fichero informático con la posición de cada una de ellas.

Extracción de ADN

Se lleva a cabo en las placas de 96 pocillos generadas en el proceso anterior en un *BioSprint 96* utilizando el *BioSprint 96 Blood Kit* (*Qiagen*), basado en la tecnología *MagAtract*[®].

Amplificación de secuencias

Se ha establecido un protocolo general basado en la amplificación, en una única

PCR *multiplex*, de 18 secuencias de tipo microsatélite, elegidas de la lista propuesta por la ISAG en el Test de Comparación Internacional de ADN Equino 2005-06 que será utilizado en los análisis habituales de exclusión de paternidad. Para la puesta a punto de esta reacción de tipo *multiplex* se han diseñado cebadores específicos para algunos marcadores intentando mejorar su rendimiento conjunto en esta reacción. En algunos casos se han utilizado cebadores específicos para evitar la existencia de alelos silentes que aparecen con los publicados con anterioridad. En esta reacción se incluyen: AHT4, AHT5, ASB2, ASB17, ASB23, CA425, HMS1, HMS2, HMS3, HMS6, HMS7, HTG4, HTG6, HTG7, HTG10, LEX3, LEX33 y VHL20. Se han puesto a punto además, otros dos protocolos de análisis para casos donde es preciso aumentar la capacidad de exclusión. El primero analiza, también mediante una única PCR *multiplex*, 22 marcadores microsatélite entre los que se incluyen los 15 propuestos por *Tozaki et al.* (2001), junto con otros 7 usados internacionalmente. Algunos cebadores fueron modificados para evitar alelos solapantes. Las secuencias analizadas son: AHT29, AHT39, HMS8, LEX22, LEX27, TKY19, TKY279, TKY287, TKY294, TKY297, TKY301, TKY312, TKY321, TKY325, TKY333, TKY337, TKY341, TKY343, TKY344, TKY374, TKY394 y UCDEQ405. Por último, el tercer protocolo de análisis se basa en 8 secuencias microsatélites usadas también en otros laboratorios de todo el mundo: HMS18, HMS20, HMS5, HTG15, HTG3, TKY598, UM010 y UM011.

Reacciones de PCR

Las reacciones de PCR, en los tres casos, se llevaron a cabo con: 2µl de ADN extraído según se ha indicado, 7,5µl de *Qiagen® Multiplex PCR kit* (*Qiagen*), 4µl de Agua estéril ultrapura y 1,5µl de una mezcla maestra de

cebadores donde están contenidas las parejas de oligonucleótidos necesarias para amplificar el conjunto de secuencias propuestas. La mezcla de componentes ha sido llevada a cabo en un *Aquarius 96 MultiPipettor* (*Tecan*). El protocolo de amplificación consistió en: 15' a 95 °C (por estar utilizando una *Taq Hot Start*); 35 ciclos de: 30" a 95 °C, 1:30' a 58 °C y 1' a 72 °C; y por último una fase de elongación final de 30' a 72 °C. El proceso ha sido llevado a cabo en un *GeneAmp® PCR system 9700* (*Applied Biosystems*).

Electroforesis capilar

Las muestras amplificadas en el proceso anterior fueron analizadas mediante electroforesis capilar de fragmentos de ADN marcados por fluorescencia, en el analizador genético *ABI Prism® 3130xl Genetic Analyzer*. Las muestras estuvieron constituidas por: 9,8µl de Formamida (*Applied Biosystems*), 0,2µl de *GeneScan™ 500LIZ™ Size Standard* (*Applied Biosystems*) y 1,5µl de ADN resultado de la reacción de PCR anterior (diluido con 75 µl de agua). La mezcla de componentes ha sido llevada a cabo automáticamente en un *Aquarius 96 MultiPipettor* (*Tecan*).

Análisis de los polimorfismos

La interpretación de los resultados obtenidos se llevó a cabo empleando el software de análisis *GeneMapper™* de *Applied Biosystems* en el cual, previamente se definieron las denominaciones de los distintos alelos siguiendo la nomenclatura ISAG.

Estudios de filiación

El laboratorio cuenta con una aplicación informática, *Filus*, diseñada específicamente para almacenar toda la información relacio-

nada con cada una de las muestras recibidas, poder seguir todo el proceso de análisis al que es sometida cada una de ellas y por último, una vez interpretados los resultados obtenidos en los análisis a que han sido sometidas en el laboratorio, poder dar un respuesta, vía telemática, a las solicitudes planteadas por los ganaderos. Los análisis solicitados, en estos momentos, pueden ser: genotipado de microsátélites, control de identidad y control de filiación. La base de datos permite estudiar las solicitudes de análisis recibidas de manera automatizada y a partir de ello emitir el dictamen correspondiente. Las distintas asociaciones pueden conocer en qué punto del proceso de análisis se encuentra cada muestra en un momento concreto, o conocer el resultado final, si éste ya ha sido obtenido, a través de un acceso web habilitado por el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación para tal fin usando una clave secreta.

Estudios estadísticos

A partir de los datos obtenidos se han calculado los siguientes parámetros de variabilidad genética: Heterocigosidad (H) (Ott, 1992), el Contenido de Información Polimórfica (PIC), calculado según la fórmula de Botstein *et al.* (1980), la Probabilidad de Exclusión de cada marcador (PE) según la expresión propuesta por Jamieson y Taylor (1997) y la global (PEG) del conjunto de los 18 marcadores utilizados en este laboratorio.

Resultados y discusión

El LCV ha puesto a punto la amplificación de 48 secuencias microsátélites de ADN equino elegidas de la lista propuesta por la ISAG, distribuidas en 3 reacciones de PCR de tipo *multiplex*. De ellos, 4 (LEX3, LEX227, LEX27 y TKY598) están ubicados en el cromosoma X,

algo a tener en cuenta a la hora de seguir su transmisión de padres a hijos. Estos marcadores son útiles, además, para detectar errores en la asignación del sexo en los animales analizados. Para lograr su amplificación conjunta, ha sido necesario, en algunos casos, utilizar cebadores distintos a los publicados en la bibliografía, a veces modificando los rangos de distribución alélica y otras simplemente buscando una mayor eficiencia en su amplificación en una reacción *multiplex* (AHT5, LEX3, LEX33 y TKY394). También se han utilizado cebadores con nucleótidos degenerados para poner de manifiesto alelos silentes de algunos de los microsátélites usados y que de no ser corregidos, darían lugar a falsas incompatibilidades de las genealogías propuestas (ASB2, HTG10 y HMS3).

Los análisis habituales de filiación han sido llevados a cabo usando 18 marcadores, el resto han sido utilizados únicamente para poder resolver filiaciones dudosas con los marcadores habituales. La nomenclatura usada para la denominación alélica ha sido la consensuada internacionalmente por la ISAG. En los marcadores con nomenclatura no estandarizada, los alelos se han nombrado mediante su longitud en pares de bases (AHT29, AHT39, HMS8, UCDEQ405, UM010 y UM011). Se han detectado microsátélites con alelos que no siguen la pauta normal de longitud (AHT29 y UM011), en cuyo caso se ha seguido estrictamente el criterio de su longitud en pares de bases como forma de nomenclatura.

En la tabla 1 se presentan los resultados generales para cada uno de estos 18 *loci* microsátélite del panel principal, después de analizar más de 18.000 equinos de Pura Raza Española. Se muestra el número de alelos encontrados en cada uno de ellos y el número medio para las secuencias estudiadas que, en este caso, es de 10,33 (con unos valores que oscilan entre los 6 encontrados en el HTG7 y los 15 del ASB17). Se observa

Tabla 1. Resultados obtenidos analizando los marcadores del panel principal en equinos de Pura Raza Española

Table 1. Results obtained by analysing the main panel markers in horses Pure Spanish Bred

Locus (Cromosoma)	Nº de alelos	Rango	H	PIC	PE
AHT4 (24)	9	144-162	0,74104	0,69943	0,51405
AHT5 (8)	9	126-147	0,74011	0,70655	0,53103
ASB17 (2)	15	96-127	0,83761	0,81871	0,68134
ASB2 (15)	13	220-257	0,79697	0,76621	0,59780
ASB23 (3)	13	183-212	0,70749	0,65814	0,46589
CA425 (28)	10	230-251	0,47560	0,45420	0,29292
HMS1 (15)	9	174-191	0,57806	0,48772	0,28955
HMS2 (10)	10	217-240	0,71467	0,66908	0,47954
HMS3 (9)	9	146-170	0,76942	0,73574	0,56220
HMS6 (4)	9	159-172	0,75179	0,71139	0,52527
HMS7 (1)	9	172-187	0,67866	0,63314	0,44110
HTG10 (21)	12	94-105	0,78598	0,75664	0,59215
HTG4 (9)	8	126-139	0,65937	0,60489	0,41061
HTG6 (15)	11	81-105	0,60747	0,53059	0,33024
HTG7 (4)	6	120-132	0,30399	0,27236	0,14574
LEX3 (X)	12	139-164	0,80183	0,77470	0,61343
LEX33 (4)	11	194-221	0,77410	0,74243	0,57349
VHL20 (30)	11	87-108	0,74774	0,72058	0,55277
Media:	10,33				PEG:0,999995

H: Heterocigosidad, PIC: Contenido de información polimórfica, PE: Probabilidad de exclusión, PEG: Probabilidad de exclusión global.

que, en esta raza, la mayoría de los marcadores elegidos presentan valores de PIC (*Contenido en Información Polimórfica*) superiores a 0,5 lo que los hace altamente informativos. Sólo están por debajo de esta cifra, el CA425, HMS1 y HTG7. Otros paneles propuestos que contienen parte de las secuencias microsatélites aquí analizadas han demostrado tener también alta capacidad de exclusión en otras razas equinas, como la Pura Raza Galega (Bouzada *et al.*, 2004), la Pura Raza Española (Bouzada *et al.*, 2007), el Asturcón (Royo *et al.*, 2005), la Mallorquina y la Menorquina (Azor *et al.*, 2007). Algunos de estos marcadores han sido usados también en estudios con razas asnales españolas como la Catalana, Mallorquina, Encartaciones, Zamorano-

Leonesa o Andaluza (Aranguren-Méndez *et al.*, 2001), dando como resultado también elevados valores de PIC.

Los 18 marcadores analizados en los animales de la raza equina Pura Raza Española proporcionan una probabilidad de exclusión global (PEG) del 99,9995%, por lo tanto, una alta capacidad de excluir genealogías incorrectamente asignadas. La mayor probabilidad de exclusión individual la proporciona el ASB17, que además es también el microsatélite que ha presentado mayor número de alelos, 15, no superando ninguno de ellos el 15% de frecuencia alélica. La menor probabilidad de exclusión la aporta el HTG7, que une a su bajo número de alelos, 6, el hecho de que uno de ellos presente una frecuencia

próxima al 82%. Estos valores son similares a los encontrados en trabajos de este tipo, aunque analizando un número menor de animales, realizados en otras razas equinas españolas e italianas (Bouzada et al., 2004; Royo et al., 2005; Marletta et al., 2006).

A pesar de la alta capacidad de exclusión que ofrece el panel principal de marcadores se ha considerado interesante disponer de un panel adicional para resolver casos en los que, por alguna razón, se necesite una mayor capacidad de exclusión. Dentro de este grupo se sitúan 30 marcadores, 15 de los cuales son usados en muchos laboratorios del mundo (Tozaki et al., 2001). Estos microsatélites ofrecen una alta capacidad de exclusión en las razas equinas en las que han sido estudiados, además de presentar una distribución de rangos de tamaño muy adecuada para su organización en una reacción *multiplex* de PCR.

Bibliografía

- Aranguren-Méndez J, Jordana J, Gómez M, 2001. Genetic diversity in Spanish donkey breeds using microsatellite DNA markers. *Genet. Sel. Evol.*, 33, 433-442.
- Azor PJ, Valera M, Gómez MD, Goyache F, Molina A, 2007. Genetic characterization of the Spanish Trotter horse breed using microsatellite markers. *Genetics and Molecular Biology*, 30, 37-42.
- Botstein D, White M, Skolnik M, Dawis RW, 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Gen.*, 32, 314-331.
- Bouzada JA, Fernández A, Prado C, Areán H, Pose H, Rivero G, Fernández M, Viana JL, 2004. Análisis de marcadores moleculares de tipo microsatélite para el control genealógico del Caballo de Pura Raza Galega. IV Congreso Ibérico sobre Recursos Genéticos Animales.
- Bouzada JA, Lozano JM, Maya MR, Ossorio B, Trigo A, Anadón E, Mayoral T, Gómez-Tejedor C, 2007. Control genealógico en el caballo de Pura Raza Española mediante análisis de 18 marcadores microsatélites de ADN. I Congreso Nacional de Zootecnia.
- Jamieson A, Taylor StCS, 1997. Comparisons of three probability formulae for parentage exclusion. *Animal Genetics*, 28, 387-400.
- Marletta D, Tupac-Yupanqui I, Bordonaro S, García D, Guastella AM, Criscione A, Cañon J, 2006. Analysis of genetic diversity and the determination of relationships among western Mediterranean horse breeds using microsatellite markers. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123, 315-325.
- Ott J, 1992. Strategies for characterizing highly polymorphic markers in human gene mapping. *Am. J. Hum. Gen.*, 51, 283-290.
- Royo LJ, Álvarez I, Fernández I, Gutiérrez JP, Martínez JL, Gómez E, Goyache F, 2005. Análisis preliminar de dos poblaciones de pony céltico de Asturias usando marcadores microsatélites. XI Jornadas sobre Producción Animal.
- Tozaki T, Kakoi H, Mashima S, Hirota K, Hasegawa T, Ishida N, Miura N, Choi-Miura N, Tomita M, 2001. Population study and validation of paternity testing for throughbred horses by 15 microsatellite loci. *J. Vet. Med. Sci.*, 63, 1191-1197.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Efecto semental x ganadería en la estimación de parámetros genéticos en caracteres de tamaño en el caballo Pura Raza Español: Resultados preliminares

M.D. Gómez*, M. Valera**, A. Molina*, F. Goyache***

* Departamento de Genética. Universidad de Córdoba. Ctra. Madrid-Cádiz km 396^a. 14071 Córdoba. España.

** Departamento de Ciencias Agroforestales. Universidad de Sevilla. Ctra. Utrera km 1. 41013 Sevilla. España.

*** SERIDA-Somío. Camino de los Claveles nº 604. 33203 Gijón. Asturias. España.
E-mail: pottokamd@gmail.com

Resumen

Los mismos sementales o algunos muy emparentados se utilizan en diferentes ganaderías. El rendimiento del semental puede variar según la ganadería por lo que puede ser recomendable incluir en los modelos de estimación el efecto ambiental macho x ganadería (s). Sin embargo, no existen estudios que analicen la influencia de este efecto sobre parámetros genéticos de caracteres de interés en el caballo. En este estudio se pretende evaluar el efecto de la inclusión del efecto s en los modelos de estimación de parámetros genéticos de 8 medidas zoométricas: alzada a la cruz (HW), altura de pecho (HC), longitud de extremidades (LL), longitud corporal (BL), anchura de pecho (WC), perímetro torácico (HGC), perímetro de rodilla (KP) y perímetro de caña (CBC). Se estimaron los componentes de la varianza a partir de los datos obtenidos en 16.472 animales utilizando un modelo animal multivariado con una metodología REML. Las heredabilidades oscilaron entre 0,26 (HC y WC) y 0,57 (HW) y las estimas del efecto s entre 0,02 (HW) y 0,09 (WC y HGC). Las correlaciones entre efectos s fueron positivas, significativas y, en general, entre moderadas y bajas, variando entre 0,09 (HW-BC) y 0,62 (HW-BL); excepto para LL, que fueron negativas y bajas (-0,20 - -0,68). Se considera recomendable incluir este efecto en los modelos de valoración genética en razas equinas.

Palabras clave: Cría equina, Interacción genotipo-ambiente, Parámetros genéticos, Zoometría

Summary

Sire x stud effect on estimation of genetic parameters for body traits in Spanish Purebred horse: Preliminary results

The same or closely related stallions are used for reproduction across studs differing in environments. Stallions may perform differently across studs, and adjustment for the environmental sire x stud effect (s) may be recommended. However, there are no available studies analysing the influence of such effect on estimation of genetic parameters in horses. This research aimed at assessing the effect of including s effects in the models for eight body measurements: height at withers (HW), height at chest (HC), leg length (LL), body length (BL), width of chest (WC), heart girth circumference (HGC), knee perimeter (KP) and cannon bone circumference (CBC). Using data from 16,472 individuals, genetic parameters were estimated using a multivariate animal model by REML. The estimated heritabilities ranged between 0.26 (HC and WC) and 0.57 (HW) and estimates for the s effect from 0.02 (HW) to 0.09 (WC and HGC). Correlations between s effects were positive, significant and from moderate to low, varying between 0.09 (HW-BC) and 0.62 (HW-BL); except for LL, which were negative and low (-0.20 - -0.68). Selective decisions or preferential management practices can cause this environmental effect. The inclusion of an s effect in models fitted for genetic evaluation in horse breeding schemes can be advisable.

Key words: horse breeding, genotype x environment interaction, genetic parameters, zoometry

Introducción

El programa de selección del caballo de Pura Raza Española (PRE), que se aprobó en 2005, incluye parámetros de conformación (Molina et al., 1999), funcionalidad (Molina et al., 2007; Valera et al., 2007) y parámetros reproductivos (Valera et al., 2006) como principales objetivos. El sistema de cría empleado favorece que un mismo semental u otros relacionados con él se utilicen en diferentes ganaderías con diferentes condiciones ambientales. Esto puede determinar que las crías de estos sementales presenten un rendimiento distinto según la ganadería, por lo que a priori podría parecer necesario la inclusión del efecto macho x ganadería (s) en los modelos de estimación de parámetros.

La influencia de un efecto ambiental ligado al semental en la estimación de los parámetros genéticos de caracteres objeto de selección se ha estudiado ampliamente en otras especies (Gutiérrez et al., 2006; Robinson, 2007), considerándose que esta interacción s puede deberse, además de a la existencia de un fenómeno de interacción genotipo-ambiente, a diferentes decisiones de selección entre ganaderías (Notter et al., 1992), los efectos del manejo en grupos de animales contemporáneos no recogidos o no incluidos en el modelo (Meyer, 1987; Berweger Baschnagel et al., 1999) o un problema de identificación de animales (Lee and Pollak, 1997^{a,b} Senneke et al., 2004). En este trabajo presentamos una primera evaluación del efecto s en los modelos estimación de parámetros genéticos de ocho medidas zoométricas en caballos PRE para determinar la necesidad de incluir este efecto en los modelos de evaluación.

Material y métodos

Se ha analizado información zoométrica y genealógica de 16472 PRE (40,25% machos

y 59,75% hembras con una edad media de $3,9 \pm 0,01$ años) recogida en las bases de datos oficiales del Fondo de Explotación de los Servicios de Cría Caballar y Remonta, dependiente del Ministerio de Defensa. La información zoométrica incluía ocho medidas corporales obtenidas durante la valoración de la aptitud morfofuncional de los individuos en 2004 y 2005 (figura 1): alzada a la cruz (HW), altura de pecho (HC), longitud de la pierna (LL), longitud corporal (BL), anchura de pecho (WC), perímetro torácico (HGC), perímetro de la rodilla (KP) y perímetro de la caña (CBC). Las medidas se obtuvieron utilizando una cinta métrica y un bastón zoométrico, con los animales colocados en un suelo liso y duro, y perfectamente aplomados.

El fichero de pedigrí incluyó hasta la cuarta generación de ascendientes de cada animal medido, con un total de 40.449 individuos. Los parámetros genéticos (heredabilidad y correlaciones genéticas) se estimaron con un modelo animal multivariado, mediante el programa VCE v.5.0. (Kovac et al., 2002). El modelo incluyó el sexo (2 niveles), el grupo de edad (5 niveles), y la ganadería (537 niveles) como efectos fijos; y como efectos aleatorios el efecto genético aditivo, la interacción s y la covarianza entre ellos, y el efecto residual.

Resultados y discusión

Aunque la selección equina se basa principalmente en el rendimiento deportivo, la conformación y los aires básicos tienen mucha importancia económica dada su utilización como criterio excluyente para el registro en los Libros Genealógicos (Bowling and Ruvinsky, 2000).

En la tabla 1 se presentan los estadísticos descriptivos para las ocho medidas zoométricas

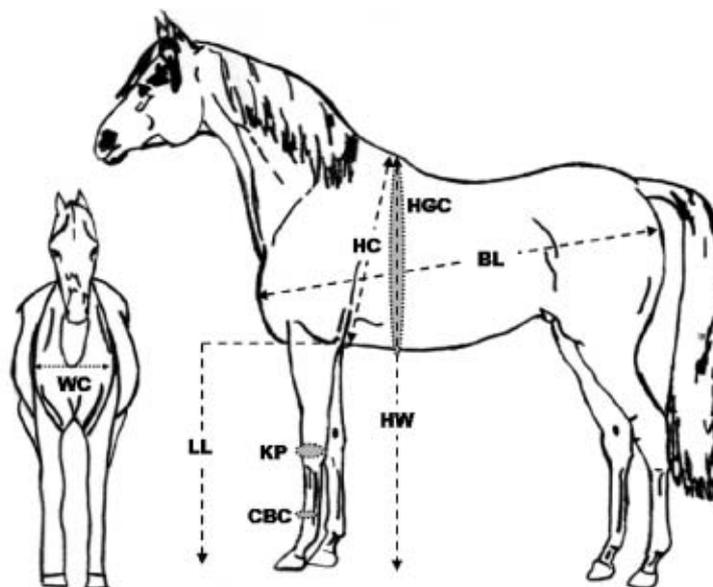


Figura 1. Representación de las medidas corporales estudiadas en caballos Pura Raza Española.
 Figure 1. Representation of analysed body measurements in Spanish Purebred Horses 1.

¹ Los nombres de las variables aparecen recogidos en la tabla 1.

¹ Trait names are listed in table 1.

Tabla 1. Estadísticos descriptivos de las medidas corporales en caballos de Pura Raza Española
 Table 1. Descriptive statistics of body measurements in Spanish Purebred Horses

Variables		Hembras	Machos		
		Media ± e.s.	CV (%) ¹	Media ± e.s.	CV (%) ¹
HW	Alzada a la cruz	1.56 ± 0.0004	2.63	1.59 ± 0.0005	2.64
HC	Altura de pecho	0.73 ± 0.0003	4.69	0.73 ± 0.0004	4.97
LL	Longitud de extremidades	0.83 ± 0.0004	4.47	0.85 ± 0.0005	4.50
BL	Longitud corporal	1.58 ± 0.0005	3.25	1.59 ± 0.0006	3.27
WC	Anchura de pecho	0.43 ± 0.0003	7.75	0.44 ± 0.0004	6.99
HGC	Perímetro torácico	1.92 ± 0.0009	4.73	1.89 ± 0.0009	3.92
KP	Perímetro de la rodilla	0.31 ± 0.0001	4.22	0.33 ± 0,0002	4.43
CBC	Perímetro de la caña	0.20 ± 0.0001	5.38	0.21 ± 0,0001	5.52

¹ CV: es el coeficiente de variación fenotípico, calculado como DS*100/Media.

¹ CV: phenotypic coefficient of variation, estimated as SD*100/Mean.

analizadas. Todas las variables son bastante homogéneas, con coeficientes de variación de rango medio-bajo, que oscilan entre 2,6% (HW) y 7,7% (WC).

Las heredabilidades estimadas (tabla 2) fueron similares a las indicadas en este tipo de medidas para esta raza (Molina et al., 1999) y otras poblaciones de silla (Torzynski et al.,

Tabla 2. Parámetros genéticos (heredabilidad –en la diagonal– y correlaciones genéticas) y varianza del efecto macho x ganadería expresada como una proporción de la varianza fenotípica (s^2) y estimaciones de las correlaciones entre los efectos macho x ganadería para las ocho medidas corporales es caballos de Pura Raza Española (sobre la diagonal)

Table 2. Genetic parameters (heritability and genetic correlations –below the diagonal–) and sire x stud variance as a proportion of phenotypic variance (s^2) and estimates for the correlation between sire x stud effect for eight analysed body measurements in Spanish Purebred Horses (over the diagonal)

Var ¹	HW	HC	LL	BL	WC	HGC	KP	CBC
HW	0.78 ± 0.026	0.39 ± 0.086	0.28 ± 0.108	0.62 ± 0.090	0.09 ± 0.094 ^{ns}	0.31 ± 0.092	0.47 ± 0.066	0.19 ± 0.093
HC	0.88 ± 0.016	0.35 ± 0.054	-0.68 ± 0.067	0.50 ± 0.062	0.15 ± 0.056	0.31 ± 0.053	0.35 ± 0.067	0.05 ± 0.065 ^{ns}
LL	0.82 ± 0.018	0.63 ± 0.034	0.69 ± 0.035	-0.14 ± 0.083 ^{ns}	-0.26 ± 0.075	-0.20 ± 0.066	-0.10 ± 0.100 ^{ns}	-0.07 ± 0.079 ^{ns}
BL	0.49 ± 0.036	0.40 ± 0.047	0.37 ± 0.054	0.48 ± 0.039	0.32 ± 0.058	0.38 ± 0.054	0.63 ± 0.067	0.31 ± 0.057
WC	0.63 ± 0.026	0.67 ± 0.033	0.40 ± 0.045	0.57 ± 0.030	0.71 ± 0.031	0.64 ± 0.037	0.27 ± 0.067	0.29 ± 0.050
HGC	0.80 ± 0.017	0.65 ± 0.034	0.70 ± 0.035	0.80 ± 0.020	0.60 ± 0.036	0.46 ± 0.024	0.46 ± 0.064	0.36 ± 0.051
KP	0.56 ± 0.028	0.42 ± 0.042	0.55 ± 0.041	0.65 ± 0.030	0.71 ± 0.033	0.72 ± 0.026	0.83 ± 0.019	0.46 ± 0.061
CBC	0.57 ± 0.019	0.26 ± 0.017	0.25 ± 0.017	0.40 ± 0.019	0.26 ± 0.017	0.33 ± 0.016	0.43 ± 0.016	0.39 ± 0.014
h^2	0.02 ± 0.005	0.07 ± 0.006	0.04 ± 0.006	0.05 ± 0.006	0.09 ± 0.006	0.08 ± 0.006	0.04 ± 0.006	0.07 ± 0.006
s^2								

¹ Los nombres de las variables aparecen recogidos en la tabla 1.

² Todas las estimas fueron significativas, excepto las marcadas con ^{ns} ($p < 0.05$).

¹ Trait names are listed in table 1.

² All estimated were significant, except the marked with ^{ns} ($p < 0.05$).

1999; Zechner et al., 2001; Dario et al., 2006). Las correlaciones genéticas entre variables fueron positivas y de moderadas a altas, oscilando entre 0,35 (HC-LL) y 0,88 (HW-LL).

Así mismo, en la tabla 2 se presentan las estimaciones del efecto s como una proporción de la varianza fenotípica (s^2), oscilando entre 0,02 (HW) y 0,09 (WC y HGC). Sin embargo, esta influencia varía según la variable analizada. Así, la variable con menor s^2 es HW, que es además la más homogénea (CV = 2,6%). Esto puede deberse a que el prototipo racial del PRE no permite la inscripción en el Registro de Reproductores de animales con alzas inferiores a 1,55 m en machos y 1,53 m en hembras, por lo que existe una selección similar para HW en todas las ganaderías. Las dos variables con mayor s^2 han sido WC y HGC. En las poblaciones animales, un incremento de HW no es deseable si no va acompañado de un adecuado desarrollo corporal, por lo que los ganaderos toman sus decisiones selectivas teniendo en cuenta las variables que lo condicionan, WC y HGC principalmente. La correlación estimada entre los efectos s de WC-HGC fue de 0,64 (tabla 2) mientras que para el resto de los pares de caracteres estas correlaciones fueron entre moderadas y bajas. Esto sugiere decisiones de selección similares para ambos caracteres.

Aunque se han citado como causas de esta interacción problemas de identificación de animales, variaciones entre sementales con diferente origen genético, cruzamiento selectivo o prácticas de manejo preferencial (Notter et al., 1992; Meyer, 1987; Berweger-Baschnagel et al., 1999; Gutiérrez et al., 2006), en el caballo de PRE, por su sistema productivo, es más probable que la causa pueda ser la utilización de algunos sementales con hembras de determinadas características para la consecución de una conformación específica, tal y como se ha demostrado en el bovino lechero (Powell et al., 1994). Esto produ-

ce una covarianza ambiental entre las crías de un semental en una ganadería si se ven sometidas a un tratamiento preferencial.

Como conclusión, los modelos genéticos de estimación de parámetros para las medidas corporales en caballo Pura Raza Español deberían incluir un efecto ambiental s .

Bibliografía

- Berweger-Baschnagel M, Moll J, Künzi N, 1999. Comparison of models to estimate maternal effects for weaning weight of Swiss Angus cattle fitting a sire x herd interaction as an additional random effect. *Livest. Prod. Sci.*, 60, 203-208.
- Dario C, Carnicilla D, Dario M, Bufano G, 2006. Morphological evolution and heritability estimates for some biometric traits in the Murgesse horse breed. *Genet. Mol. Res.*, 5(2), 309-314.
- Gutiérrez JP, Fernández I, Álvarez I, Royo LJ, Goyache G, 2006. Sire x contemporary group interactions for birth weight and preweaning growth traits in the Asturiana de los Valles beef cattle breed. *Livest. Sci.*, 99, 61-68.
- Kovac M, Groeneveld E, García-Cortez LA, 2002. VCE 5, a package for the estimation of dispersion parameters. 7th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production, August 19-23, Montpellier, France
- Lee C, Pollak EJ, 1997^a. Influence of sire misidentification on sire x year interaction variance and direct-maternal genetic covariance for weaning weight in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 75, 2858-2863.
- Lee C, Pollak EJ, 1997^b. Relationship between sire x year interactions and direct-maternal genetic correlation for weaning weight of Simmental cattle. *J. Anim. Sci.*, 75, 68-75.
- Meyer K, 1987. Estimates of variances due sire_herd interactions and environmental covariances between paternal half-sibs for first lactation dairy production. *Livest. Prod. Sci.*, 17, 95-115.

- Molina A, Valera M, Dos Santos R, Rodero A, 1999. Genetic parameters of morphofunctional traits in Andalusian horse. *Livest. Prod. Sci.*, 60(2-3), 295-303.
- Molina A, Valera M, Galisteo AM, Vivo J, Gómez MD, Rodero A, Agüera E, 2007. Genetic parameters of biokinematics variables at walk in the Spanish Purebred (Andalusian) Horse using experimental treadmill records. *Livest. Sci.* doi:10.1016/j.livsci.2007.09.021.
- Notter DR, Tier B, Meyer K, 1992. Sire x herd interactions for weaning weight in beef cattle. *J. Anim. Sci.*, 70, 2359-2365.
- Powell RL, Wiggans GR, Norman HD, 1994. Effect of sampling status and adjustment for heterogeneous variances on bias in bull evaluations. *J. Dairy Sci.*, 77, 883-890.
- Robinson DL, 2007. Days to calving in artificially inseminated beef cows: Comparison of potential traits. *Livest. Sci.*, 110(1-2), 174-180.
- Senneke SL, MacNeil MD, Van Vleck LD, 2004. Effects of sire misidentification on estimates of genetic parameters for birth and weaning weights in Hereford cattle. *J. Anim. Sci.*, 82, 2307-2312.
- Torzynski G, Szwaczkowski, T, 1999. Maternal genetic additive variability of conformation traits in Half-bred horses. *Electronic Journal of Polish Agricultural Universities, Series Animal Husbandry*, 2 (2) <http://www.ejpau.media.pl/volume2/issue2/animal/art-01.html>
- Valera M, Molina A, Gutiérrez JP, Gómez J, Goyache F, 2005. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livest. Prod. Sci.*, 95, 57-66.
- Valera M, Blesa F, Santos RD, Molina A, 2006. Genetic study of gestation length in andalusian and arabian mares. *Anim. Reprod. Sci.*, 95(1-2), 75-96.
- Valera M, Galisteo AM, Molina A, Miró F, Gómez MD, Cano MR, Agüera E, 2007. Genetic parameters of biokinematic variables of the trot in Spanish Purebred horses under experimental treadmill conditions. *The Vet. J.* doi:10.1016/j.tvjl.2007.07.031.
- Zechner P, Zohman F, Solkner J, Bodo I, 2001. Morphological description of the Lipizzan horse population. *Livest. Prod. Sci.*, 69, 163-177.
- (Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Influencia de los factores ambientales en el rendimiento deportivo del caballo en pruebas objetivas de rendimiento funcional (Salto de Obstáculos)

E. Bartolomé*, I. Cervantes**, M.D. Gómez*, A. Molina*, M. Valera***

* Departamento de Genética. Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales. Edificio Gregor Mendel, planta baja. Ctra. Madrid-Córdoba km 396a. 14071 Córdoba.

** Departamento de Producción Animal. Universidad Complutense de Madrid.

*** Departamento de Ciencias Agro-forestales. Universidad de Sevilla.

E-mail: v92bamee@gmail.com

Resumen

Desde el año 2004 el MAPyA organiza en España Pruebas de Selección de Caballos Jóvenes (PSCJ), para diferentes disciplinas, entre las que se encuentra el Salto de Obstáculos. Participan animales jóvenes (4 a 6 años). Con la información acumulada en estos 3 años (4.441 participaciones de 87 caballos participantes) hemos analizado los factores externos que condicionan los resultados obtenidos por los animales en este tipo de pruebas. Para ello se ha utilizado un modelo padre mediante el Proc MIXED del SAS, incluyendo como variables dependientes las penalizaciones finales y el ranking transformado. Se han analizado 14 factores, relacionados con el propio animal (edad, sexo...), el lugar de celebración del concurso y las condiciones de la pista, las condiciones climatológicas, el día de la prueba, el nivel de entrenamiento y el nivel de cansancio/estrés del animal antes de la competición. El jinete y el padre se han incluido como factores aleatorios en el modelo y el orden de salida, como covariable. Aunque la mayoría de los factores y combinaciones de factores han sido estadísticamente significativos, han explicado una muy baja varianza (entre 0,07% y 1,78%) con excepción de la edad (2,40%), padre (9,25%) y jinete (8,28%).

Palabras clave: Rendimiento deportivo, Caballo de deporte, Efectos ambientales

Summary

Influence of environmental factors on the sport performance of the horse, in an objective selection test (Show Jumping)

Since 2004, the Ministry of Agriculture, Fisheries and Food of Spain organize the Young Horses Performance Selection Tests, for different disciplines, like Show Jumping. Only young animals participate in these events (4 to 6 years old). With the data collected during 3 years (4.441 participations from 87 different horses), we have analyzed the environmental factors that influence the performance results of the animal in these type of tests.

A Proc MIXED model from SAS was used, including final penalizations and transformed ranking as dependent variables. 14 factors, related to the animal (age, sex...), the competition location and the racetrack conditions, the climatologic conditions, the training level and the stress level of the animal, were analyzed before the competition. The rider and the father were included in the model as random factors, and the participation order as the covariate.

Although most of the factors and their combinations were significant, they explained a very low variance (from 0.07% to 1.78%), excluding the age (2.40%), the father effect (9.25%) and the rider (8.28%).

Key words: Performance, Sport horse, Environmental effects

Introducción

Desde el año 2004, el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (MAPyA) organiza en España las Pruebas de Selección de Caballos Jóvenes (PSCJ), en las que participan animales en 3 grupos de edad (4, 5 y 6 años). Estas pruebas fueron creadas como base fundamental para la selección precoz de los futuros reproductores en diferentes disciplinas (Doma Clásica, Concurso Completo de Equitación y Salto de Obstáculos), que se incluyen en los Esquemas de Selección desarrollados de forma específica para las distintas razas equinas españolas. Dentro de estas disciplinas, el Salto de Obstáculos valora de forma más objetiva la capacidad deportiva del animal, en función de los errores cuantificables realizados durante el recorrido, ya que no depende de la apreciación de un juez. No obstante, la evaluación del potencial de estos animales exige la definición de los factores no genéticos (ambientales) que están condicionando el rendimiento de los caballos participantes.

En este estudio, se ha analizado la influencia de diversos factores no genéticos que condicionan el rendimiento deportivo del animal en los resultados obtenidos en las PSCJ celebradas para la disciplina de Salto de Obstáculos.

Material y métodos

Se han analizado los resultados de las PSCJ celebradas para la disciplina de Salto de Obstáculos, entre 2004 y 2007 de 870 animales participantes en 72 pruebas distintas (68 clasificatorias y 4 finales), que han generado un total de 4.441 participaciones.

En esas pruebas, los animales reciben puntos negativos cuando derriban un obstáculo, rehúsan saltarlo, se caen o exceden el

tiempo concedido para realizar el ejercicio. Para el presente estudio, se ha empleado la suma de las penalizaciones obtenidas en cada recorrido (2 en las pruebas clasificatorias y 3 en las finales). En esta escala, el 0 constituye la máxima nota. También se ha empleado el *puesto clasificatorio del animal* (ranking), para lo cual, se ha realizado la transformación de Snell (1964), otorgándole al primer animal clasificado (por prueba), una puntuación de 100 y al último, de 1. Al resto de animales se les asignará un valor proporcional al puesto clasificatorio obtenido en la prueba.

Mediante el procedimiento *Proc Mixed* (Sas v. 6.3), siguiendo un modelo padre, incluyendo en el modelo 14 efectos fijos: 2 relacionados con el animal: sexo (2 clases) y edad (3 clases: 4, 5 y 6 años); 2 relacionados con el concurso: centro (21) y tipo de pista (3 clases: arena, hierba, sintética); 4 relacionados con el clima: estación (3), ambiente (3 niveles: lluvioso, nublado y soleado), temperatura (3: 0-10 °C, 10-25 °C y >25 °C) y estado de la pista (4: blanda, buena, dura y resbaladiza); 3 relacionados con el nivel de entrenamiento del animal: meses que lleva entrenando (4: <6 meses, 6-12m, 12-24m y >24m), número de competiciones en las que ha participado previamente (4: <5 pruebas, 5-10, 10-20 y >20) e intensidad del entrenamiento (4: <3h, 3-6h, 6-10h y >10h); y, por último, 3 factores relacionados con el nivel de cansancio/recuperación del animal antes de comenzar la prueba: medio de transporte (3 niveles: van, camión y a pie), duración del viaje (6 clases: <30m, 30m-2h, 2-4h, 4-6h, 6-8h y >8h) y tiempo de descanso antes de la prueba (4 niveles: <6h, 6-12h, 12-24h y >24h antes).

Como factores aleatorios, además del padre del caballo (385 niveles), se ha incluido el jinete (359 niveles), y como covariable el orden de participación. Se ha estudiado la influencia sobre ambas variables de los factores ambientales.

Debido a la relación entre determinados factores ambientales, y para evitar posibles "efectos de confusión" entre ellos, se analizó su influencia sobre los resultados deportivos, agrupados en 4 efectos principales: *Localización* (centro y tipo de pista), *Clima* (estación, ambiente, temperatura y estado de la pista), *Nivel de Entrenamiento* (tiempo de entrenamiento, número de competiciones previas e intensidad del entrenamiento) y *Nivel de Estrés* antes de la competición (transporte, duración del viaje y tiempo de descanso antes de la prueba).

Para evitar desequilibrios en los datos, las clases de los factores representadas por menos de 6 animales, fueron eliminadas del estudio.

Resultados y discusión

En la cría del caballo de deporte, el objetivo principal es conseguir animales que obtengan buenos resultados en competiciones de todos los niveles. Diversos estudios demuestran que existe una alta correlación entre los resultados deportivos obtenidos por el animal a edades tempranas y los de la edad adulta (Aldridge et al., 2000; Santamaría et al., 2006, Wallin et al., 2003), por lo que es de gran importancia la "predicción" de la habilidad deportiva del animal a partir de los resultados obtenidos a edad temprana, como es el caso de las PSCJ. Esta predicción exige la utilización de controles objetivos que no dependan de la valoración subjetiva de un juez (Valera et al., 2006) y una buena definición de los factores ambientales a incluir en el modelo de valoración. El Salto de Obstáculos está considerada como una de las disciplinas que se pueden medir de forma más objetiva, si bien se ha demostrado la existencia de efectos no genéticos que afectan de forma significativa al rendimiento deportivo del animal (Skinner, 2001). Para determinar la capacidad de un animal

para el salto, es muy importante conocer en qué medida influyen los factores no genéticos en su rendimiento, dentro de esta disciplina (Mota et al., 2005).

En este trabajo se ha analizado la influencia individual de 14 factores ambientales sobre las variables penalización y ranking (tabla 1). Nueve de ellos han sido significativos para el ranking y 8 para los puntos de penalización obtenidos por el animal. Los dos factores relacionados con el animal (sexo y edad), han obtenido resultados significativos para ambas variables, siendo el factor edad el que mayor porcentaje de varianza absorbe, 2,40% para el ranking y 1,57% para las penalizaciones. La edad del animal, dado la juventud, va a estar muy relacionada con el tiempo en competición, su nivel de madurez y de entrenamiento. En la tabla 2 se muestra una comparación de medias mínimo cuadráticas para los principales factores significativos. Se pueden observar diferencias estadísticamente significativas entre machos y hembras, con mejores resultados para estas últimas. Para el factor edad, nuestros resultados muestran diferencias muy significativas entre los animales de 6 años y los demás, siendo estos los que obtienen peores puestos clasificatorios y cometen más errores durante el recorrido. Esto se debe a que, posiblemente, el incremento en el nivel de dificultad de la prueba (relacionado con el grupo de edad), es demasiado elevado y no va acorde con el desarrollo de la capacidad fisiológica y la técnica deportiva que va alcanzando el animal.

Los dos factores relacionados con la localización del concurso (centro y tipo de pista) han sido significativos para ambas variables (tabla 1), probablemente al condicionar los movimientos del animal y la forma de saltar los obstáculos (Proudman et al., 2004). Por otra parte, diversos autores han demostrado que factores climatológicos, como la temperatura y la humedad, influyen consi-

Tabla 1. ANOVA univariado para los factores analizados (Proc Mixed)
 Table 1. Univariate ANOVA for the analysed factors (Proc Mixed)

Factor	Ranking			Penalización		
	F	p	% C. Var.	F	p	% C. Var.
Efectos fijos						
Sexo	7,61	0,006**	0,44	6,91	0,009**	0,38
Edad	19,16	0,000***	2,40	12,72	0,000***	1,57
Centro						
Tipo pista	2,13	0,002**	0,49	2,60	0,000***	1,09
	3,96	0,019*	0,35	5,62	0,004**	0,76
Estación						
Ambiente	1,07	0,344		1,11	0,329	
Temperatura	14,59	0,000***	1,36	13,02	0,000***	0,95
Estado pista	0,30	0,738		0,39	0,678	
	3,61	0,013*	0,31	1,84	0,138	
Transporte						
Duración del viaje	3,77	0,023*	0,48	2,05	0,129	
Hora de llegada	2,45	0,032*	0,16	2,75	0,017*	0,27
	1,62	0,181		1,33	0,261	
Duración entrenamiento						
Competiciones previas	5,34	0,001**	0,60	5,62	0,001***	0,68
Horas de entrenamiento	2,32	0,073		3,02	0,029*	0,68
	1,31	0,268		2,10	0,098	
Covariable						
Orden Salida	0,92	0,338		0,65	0,419	
Efectos aleatorios						
Padre	4,35	0,000***	9,25	1,61	0,034*	1,64
Jinete	4,36	0,000***	8,38	4,12	0,000***	7,03

*p<0.05 **p<0.01 ***p<0.001

derablemente en el rendimiento deportivo del animal (Ott, 2005). En nuestro caso, sólo el "ambiente" resultó significativo para ambas variables, obteniendo el ambiente nublado peor ranking y más puntos de penalización, probablemente ligado a una menor visibilidad del recorrido. Entre los ambientes lluvioso y soleado, sin embargo, solo se han encontrado diferencias significativas para las penalizaciones (tabla 2), obteniendo menos penalizaciones con sol que con lluvia. Esto va ligado a las condiciones de la pista, que están muy condicionadas

por el ambiente, siendo más resbaladizas y blandas en ambientes lluviosos, lo que favorece la ejecución de errores (derrisos, caídas, etc.) durante el ejercicio.

De los factores relacionados con el nivel de cansancio/estrés previo al concurso, sólo la duración del viaje resultó significativa para el ranking y los puntos de penalización, mientras que el medio de transporte, lo fue para el ranking. Diversos estudios demuestran que el estrés producido por el transporte puede alterar el rendimiento del animal (Giovagnoli et al., 2002; Jones, 2003).

Tabla 2. Medias mínimos cuadráticas para los principales factores analizados en Salto de Obstáculos
 Table 2. Least squares means for main factors analyzed in Show Jumping

Factor	Clase	Ranking		Penalización	
Sexo	Hembra	72,43	a	10,64	a
	Macho	70,45	b	12,01	b
Edad	4 años	77,40	a	9,19	a
	5 años	71,84	b	10,60	a
	6 años	65,08	c	14,18	b
Ambiente	Nublado	68,66	a	12,70	a
	Lluvioso	73,79	b	11,46	a
	Soleado	71,87	b	9,81	b
Duración Entrenamiento	< 6 meses	64,67	a	14,78	a
	6-12 meses	71,17	b a	11,32	b
	12-24 meses	73,51	b a	10,41	b
	>24 meses	76,40	a	8,79	b

Significant differences were found between letters.

Existen diferencias significativas entre clases con distintas letras.

De los 3 factores que miden el nivel de entrenamiento previo, han resultado significativos la duración del entrenamiento (ranking y penalizaciones), y el nº de competiciones previas (penalizaciones). Autores como Kununose *et al.* (2002) y Visser *et al.* (2003) demostraron la influencia del entrenamiento sobre el rendimiento deportivo del animal, haciendo especial hincapié en los beneficios de un entrenamiento progresivo y continuado desde que el animal es joven. Nuestros resultados (tabla 2) muestran que los animales que han sido entrenados durante un período inferior a 6 meses presentan una clara diferencia con respecto a los demás, obteniendo peores resultados, tanto en el ranking, como en el número de errores cometidos durante el recorrido, mientras que los que llevan entrenando más de 24 meses, son los que mejores resultados deportivos obtienen.

Como era de esperar, los 2 factores aleatorios (jinete y padre), han sido significativos

para las dos variables, explicando los mayores porcentajes de varianza del modelo (8,38% y 7,03% el jinete; 9,25% y 1,64% el padre, para el ranking y las penalizaciones, respectivamente). El componente genético aditivo del animal sería equivalente a un 37% y 6,56% para ranking y penalizaciones, respectivamente. La influencia del jinete sobre el rendimiento deportivo del animal ha sido ampliamente constatada en diversos estudios, afectando desde la amplitud y elevación del salto en el animal (Peham *et al.*, 2004), la capacidad para saltar obstáculos (Murray *et al.*, 2005), hasta incluso su comportamiento (Hausberger *et al.*, 2004).

Finalmente, se evaluó otro modelo Mixed en el que se incluyeron los principales factores que habían resultado significativos de forma concatenada (*Localización, Nivel de Entrenamiento* del animal, *Nivel de Estrés* antes de la competición, y *Condiciones Climáticas*), resultando todos significativos,

tanto para las penalizaciones como para el ranking (resultados no mostrados). Los mayores porcentajes de la varianza se explicaban en el caso del ranking, con el clima y la edad y para las penalizaciones, con el clima y el nivel de estrés.

Por lo tanto, según los resultados obtenidos en este estudio, para obtener una evaluación adecuada del rendimiento deportivo del animal para esta disciplina, sería necesario incluir en el modelo de valoración la edad del animal, los factores relacionados con el clima, el nivel de estrés y el lugar de celebración del concurso, así como el efecto jinete.

Bibliografía

- Aldridge LI, Kelleher DL, Reilly M, Brophy PO, 2000. Estimation of the genetic correlation between performances at different levels of show jumping competitions in Ireland. *J. Anim. Breed. Genet.*, 117, 65-72.
- Giovagnoli G, Trabalza Marinucci M, Bolla A, Borghese A, 2002. Transport stress in horse: an electromyographic study on balance preservation. *Livest. Prod. Sci.*, 73, 247-254.
- Hausberger M, Bruderer C, Le Scolan N, Pierre JS, 2004. Interplay between environmental and genetic factors in temperament/personality traits in horses (*Equus caballus*). *J. Compar. Psycho.*, 118(4), 434-446.
- Jones J, 2003 Transporting Horses: Minimizing the stress. *J. Equine Vet. Sci.*, 23(12), 543-545.
- Kununose R, Ymanobe A, 2002. The effect of training schedule on learned tasks in yearling horses. *Appl. Anim. Behav. Sci.*, 78, 225-233.
- Mota MDS, Abrahão AR, Oliveira HH, 2005. Genetic and environmental parameters for racing time at different distance in Brazilian Thoroughbreds. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122, 393-399.
- Murray JK, Singer ER, Morgan KL, Proudman CJ, French NP, 2005. Risk factors for cross-country horse falls at one-day events and at two-/three-day events. *The Vet. J.*, 170, 318-324.
- Ott EA, 2005. Influence of temperature stress on the energy and protein metabolism and requirements of the working horse. *Livest. Prod. Sci.*, 92, 123-130.
- Peham C, Licka T, Schobesberger H, Meschan E, 2004. Influence of the rider on the variability of the equine gait. *Hum. Mov. Sci.*, 23, 663-671.
- Proudman C, Pinchbeck G, Clegg P, French N, 2004. Risk of horses falling in the Grand National. Analysis of past tumbles in this gruelling steeplechase points to ways of making it safer. Brief communication. *Nature*, 428, 385-386.
- Santamaría SA, Bobbert MF, Back W, Barneveld A, Van Weeren PR, 2006. Can early training of show jumpers bias outcome of selection events? *Livest. Sci.*, 102, 163-170.
- Skinner JS, 2001 Do genes determine champions?. *Gatorade Sports Science Institute*, 14, 83-86.
- Snell EJ, 1964. *Biometrics*, 20, 592-607.
- Valera Córdoba M, Gómez MD, Cervantes I, Bartolomé Medina E, Peña F, Molina A, 2006. Evaluación de los factores que condicionan el comportamiento evaluador de los jueces en las pruebas de calificación equinas. A Coruña, España.
- Visser EK, van Reenen CG, Schilder MBH, Barneveld A, Blokhuis HJ, 2003. Learning performances in young horses using two different learning tests. *Appl. Anim. Behav. Sci.*, 80, 311-326.
- Wallin L, Strandberg S, Philipsson J, 2003. Genetic correlations between field test results of Swedish Warmblood Riding Horses as 4-year-olds and lifetime performance results in dressage and show jumping. *Livest. Prod. Sci.*, 82, 61-71.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Mejora genética y gestión de poblaciones pequeñas

M.A. Toro, A. Caballero, J. Fernández

Departamento de Mejora Genética Animal, Carretera de La Coruña km 7, 28040 Madrid

E-mail: toro@inia.es

Resumen

La gestión genética de poblaciones pequeñas, cualquiera que sea el objetivo perseguido, viene condicionada precisamente por su tamaño. Hoy en día, la distinción entre programas de conservación y programas de selección tiende a difuminarse ya que en ambos tipos de programas hay que prestar atención tanto al aumento de la consanguinidad como a la mejora o mantenimiento de algunos caracteres de interés. Para el mantenimiento de la diversidad el criterio que debe seguirse es el de maximizar el censo efectivo. Para ello durante las últimas décadas se han desarrollado unas reglas sencillas aunque también existe una solución sofisticada y al parecer óptima. En programas de selección existen también reglas sencillas y una solución óptima aunque en este caso la solución implica también la consideración del progreso genético deseado. El diseño de apareamientos óptimos, aunque es más complejo desde el punto de vista teórico, tiene también una respuesta práctica satisfactoria.

Palabras clave: Mejora genética, Conservación, Consanguinidad, Diversidad genética, Poblaciones pequeñas, Censo efectivo

Summary

Genetic improvement and management of small populations

The genetic management of small populations, irrespective of the objective pursued, it is conditioned by their census. Actually the distinction between conservation and selection programmes tends to vanish because in both types of programmes attention should be paid to the increase of inbreeding and to the maintenance or improvement of some traits of interest. To maintain genetic diversity the criterion to follow is to maximize the effective population size. For this purpose several simple rules have been developed during the last decades although there exist also a sophisticated solution, probably optimal. For selection programmes there are also simple rules and an optimal solution although now the desired genetic progress should be included. The design of optimal mating systems, although it presents more problems from a theoretical point of view, it has also a reasonable practical solution.

Key words: Animal improvement, Conservation, Inbreeding, Genetic diversity, Small populations, Effective population size

Introducción

Hoy en día la distinción entre programas de selección y programas de conservación tiende a difuminarse. Por una parte, aunque el objetivo de un programa de conservación es el mantenimiento óptimo de la diversidad

genética y el control de la consanguinidad, suele ser aconsejable realizar al mismo tiempo selección, aunque sea débil, bien para caracteres que sean propios de esa raza o bien para caracteres generales de eficacia biológica como son la fecundidad, la supervivencia o la resistencia a enfermedades. Por

otra parte, aunque el objetivo de un programa de selección es maximizar el progreso genético, también debe controlarse el aumento de consanguinidad y asegurar el mantenimiento de un cierto nivel de variabilidad genética. La consanguinidad y la depresión que suele acompañarla pueden limitar el progreso genético a corto plazo, mientras que la pérdida de variabilidad puede comprometer tanto la respuesta a largo plazo como la respuesta ante un posible cambio del objetivo de selección.

Tanto en un programa de conservación como en uno de selección hay dos tipos de decisiones que deben tomarse. El primer tipo son decisiones de selección: qué animales van a quedarse como reproductores y cuántos descendientes van a contribuir cada uno de ellos a la siguiente generación. El segundo son decisiones de apareamiento: cómo van a aparearse los machos y las hembras seleccionadas.

Censo efectivo

Maximizar la diversidad genética mantenida equivale a maximizar el censo efectivo de población, puesto que en poblaciones pequeñas la pérdida de variabilidad genética se produce fundamentalmente por deriva. El censo efectivo (N_e) se define como el censo de una población ideal que produjera, por generación, la misma tasa de consanguinidad (censo efectivo de consanguinidad) o la misma tasa de cambio en la varianza de las frecuencias génicas (censo efectivo de varianza) que en la población que nos interesa:

$$N_{ef} = \frac{1}{2\Delta F} \text{ y}$$

$$N_{ef} = \frac{1}{2\Delta V(q)} = \frac{1}{2\Delta f} ,$$

respectivamente. Así, el censo efectivo de consanguinidad mide la tasa de aumento en

consanguinidad (ΔF) mientras que el censo efectivo de varianza mide la tasa de aumento en parentesco (Δf). En una población con apareamiento aleatorio los coeficientes de consanguinidad (F) y de parentesco (f) aumentan con el transcurso de las generaciones (t) de forma que $f_t = F_{t+1}$. En poblaciones sin apareamiento aleatorio puede haber un retraso mayor entre f y F que viene dado por el coeficiente α (exceso de apareamientos entre parientes respecto de los esperados por azar), que relaciona ambos parámetros de la forma siguiente, $(1 - F) = (1 - f)(1 - \alpha)$. Sin embargo, a menos que la población esté subdividida de forma permanente en líneas independientes con genealogías completamente separadas, los dos tipos de censos tenderán asintóticamente hacia un valor único.

De forma simplificada, el censo efectivo de una población puede expresarse como

$$N_e = \frac{4N}{2(1-\alpha) + S^2(1+3\alpha)} \quad (1)$$

(Caballero y Hill, 1992), donde S^2 es la varianza del número de hijos contribuidos por los reproductores de la población. Si el apareamiento es aleatorio la fórmula se reduce a $N_e = 4N/(2+S^2)$, y si la contribución de los padres a los descendientes es uniforme ($S^2 = 0$) el censo efectivo será el doble del real. Este argumento sugiere que el mantenimiento de la máxima diversidad genética pasa por igualar las contribuciones de los reproductores.

Sin embargo la definición de censo efectivo presentada por la ecuación (1) es incompleta, ya que refiere sólo a las contribuciones de padres a hijos. Una ecuación más general es la deducida por Woolliams y Thompson (1994)

$$N_e = \frac{2N}{(1+V_C)(1-\alpha)} \quad (2)$$

(véase Caballero y Toro, 2000), donde V_C es la varianza de las contribuciones de los ancestros a los descendientes de futuras generaciones.

Censo efectivo con selección

Si hay selección, sea natural o artificial, que actúa sobre un carácter heredable, el proceso de deriva se amplifica en el transcurso de las generaciones porque las asociaciones aleatorias que se establecen en una generación determinada entre los genes neutrales y selectivos permanecen en los descendientes durante cierto número de generaciones hasta que son eliminadas por la segregación y la recombinación (ver, por ejemplo, Santiago y Caballero, 1995). La idea básica es que la selección produce una varianza a largo plazo de los valores selectivos ($4Q^2C^2$) que hay que añadir a las contribuciones aleatorias (S^2). El término C^2 es la varianza genética de la eficacia biológica de los individuos (relativa a la media de la población) y Q es la suma de una serie de términos que reflejan el valor de la asociación entre los genes neutrales y los seleccionados y que se acumula durante las generaciones. Para genes no ligados y con selección débil se espera que se reduzca a la mitad cada generación de forma que $Q = 1 + 1/2 + (1/2)^2 + (1/2)^3 + \dots = 2$. La asociación se reduce también cada generación en una cantidad igual a la pérdida de varianza debida a la selección (G), por lo que la serie es, en realidad, $Q = 1 + G/2 + (G/2)^2 + (G/2)^3 + \dots = 2/(2-G)$. Así, el valor selectivo de un individuo o familia aumenta en una cantidad Q a lo largo de las generaciones y la varianza en una cantidad Q^2 . Por tanto, el censo efectivo con selección es

$$N_e = \frac{4N}{2(1-\alpha) + (S^2 + 4Q^2C^2)(1+3\alpha)}$$

Con selección artificial, el término G , la proporción de varianza genética tras la selección, es $G = 1 - k h^2$, siendo h^2 la heredabilidad del carácter seleccionado, $k = i(i-x)$, i la intensidad de selección y x el punto de truncamiento en la distribución normal estandarizada. El término $C^2 = i^2\rho$ siendo ρ la correlación intracase de los miembros de la misma familia.

Censo efectivo de una metapoblación

La ecuación (2) ha sido también generalizada por Caballero y Toro (2002) al caso de una población subdividida en n subpoblaciones de censo N ,

$$N_e = \frac{2Nn}{(1 + \overline{V_{CW}} + V_{CB})(1 - F_{IT})} \quad (3)$$

donde $\overline{V_{CW}}$ es la varianza de las contribuciones de los ancestros a los descendientes dentro de subpoblaciones (la barra indica el promedio entre las distintas poblaciones), y V_{CB} es la varianza de las contribuciones de las subpoblaciones ancestrales al conjunto de la población en generaciones posteriores. Los principios son idénticos a los de una población sin subdividir. El coeficiente $(1 - F_{IT})$ determina el grado de consanguinidad total, que depende de la consanguinidad parcial debida a la subdivisión $(1 - F_{ST})$ y debida al apareamiento no aleatorio intra-poblacional $(1 - F_{IS})$, siendo el coeficiente F_{IS} equivalente al coeficiente α en una población única. La maximización del censo efectivo se produce cuando se minimizan las varianzas de las contribuciones dentro de poblaciones y entre poblaciones.

Con un sistema regular de apareamientos, las varianzas de las contribuciones pueden expresarse en función de la varianza del número de descendientes que producen los padres por generación en cada población, promediada para las distintas subpoblaciones ($\overline{S_W^2}$), la varianza del número de descendientes que produce cada subpoblación a la siguiente generación, escalada a una contribución media de dos (S_B^2), y los estadísticos de Wright,

$$\overline{V_{CW}} = \frac{\overline{S_W^2} (1 + 3F_{IS})}{2(1 - F_{IS})},$$

$$V_{CB} = \frac{(S_B^2/2)(1 + 3F_{IS})(1 - F_{ST}) + 2N(S_B^2/2)F_{ST}}{(1 - F_{IS})(1 - F_{ST})}$$

Sustituyendo en la ecuación (3) obtenemos

$$N_e = \frac{Nn}{\frac{1}{4} (1 - F_{ST}) [(S_w^2 + S_B^2)(1 + 3F_{IS}) + 2(1 - F_{IS})] + N(S_B^2/2)F_{ST}} \quad (4)$$

Reglas sencillas en la gestión de programas de conservación

Como se dijo anteriormente, el criterio que hay que seguir para optimizar la gestión de un programa de conservación es tratar de maximizar el censo efectivo. En una población con sexos separados la fórmula general para el cálculo del censo efectivo es

$$\Delta F = \frac{1}{2N_e L} = \frac{1}{32N_p L} \left(\frac{1}{m_{ps}} + \frac{1}{m_{pd}} + \frac{S_{ps}^2}{m_{ps}^2} + \frac{2S_{ps, pd}}{m_{ps} m_{pd}} + \frac{S_{pd}^2}{m_{pd}^2} \right) + \frac{1}{32N_f L} \left(\frac{1}{m_{fd}} + \frac{1}{m_{fd}} + \frac{S_{fd}^2}{m_{fd}^2} + \frac{2S_{fd, fd}}{m_{fd} m_{fd}} + \frac{S_{fw}^2}{m_{fd}^2} \right)$$

siendo L el intervalo generacional, N_p el número de padres, N_d el número de madres, m_{ps} el número de hijos por padre, m_{pd} el número de hijas por padre, etc., y S_{ps} la varianza del número de hijos por padre, S_{pd} la varianza del número de hijas por padre, etc.

De la fórmula anterior, y otras que determinan la influencia de diferentes factores en el censo efectivo, pueden deducirse unos criterios sencillos a tratar de implementar en un programa de conservación: 1) Iniciar el programa con el máximo número de fundadores; 2) Utilizar tantos padres y madres como sea posible; 3) Igualar el número de padres y madres en la medida de lo posible (un cociente sexual 1:1 sería lo óptimo, ya que el sexo menos representado condiciona más el N_e); 4) Evitar los cuellos de botella en el censo; 5) Alargar al máximo los intervalos generacionales (sólo hay deriva cuando se generan descendientes para reemplazar a

los progenitores); 6) Reducir al máximo la varianza de los tamaños familiares.

Para cumplir con el último criterio se han desarrollado, durante las últimas décadas, varias reglas (figura 1). La regla de Gowe et al. (1959): cada padre debe dejar un hijo y cada madre una hija. La regla de Wang (1997): cada padre debe dejar un hijo, la madre que ha dejado al hijo ya no deja más descendencia, hay otra madre que deja dos hijas y las demás madres dejan una hija. La más reciente y, por el momento, más eficiente, es la regla de Sánchez-Rodríguez et al. (2003) en la que el criterio anterior se complica haciendo que, además, el estatus de la madre (tener un hijo, tener una hija o tener dos hijas) dependa a su vez del estatus de la abuela. Bajo el más reciente de los diseños se puede demostrar que la tasa asintótica de consanguinidad mantenida ($4/3[1 + 2(1/4)^d]/16N_s$, siendo N_s el número de machos y d el número de hembras por macho) es la menor posible con apareamiento aleatorio. Cuando el cociente sexual es muy desequilibrado (d muy grande), el censo efectivo llega a ser de $6 N_s$.

El problema de estos sistemas jerárquicos regulares es que son poco robustos frente a desviaciones de las condiciones para las que fueron diseñados (Fernández et al., 2003b). Por ejemplo, no tienen en cuenta el nivel de parentesco de los individuos que constituyen la población de partida. Tampoco contemplan la posibilidad de "fallos" aleatorios (apareamientos fallidos, número de hijos por pareja menor del deseado, etc.) dando resultados subóptimos. Además, la rigidez de los sistemas los hacen inviables para el manejo de poblaciones en las que el número de hembras por macho no es un número entero o aquéllas en las que se produce una fluctuación del censo (por ejemplo, en el periodo de crecimiento en el que hay que generar un número mayor de descendientes que de parentales).

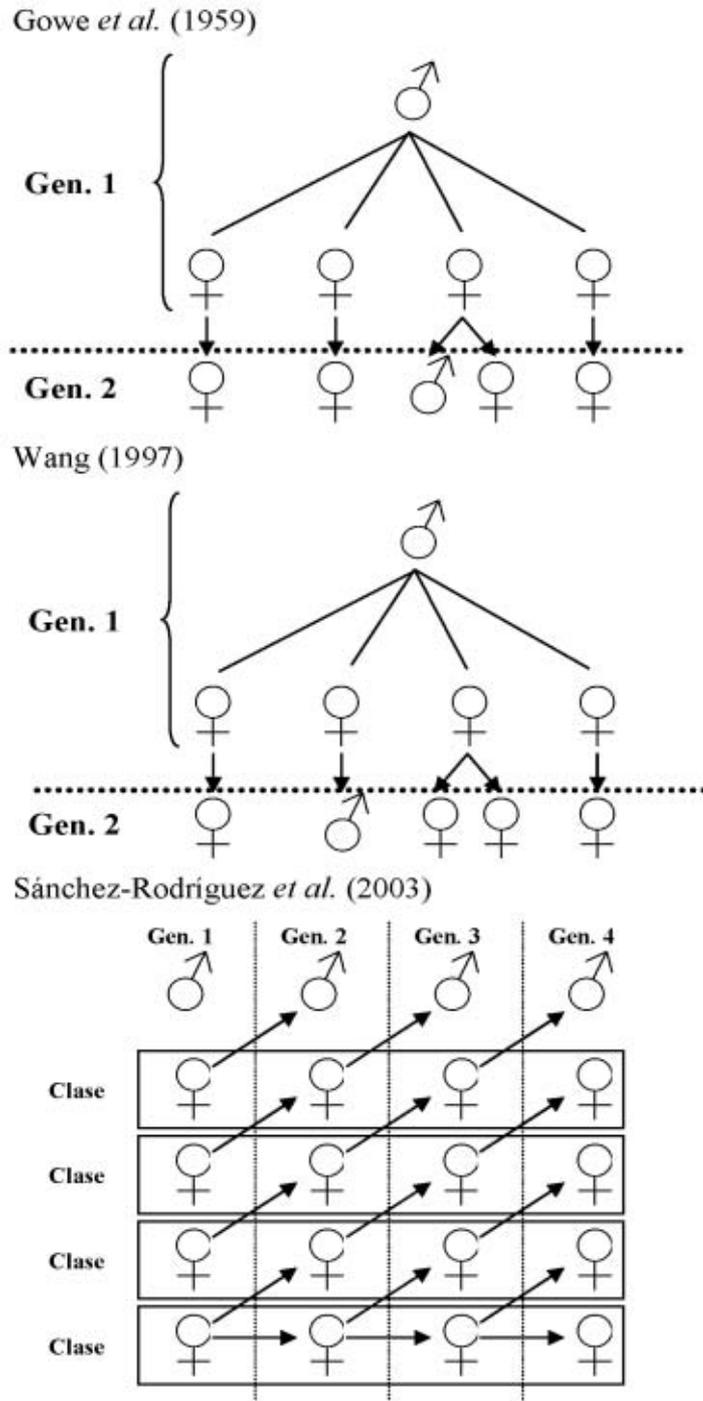


Figura 1. Distintos tipos de esquemas jerárquicos
 Figure 1. Different hierarchical schemes

Contribuciones de mínimo parentesco

Otra línea argumental fue propuesta en el campo de la genética de la conservación por Ballou y Lacy (1995). La idea de partida es que el parentesco entre dos individuos es una medida de la proporción de información genética que comparten. Por ello, la información que porta un grupo de parientes cercanos es redundante y la mayor cantidad de variabilidad genética la observaremos en poblaciones donde el parentesco promedio fuera mínimo. Así, se ha podido demostrar teóricamente, mediante simulación y experimentalmente que la mejor estrategia en programas de conservación es determinar las contribuciones de cada parental a la siguiente generación de manera que se minimice el parentesco promedio global ponderado por dichas contribuciones.

Habrá que elegir, por tanto, el grupo de individuos cuyo parentesco global sea mínimo. De esta manera los individuos muy relacionados con el resto de la población estarán penalizados, mientras que aquellos individuos poco relacionados (que se supone portarán informaciones genéticas poco representadas en la población) serán favorecidos, dejando más descendientes. Esta formulación permite incluir cualquier tipo de restricción de tipo fisiológico o de manejo y, por tanto, puede aplicarse en situaciones no regulares que los métodos anteriores no podían abordar (Fernández et al., 2003b).

Si, de forma más general, permitimos que el número de hijos contribuido por cada padre sea variable, el criterio será minimizar el parentesco de los reproductores ponderado por su contribución a la siguiente generación. O, lo que es lo mismo, el parentesco global 'futuro' de los hijos de los reproductores elegidos. Así, si consideramos una población monoica de N individuos en la generación t , el número de descendientes que cada uno de

ellos debe aportar a los N individuos de la generación $t + 1$ deber ser tal que:

$$\sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N w_i w_j f_{ij} \quad \text{sea mínimo,}$$

siendo w_i la contribución del individuo i , de forma que $\sum_{i=1}^N w_i = 2N$ para que la población se mantenga con un censo constante. Las razones para recomendar esta estrategia son brevemente las siguientes (Caballero y Toro, 2000): 1) minimizar el parentesco global equivale a maximizar la diversidad génica, tal y como fue definida por Nei (1987) en términos de la heterocigosis esperada, esto es, la heterocigosis que tendría una población que con las mismas frecuencias génicas estuviera en equilibrio de Hardy-Weinberg; 2) si los individuos de la generación t no están emparentados el método minimizará la varianza del número de hijos por familia (S^2 en la ecuación 1) y, por lo tanto, en esta situación coincide con la recomendación clásica para los programas de conservación de que cada padre contribuya con un hijo y cada madre con una hija a la generación siguiente (en su forma más precisa tal y como fue propuesta por Wang, 1997); 3) si los individuos de la generación t están relacionados, el método igualará las contribuciones no sólo de la generación anterior sino de todas las generaciones previas, es decir, minimizará la varianza de las contribuciones de ancestros a descendientes (V_C en las expresiones anteriores).

Elección del sistema de apareamiento en programas de conservación

La elección del sistema de apareamiento en un programa de conservación es menos sencilla ya que depende del horizonte temporal de interés. A corto plazo es obvio que imponer apareamientos entre parientes aumentará la consanguinidad promedio de la población, mientras que si se evitan, el aumento será más

lento. Sin embargo, a largo plazo los efectos pueden ser opuestos.

Como se deduce del denominador de la fórmula (1) un aumento de α tiene (al forzar apareamientos entre parientes) dos efectos opuesto. El primer término se debe a la deriva genética causada por la segregación de los heterocigotos. Puesto que el apareamiento entre parientes produce una disminución de heterocigotos, también disminuye la deriva genética debida a esta causa. El segundo término se refiere a la deriva genética generada por las contribuciones desiguales de los padres a los descendientes de la siguiente generación. Al forzar el apareamiento entre parientes aumenta la proporción de homocigotos, lo que hace que aumente la deriva cuando los individuos que contribuyen desproporcionadamente a la descendencia resultan ser homocigotos. El balance de los dos efectos depende del valor de S^2 . Si éste es pequeño, como suele ocurrir en programas de conservación, el primer factor será el más importante, e imponer apareamientos consanguíneos aumentará el censo efectivo.

Aunque este resultado parece contradictorio con la recomendación general de evitar apareamientos entre parientes en programas de conservación de poblaciones animales, hay que hacer notar que el argumento expuesto aplica a largo plazo. Evitar el apareamiento entre parientes en situaciones de bajo valor de S^2 aumentará la consanguinidad a largo plazo pero la disminuirá a corto plazo. Puesto que la consanguinidad tiene efectos no deseables a corto plazo tales como la depresión consanguínea, el evitar apareamientos entre parientes suele ser la opción más adecuada para garantizar la pervivencia de la población.

Siguiendo esta filosofía, el método de evitar al máximo la consanguinidad tiene como idea subyacente la de impedir el apareamiento entre individuos relacionados. Un método muy intuitivo y llevado a la práctica en mu-

chos programas es el de evitar el apareamiento entre individuos que compartan un abuelo, un bisabuelo, etc. Una forma más sistemática de actuar es minimizar el parentesco promedio de las parejas que se deben formar utilizando una función objetivo que minimice la consanguinidad de la siguiente generación:

$$\sum_{i=1}^{N_s} \sum_{j=N_m+1}^{N_s} x_{ij} f_{ij},$$

donde x_{ij} es una variable que toma el valor 1 si el apareamiento entre el macho i y la hembra j se debe realizar y 0 en caso contrario.

Un enfoque diferente es el analizado por Caballero *et al.* (1996). El método, denominado apareamiento compensatorio, consiste en ordenar machos y hembras por separado de acuerdo a su parentesco promedio con el resto de la población, apareando el macho más emparentado con la hembra menos emparentada y así sucesivamente. Por último, por razones prácticas, son bastante atractivos los apareamientos circulares, muy utilizados en el mantenimiento de animales de laboratorio. Los ratones, por ejemplo, que se mantienen en jaulas pueden manejarse de la siguiente manera: colocamos las jaulas en un círculo, dejamos las hembras de la descendencia en su jaula y movemos los machos a la jaula situada a su derecha, lo que resulta muy fácil y rápido de implementar.

Gestión de poblaciones subdivididas

En el contexto de las poblaciones subdivididas, se debe hacer notar que la subdivisión es una forma de apareamiento no aleatorio. Por tanto, los argumentos anteriores especificados para una población única aplican igualmente a una población subdividida. El apareamiento no aleatorio se cuantifica por el coeficiente F_{IT} global, que depende del grado de subdivisión (F_{ST}) y del apareamiento local entre

parientes (F_{IS}). Sólo si la varianza de las contribuciones intra e inter-subpoblacionales son nulas o muy reducidas, la subdivisión producirá un aumento del censo efectivo (Wang y Caballero, 1999). En caso contrario, el censo efectivo disminuirá con la subdivisión. Sin embargo, estos argumentos, de nuevo, aplican a largo plazo. Si el control de la deriva se pretende a corto plazo, la estrategia más adecuada será la de evitar la subdivisión, por la misma razón que se debe evitar el apareamiento entre parientes en poblaciones únicas. No obstante, también debe tenerse en cuenta que puede haber otros factores no genéticos (control de epidemias, facilidades, etc.) que aconsejen la subdivisión en contra de los argumentos genéticos.

El reducido censo de cada uno de los grupos en una población subdividida exige la implementación de algún esquema de migración para evitar los problemas que conlleva el incremento de la consanguinidad. A pesar de que la migración actúa como fuerza homogeneizadora entre poblaciones, es en la mayoría de las veces nuestro mejor aliado a la hora de recuperar una raza doméstica o una especie salvaje. Las poblaciones en peligro de extinción suelen estar constituidas por subpoblaciones muy pequeñas y aisladas, en las que el efecto de la migración de un número muy escaso de animales determina un gran incremento del N_e global de la población. Así, en los estudios del flujo genético entre poblaciones se ha definido el término $N_e m$ como el censo efectivo multiplicado por la tasa de migración. A partir de los estudios clásicos sobre el efecto de la migración se estableció la regla de "un migrante por generación" (OMPG en inglés), que indica que el hecho de mover un solo individuo de cada subpoblación en cada generación a otra subpoblación al azar (lo que se conoce como modelo isla) es suficiente para mantener niveles aceptables de consanguinidad en cada grupo, a la vez que se mantiene una diferenciación adecuada

entre los mismos. Además de los problemas generados por las desviaciones del modelo en la vida real, que hacen diferente el censo poblacional del censo efectivo y pueden requerir más o menos de un migrante por generación para mantener el equilibrio diferenciación-consanguinidad (Wang, 2004), una debilidad de este método es que asume una tasa de migración constante y movimientos de individuos entre poblaciones aleatorios, sin tener en cuenta la estructura genética de la población.

Sin embargo, se puede desarrollar una estrategia dinámica (Fernández et al., 2008). Si partimos de la formulación óptima para mantener diversidad en una población única (contribuciones de mínimo parentesco global) podemos separar la contribución de cada individuo en las contribuciones particulares de ese individuo a todas las subpoblaciones. Reorganizando podemos llegar a la siguiente función objetivo a minimizar:

$$\sum_{k=1}^n \sum_{l=1}^n \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N f_{ij} c_{ik} c_{jl} + \sum_{k=1}^n \sum_{l=1}^n \sum_{i=1}^N f_{ij} c_{ik} c_{jk} ,$$

donde c_{ik} es el número de hijos del individuo i que se llevarán a la población k , n es el número de subpoblaciones y N el número total de individuos. El primer término de la expresión corresponde a la diversidad esperada entre poblaciones, mientras que el segundo término está relacionado con la diversidad intra-subpoblacional y, consecuentemente, con la consanguinidad de cada grupo. Dependiendo de cuál es la prioridad en nuestro programa (diferenciación o control de la consanguinidad) se puede dar un peso diferente a cada término y el sistema es capaz de mover el equilibrio en la dirección adecuada, todo ello sin olvidar el objetivo principal de mantener la diversidad genética global. La estrategia tiene en cuenta la estructura de la población y es capaz de detectar cualquier desequilibrio favoreciendo determinados flujos y evitando otros. Además, esta formulación permite con-

trolar el número real de migrantes que se realiza cada generación (sobre todo cuando es un factor limitante por problemas económicos o prácticos).

Control de la consanguinidad en programas de mejora

Para maximizar la respuesta a la selección es necesario contar con un estimador preciso del valor mejorante de los individuos. El método estándar de evaluación genética lo constituye el BLUP (Best Linear Unbiased Prediction). Uno de los problemas que plantea la evaluación mediante la metodología BLUP es que, por incluir información referente a todos los parientes, induce mayores tasas de consanguinidad que la selección basada únicamente en información fenotípica individual. Por ello, en los últimos años se han desarrollado métodos que permiten optimizar simultáneamente la ganancia genética y la pérdida por consanguinidad. El fin de estos métodos es reducir la tasa de consanguinidad conservando la misma ganancia o bien incrementar la respuesta manteniendo una restricción de la consanguinidad a niveles tolerables.

De acuerdo con Toro y Pérez-Enciso (1990) el control de la tasa de consanguinidad puede lograrse actuando a tres niveles sobre: 1) el número de individuos seleccionados y su contribución de descendencia a la siguiente generación, 2) el criterio de selección utilizado, y 3) el sistema de apareamiento impuesto. En lo que sigue no pretendemos elaborar una revisión completa de todas las posibilidades sino centrarnos en aquéllas que pueden aplicarse más fácilmente.

El primer tipo de acción engloba las estrategias que tratan de optimizar el número de machos seleccionados para hacer máxima la ganancia genética restringiendo la tasa de consanguinidad. Gjerde et al. (1996) presenta-

ron una aplicación de estos procedimientos a un programa de selección masal en peces durante 15 generaciones. Para unos valores fijos del total T de individuos evaluados y del número d de hembras apareadas por macho, así como para una determinada heredabilidad h^2 del carácter de interés, se calculó mediante simulación estocástica el número de machos s que deben seleccionarse para obtener la máxima respuesta genética posible manteniendo la tasa de consanguinidad a un determinado nivel. Por ejemplo, si se pretende que el aumento del coeficiente de consanguinidad por generación no exceda el 2%, para $d = 2$ y $h^2 = 0,2$ se obtuvo $s = 16$ para $T = 1800$ o $s = 21$ para $T = 9.600$. Si la restricción de la tasa de consanguinidad fuera más exigente, por ejemplo que no se superara el 0,25%, el número de machos seleccionados sería considerablemente mayor que el propuesto en la situación anterior, $s = 103$ o 155 , respectivamente.

En el mismo grupo de medidas se incluyen las estrategias que modifican la contribución de los individuos seleccionados en una generación a los seleccionados en la siguiente, procedimiento asimilable a la selección intrafamiliar con respecto al valor fenotípico individual o a la evaluación BLUP. Como es bien sabido, la selección intrafamiliar clásica implica que la varianza de las contribuciones familiares a la descendencia seleccionada sea nula y, por tanto, el censo efectivo se duplica (aunque con el inconveniente de obtener respuestas a la selección menores) mientras que con selección familiar ocurre lo contrario. No hay que perder de vista, sin embargo, que entre ambos extremos existe un amplio abanico de métodos de selección que difieren unos de otros en la magnitud de la varianza de las contribuciones familiares. En todas estas posibilidades dicha contribución obedece a una distribución multihipergeométrica, similar a la que se da en el clásico ejercicio probabilístico de repartir K bolas (individuos seleccionados) en k cajas (fami-

lias) cada una de ellas con una capacidad máxima de n bolas. Si consideramos que el valor mejorante de un individuo tiene un componente familiar b_i y una desviación intrafamiliar w_{ij} , y si p_i es la proporción seleccionada e $i(w_i)$ la intensidad de selección familiar, la ganancia genética esperada R y el censo efectivo N_e serán, aproximadamente,

$$R = \sum p_i b_i + \sum p_i i(w_i), \quad N_e = 1 / \sum p_i^2.$$

En la tabla 1 se presentan los resultados obtenidos para dos esquemas de selección (Fernández et al., 2004). En el primero (H) se seleccionan 25 machos y 25 hembras para producir los 2.500 candidatos de la siguiente generación (100 por familia); en el segundo (MH) se seleccionan 10 machos y 50 hembras para conseguir

el mismo número de candidatos (50 por familia). A partir de la tabla pueden compararse el valor mejorante y el parentesco promedio de los individuos seleccionados cuando se utiliza selección combinada o bien una de las posibles modalidades de selección intrafamiliar. En ambos casos la evaluación se lleva a cabo utilizando tanto la información individual como la familiar. El hecho de que la relación entre la respuesta y el parentesco no sea lineal indica que, desde un punto de vista práctico, puede ser atractiva la búsqueda de una solución que mantenga una respuesta aceptable sin generar excesiva consanguinidad. En la tabla se dan distintas soluciones, por ejemplo, aquéllas en las que una disminución de la respuesta del 2-18% va acompañada de una disminución del parentesco del 38-80%.

Tabla 1. Mérito genético y parentesco de los individuos seleccionados mediante selección combinada o selección intrafamiliar modificada (h^2 y c^2 son, respectivamente, los valores de la heredabilidad y de la fracción de la varianza fenotípica debida a efectos ambientales comunes a los miembros de las familias).

Table 1. Genetic gain and mean coancestry of selected individuals through combined selection or modified within-family selection (h^2 and c^2 are, respectively, the values of the heritability and the fraction of the phenotypic variance due to family common environmental factors).

	h^2	c^2	Selección combinada		Selección intrafamiliar modificada	
			Mérito Genético	Parentesco	Mérito Genético	Parentesco
Familias de hermanos (H)	0,10	0,00	4,46	0,18	3,77	0,05
		0,05	3,51	0,17	2,87	0,04
		0,10	3,09	0,15	2,52	0,03
	0,25	0,00	8,07	0,15	7,45	0,06
		0,05	7,21	0,14	6,64	0,05
		0,10	6,65	0,13	6,14	0,04
Diseño jerárquico (MH)	0,10	0,00	4,16	0,14	3,78	0,06
		0,05	3,42	0,13	3,02	0,05
		0,10	3,13	0,13	2,72	0,05
	0,25	0,00	7,57	0,13	7,41	0,08
		0,05	6,92	0,12	6,63	0,07
		0,10	6,55	0,11	6,27	0,06

También es posible modificar la contribución de los individuos seleccionados en una generación a los evaluados en la siguiente, en vez de a los seleccionados, como ocurría en la situación anterior, mediante el procedimiento de selección ponderada (Toro y Nieto, 1984). En la clásica selección por truncamiento se escogen los N individuos de cada sexo con mayor valor mejorante y cada pareja contribuye el mismo número de hijos al grupo evaluado (c_i constante), mientras que en la selección ponderada se elige un mayor número de parejas (N') pero cada una de éstas aporta un número distinto de hijos, manteniéndose el mismo diferencial de selección y, por tanto, la misma respuesta. De todos los posibles valores de N' y c_i deben elegirse aquéllos que hagan máximo el censo efectivo sin disminuir la respuesta. Este objetivo puede lograrse mediante técnicas de programación matemática o de optimización estocástica.

La versión más sofisticada de esta idea es lo que suele denominarse selección optimizada o selección con contribuciones óptimas y que hoy en día se considera el método idóneo de

implementar un programa de selección, ya que permite obtener mayores ganancias genéticas para el mismo nivel de consanguinidad o menor consanguinidad para el mismo progreso genético (Meuwissen, 2007; Villanueva et al., 2004). En términos más formales el objetivo es

$$\text{Maximizar } \mathbf{c}^T \mathbf{g} \text{ con la restricción de que } \mathbf{c}^T \mathbf{A} \mathbf{c} \leq C,$$

siendo \mathbf{c} el vector de soluciones (proporción de la descendencia que deja cada candidato), \mathbf{g} el valor de BLUP-EBVs de cada candidato y \mathbf{A} es la matriz de relaciones aditivas. La maximización puede hacerse mediante los multiplicadores de Lagrange o mediante algún algoritmo como el *simulated annealing*.

En la tabla 2 (tomada de Villanueva et al., 2004) se ilustran los beneficios de la selección optimizada relativa a la selección por truncación en un ejemplo con 50 machos y 50 hembras como candidatos a la selección y para una heredabilidad de 0,2. Con selección por truncación el número de padres y madres es fijo y cada padre o madre deja el mismo número de descendientes. Con selec-

Tabla 2. Progreso genético (G) en la generación 10, número actual (N) y efectivo (N^*) de padres seleccionados de cada sexo y varianza del número descendientes de los padres seleccionados (V_{no}) con selección por truncación (T) y con selección optimizada (O).

Table 2. Cumulative genetic gain (G) at generation 10, actual (N) and effective (N^*) number of parents selected of each sex and variance of number of offspring of each sex among selected parents (V_{no}) under truncation (T) and optimised selection (O).

	$\Delta F = 15\%$		$\Delta F = 8\%$		$\Delta F = 1,5\%$		$\Delta F = 0,25\%$	
	T	O	T	O	T	O	T	O
G	2,45	2,73	2,43	2,72	1,62	2,11	0,00	0,00
N	5,0	4,9	10,0	5,9	25,0	20,8	50,0	50,0
N^*	5,0	3,9	10,0	3,9	25,0	14,3	50,0	50,0
V_{no}	0,0	294,9	0,0	252,9	0,0	11,9	0,0	0,0

ción optimizada el número de padres seleccionados y su contribución no son fijas sino que varían en cada generación de acuerdo con el objetivo de maximizar el progreso genético pero imponiendo una restricción en la tasa de consanguinidad aceptable. Puede observarse que excepto en el caso de una restricción extrema para la tasa de consanguinidad de 0,25%, el método óptimo siempre proporciona mayores ganancias para la misma tasa de consanguinidad. Esto se consigue seleccionando menos individuos y permitiéndoles contribuir de forma diferencial (ver en la tabla 2 las diferencias en el número de padres utilizados N_e y el número efectivo de padres, calculado como $1/4 \sum_{i=1}^n c_i^2$). Cuando los beneficios se han evaluado en poblaciones ganaderas se predice una ganancia de aproximadamente un 20% para ovino y caprino.

El segundo grupo de acciones propone la utilización de un índice de selección modificado por la inclusión de una ponderación subóptima de la información familiar que, como se ha indicado, es la responsable del aumento de la consanguinidad en la selección combinada o BLUP. La forma más sencilla

de lograrlo es considerar un valor de la heredabilidad mayor que el verdadero (Grundy et al., 1994). Aplicando esta idea tan sencilla se puede reducir la tasa de consanguinidad en un 30% a expensas de una pequeña disminución de la ganancia genética. Un procedimiento más elegante consiste en optimizar simultáneamente el número de individuos seleccionados y la ponderación que debe darse a su información familiar, de modo que se mantenga la tasa de consanguinidad deseada. Consideremos, por ejemplo, un índice de la forma $I = P_I + b P_F$ donde P_I es el valor fenotípico del individuo y P_F el promedio de los de sus hermanos. En la tabla 3 (tomada de Villanueva y Woolliams, 1997) se da la ganancia genética y la tasa de consanguinidad para distintos valores de b y del número de parejas seleccionadas. El número de candidatos a la selección es de 100 machos y 100 hembras y la heredabilidad del carácter 0,3. Puede verse que, con una adecuada planificación del esquema de selección, se puede reducir la tasa de consanguinidad en más de un 40% sin apenas disminuir la ganancia genética.

Tabla 3. Ganancia genética y tasa de consanguinidad correspondientes a estrategias de selección combinada en las que se ha modificado el número de parejas seleccionadas y la ponderación de la información familiar.

Table 3. Genetic gain and inbreeding rate corresponding to strategies of combined selection where the number of selected couples and the weighting of the familiar information have been modified.

Ponderación de la información familiar	Número de parejas seleccionadas	Ganancia genética	Tasa de consanguinidad
1,66	15	0,33	3,51
1,47	18	0,33	2,52
1,33	20	0,32	2,04
1,03	30	0,27	1,00
0,76	68	0,13	0,25

El tercer grupo de acciones se centra en la elección del sistema de apareamiento, habiéndose propuesto varios tipos: factorial, compensatorio y de mínimo parentesco (véase revisión de Caballero *et al.*, 1996). A la hora de reducir la tasa de consanguinidad, es probable que los apareamientos factoriales sean más eficaces que los jerárquicos. Así, por ejemplo, en un diseño factorial completo cada macho se aparea con todas las hembras y cada hembra con todos los machos y, si cada apareamiento aporta un solo hijo, no habrá hermanos entre los descendientes; mientras que en un sistema jerárquico cada macho se aparea con varias hembras y, aún en el caso de que cada pareja aporte un solo hijo, la descendencia es un grupo de familias de medios hermanos. Los apareamientos factoriales no son comunes en las especies domésticas tradicionales puesto que implican un alargamiento indeseable del intervalo generacional aunque, en peces, cuya capacidad reproductiva es elevada, podrían constituir una estrategia interesante, como se ha confirmado en diversos estudios de simulación. En los apareamientos compensatorios (como se explicó en un apartado anterior), los individuos seleccionados de cada sexo se ordenan de acuerdo con su coeficiente de parentesco promedio y los machos de mayor coeficiente se aparean correlativamente con las hembras que lo tienen menor. Este sistema induce una correlación negativa entre la deriva causada por selección y la originada por muestreo, que contrarresta parcialmente el efecto acumulativo de la primera. Por último, el sistema de apareamiento más utilizado en las especies domésticas es el que hace mínimo el parentesco promedio de los individuos que se aparean. Se trata de una versión más compleja de la clásica recomendación de evitar el apareamiento entre parientes y puede lograrse mediante técnicas de programación lineal. En esta situación, la tasa asintótica de consanguinidad se

reduce con respecto a la correspondiente al apareamiento aleatorio, exceptuando el caso en que las contribuciones familiares son iguales.

Finalmente, existe una estrategia denominada selección de apareamientos, que es potencialmente atractiva aunque apenas se ha utilizado. Consiste en realizar la selección y el apareamiento simultáneamente, desapareciendo así la clásica distinción entre ambas actividades. Este procedimiento permite controlar al mismo tiempo la ganancia genética, el parentesco de los individuos seleccionados y la consanguinidad de la descendencia, pero su puesta en práctica requiere establecer las ponderaciones apropiadas para estos componentes (Fernández *et al.*, 2003a).

Incorporación de información molecular en programas de conservación y selección

Los desarrollos que hemos presentado están pensados para un modelo infinitesimal con infinitos genes, aditivos y no ligados. Sin embargo, los recientes avances en genética molecular se están integrando tanto para aumentar la precisión de las relaciones de parentesco como para aumentar la respuesta a la selección con la inclusión de la información proporcionada por marcadores, QTLs y genes candidatos. Estas aplicaciones, sin embargo, no son objeto de la presente revisión.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido financiado mediante proyectos del Plan Estratégico del INIA (CPE03-004-C2) y del Plan Nacional del MEC (CGL2006-13445-C02).

Bibliografía

- Ballou JD, Lacy RC, 1995. Identifying genetically important individuals for management of genetic variation in pedigreed populations, pp. 76-111. En: JD Ballou, M Gilpin and TJ Foose (Ed.). Population management for survival and recovery. Analytical methods and strategies in small population conservation. Columbia University Press. New York.
- Caballero A, Hill WG, 1992. Effective size of non-random mating populations. *Genetics*, 130, 909-916.
- Caballero A, Santiago E, Toro MA, 1996. Systems of mating to reduce inbreeding in selected populations. *Anim. Sci.*, 62, 431-442.
- Caballero A, Toro MA, 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res.*, 75, 331-343.
- Caballero A, Toro MA, 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Cons. Genet.*, 3, 289-299.
- Fernández J, Toro MA, 1999. The use of mathematical programming to control inbreeding in selection schemes. *J. Anim. Breed. Genet.*, 116, 447-466.
- Fernández J, Toro MA, Caballero A, 2003a. Practical implementation of optimal management strategies in conservation programmes: a mate selection method. *Anim. Biodiv. Conserv.*, 24, 17-24.
- Fernández J, Toro MA, Caballero A, 2003b. Fixed contributions designs versus minimization of global coancestry to control inbreeding in small populations. *Genetics*, 165, 885-894.
- Fernández J, Toro MA, Caballero A, 2008. Management of subdivided populations in conservation programs: development of a novel dynamic system. *Genetics* 179 (en prensa).
- Fernández, J, Vega L, Toro MA, 2004. Control de la consanguinidad en programas de selección en Acuicultura. *ITEA*, 100, 188-191.
- Gjerde B, Gjoen HM, Villanueva B, 1996. Optimum design for fish breeding programmes with constrained inbreeding. Mass selection for a normally distributed trait. *Livest. Prod. Sci.*, 47, 59-72.
- Gowe R, Robertson A, Latter B, 1959. Environment and poultry breeding problems. The design of poultry control strains. *Poultry Sci.*, 38, 462-471.
- Grundy B, Caballero A, Santiago E, Hill WG, 1994. A note on the use of biased parameters and non-random mating to reduce rates of inbreeding in selection programmes. *Anim. Prod.*, 59, 465-468.
- Meuwissen THE, 2007. Operation of conservation schemes, pp. 167-194. En: Oldenbroek, K. (Ed.) Utilisation and conservation of farm animal genetic resources. Wageningen Academic Press, Wageningen, The Netherlands.
- Nei M, 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York.
- Sánchez L, Bijma P, Woolliams JA, 2003. Minimizing inbreeding by managing genetic contributions across generations. *Genetics*, 164, 1589-1595.
- Santiago E, Caballero A, 1995. Effective size of populations under selection. *Genetics*, 139, 1013-1030.
- Toro MA, Nieto B, 1984. A simple method for increasing the response to artificial selection. *Genet. Res.*, 69, 145-158.
- Toro MA, Pérez-Enciso M, 1990. Optimization of response under restricted inbreeding. *Genet. Sel. Evol.*, 22, 93-107.
- Villanueva B, Woolliams JA, 1997. Optimization of breeding programmes under index selection and constrained inbreeding. *Genet. Res.*, 69, 145-158.
- Villanueva B, Pong-Wong R, Woolliams JA, S Avendaño S, 2004. *Farm Animal Genetic Resources*. BSAS Occasional Publication No. 30. Edited by Simm, G., Villanueva, B., Sinclair, K.D. and Townsend, S. Nottingham University Press, Nottingham, UK.

Wang J, 1997. More efficient breeding systems for controlling inbreeding and effective size in animal populations. *Heredity*, 79, 591-599.

Wang J, 2004. Application of the one-migrant-per-generation rule to conservation and management. *Conservation Biology*, 18, 332-343.

Woolliams JA, Thompson R, 1994. A theory of genetic contributions. *Proceedings of the 5th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*, 19, 177-186.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Análisis de la variabilidad y relaciones filogenéticas de las razas equinas autóctonas españolas de aptitud cárnica a partir del ADN mitocondrial

P.J. Azor*, M.D. Gómez*, F. Romero*, J. Jordana**, M.E. Alonso***, M. Valera****

* Grupo de Investigación MERAGEM. Dpto. Genética. Universidad de Córdoba. Edif. Mendel. Campus de Rabanales. 14071 Córdoba. España.

** Dpto. de Ciencia Animal y de los Alimentos. Universidad Autónoma de Barcelona.

*** Dpto. de Producción Animal. Universidad de León.

**** Dpto. Ciencias Agroforestales. EUITA. Universidad de Sevilla.

E-mail: ge2azorp@uco.es

Resumen

Se han estudiado la variabilidad y relaciones genéticas de las cuatro poblaciones equinas de aptitud cárnica de España de protección especial (41 muestras) (Burguete (BUR): 10, Jaca Navarra (JAC): 11, Hispano Bretón (HB): 10 y Agrupación Hiperométrica del Pirineo (AHP): 10) a través del estudio del ADN mitocondrial (ADNmt). Se han encontrado 15 haplotipos en las 4 razas analizadas determinados por la existencia de 19 posiciones polimórficas de las cuales 18 han sido posiciones informativas parsimoniosas y 1 no informativa (singleton). La diversidad haplotípica (Hd) ha oscilado entre 0,758 del AHP y 0,993 del BUR siendo el valor medio de todas las razas de 0,929 (SD = 0,016). La raza JAC ha presentado el mayor valor de diversidad nucleotídica (0,023). Casi la totalidad de los haplotipos encontrados los han compartido las razas analizadas excepto el haplotipo 8 que sólo lo ha presentado la AHP, el haplotipo 10 la raza BUR, los haplotipos 13 y 14 el HB y el haplotipo 15 la raza JAC. No se ha encontrado un agrupamiento claro de las poblaciones analizadas, lo que confirma los múltiples orígenes maternos previamente indicado por varios autores. No obstante, al haberse encontrado haplotipos específicos en las 4 poblaciones analizadas se deben tenerlos en cuenta a la hora de llevar a cabo los planes de conservación.

Palabras clave: ADN mitocondrial, Razas de caballos de carne, Carne de caballo, Variabilidad genética

Summary

Genetic variability and phylogenetic relationships of the autochthonous horse breed for meat production based on mitochondrial DNA

We have studied the genetic variability and relationships of four endangered Spanish equine populations for meat production using mitochondrial DNA (mtDNA) (41 horses, 30 of them belong to Burguete (BUR), Hispano Bretón (HB) and Agrupación Hiperométrica del Pirineo (AHP) populations and the other 11 samples belong to Jaca Navarra (JAC) breed. Fifteen haplotypes were found and 19 polymorphic sites were detected, eighteen of them were parsimony informative sites and the other one was a singleton. Haplotypic diversity (Hd) ranged from 0.758 of AHP to 0.993 of BUR breed. The average Hd value was 0.929 (SD = 0.016). The JAC breed presented the highest nucleotide diversity value (0.023). Most of haplotypes found have been shared by the four horse populations except haplotype 8 that only was presented by AHP population, haplotype 10 by BUR, the haplotypes 13 and 14 by HB and haplotype 15 by JAC breed. A clear group of horses belong to the same population were not shown. These results confirm the multiple maternal origin previously shown by other authors. However we have found haplotypes specific of each breed that is important to take in account in their conservation programmes.

Key words: Mitochondrial DNA, Horse breeds, Horse meat, Genetic variability

Introducción

La producción de carne de caballo en España está limitada a 4 poblaciones equinas. Estas poblaciones son la raza JAC, el HB, el BUR y la AHP. Las tres primeras se encuentran reconocidas en el Catálogo Oficial de Razas de Ganado de España como razas de autóctonas de Protección Especial. La raza JAC y el Caballo de BUR se encuentran en la Comunidad Autónoma de Navarra y el HB en Castilla-León. La AHP se encuentra principalmente en Cataluña y Pirineo Catalán y, actualmente, no se encuentra reconocida como raza. No obstante, cualquier animal de otra raza puede ser destinado para este fin. Estudios realizados utilizando marcadores moleculares del ADN nuclear han mostrado que estas cuatro poblaciones equinas y sobre todo las tres reconocidas como razas, se encuentran muy próximas genéticamente e incluso ha habido en algunos casos un elevado flujo de genes de unas a otras (Azor et al., 2007). El ADNmt ha demostrado su utilidad tanto en el análisis de la estructura poblacional como en los estudios históricos, biogeográficos y filogenéticos equinos (Kavar et al., 1999; Bowling et al., 2000; Vilá et al., 2001; Royo et al., 2005; Luís et al., 2006). En este trabajo nos planteamos determinar las relaciones genéticas existentes entre ellas y analizar si pudiesen tener un origen materno ancestral común.

Material y Métodos

Se han utilizado 41 animales de las 4 poblaciones equinas del norte de España de aptitud cárnica (11 animales de la raza JAC, 10 de la raza BUR, 10 de la raza HB y 10 de la AHP). Se ha utilizado como referencia el fragmento correspondiente a la secuencia completa publicada del ADNmt (nº de acce-

so X79547) y como outgroup la de la especie *E. asinus* (nº de acceso X97337).

El ADN genómico fue extraído a partir de sangre entera mediante el método de Salting out (Miller et al., 1988) utilizando proteinasa K para la digestión. En algunos casos y cuando las muestras eran pelo se utilizó fenol cloroformo.

La amplificación de las secuencias se llevó a cabo en un termociclador de gradiente Mastercycler de la marca Eppendorf®. Los cebadores utilizados fueron: directo 3'-ACCAT-CAACACCCAAAGCTG-5' y reverso 3'-CCTGAGAAAGAACCAGATG-5' lo que ha amplificado una secuencia de una longitud de 394 nucleótidos de la región control del ADNmt. Este fragmento se corresponde con las posiciones nucleotídicas 15.468-15.861 en referencia a la secuencia completa del ADN mt (Xu y Árnason, 1994) con número de acceso en el GenBank X79547. Para la amplificación se utilizó un volumen de mezcla final de 25 µl que contenía aproximadamente 10 ng de ADN total, 0,5 mM de cada primer, 0,1 mM de dNTPs y 1 U de Taq polimerasa (BioTools, B & M Labs, Madrid, España) en 20 mM de Tampón de PCR y 2 mM de MgCl₂. El protocolo de amplificación consistió en un primer paso de desnaturalización a 96 °C durante 2 minutos, seguido de 35 ciclos de 1 minuto a 94 °C, 30 s a 59,9 °C y 1 minuto a 72 °C, con un paso de elongación de 5 minutos a 72 °C en el último ciclo. Los productos amplificados fueron purificados usando las enzimas Exonucleasa (Roche) (1 U) y Fosfatasa alcalina (Biolabs) (1 U). El protocolo térmico consistió en 30 min a 37 °C seguido de 15 min a 80 °C. La comprobación del tamaño de los productos se estimó mediante una electroforesis en gel de agarosa al 1,5% utilizando como marcador de tamaño Dominión MBL® (0-1000 pb).

La mezcla de la reacción de secuenciación (BigDye™ Terminador) contenía una mezcla

preparada de Big Dye, buffer de secuenciación 5x, entre 1 y 50 ng de producto de PCR, 5 pmol de cebador (el mismo utilizado para la amplificación) y agua milliQ en un volumen final de 10 μ L. El protocolo térmico consistió en un paso de desnaturalización inicial a 96 °C durante 1 minuto, seguido de 25 ciclos de 10 s a 96 °C, 5 s a 50 °C para la hibridación y 2 minutos de extensión de 60 °C. Para la purificación de los productos de la reacción de secuenciación se utilizó EDTA (125 mM) y etanol al 100% y al 70%. Posteriormente se resuspendieron en 10 μ L de formamida. La secuenciación de las muestras se llevó a cabo en ambos sentidos en un secuenciador automático capilar ABI 3130 (Applied Biosystems).

Todas las secuencias analizadas fueron chequeadas una a una para la detección de las mutaciones usando el programa informático *Sequencher 4.14* (Gene Codes corporation). A continuación se realizó un alineamiento múltiple con el software ClustalW (Thompson et al., 1994) utilizado por el programa informático *BioEdit v.7.0.8.0* (Hall, 1999) y se realizó un análisis para estimar las relaciones evolutivas de las razas analizadas utilizando el método Neighbor-Joining (Saitou y Nei, 1987) a partir de la distancia p . El nivel de confianza se comprobó mediante remuestreo de los datos usando Bootstrapping. Los análisis filogenéticos fueron realizados con el software *MEGA 4.0* (Tamura et al., 2007), utilizando 1000 repeticiones. Se han calculado varios estimadores de la variabilidad haplotípica y nucleotídica en las cuatro razas de aptitud cárnica utilizando el programa informático *DnaSP 4.20.2* (Rozas et al., 2003): Número de haplotipos (h), Diversidad haplotípica (Hd) (Nei (1987), Número de posiciones polimórficas (S) (posiciones informativas parsimoniosas (PIP) en los sitios en los que al menos hay dos nucleótidos diferentes y uno de ellos en una frecuencia muy alta y posiciones no informativas (PNI) que contienen al menos dos nucleótidos diferentes todos ellos en altas frecuencias, Número medio de diferencias nucleotídicas (k) entre cada par de secuencias de la muestra (Tajima, 1983) y Diversidad nucleotídica (π).

Resultados y discusión

La comparación de las cuatro razas analizadas junto a la secuencia de referencia utilizada ha determinado la existencia de 19 posiciones polimórficas de las cuales 18 han sido posiciones informativas parsimoniosas y 1 no informativa (singleton). Estas han determinado la existencia de 15 haplotipos (tabla 1).

En la tabla 2 se recogen los parámetros obtenidos sobre las medidas descriptivas de la variabilidad de las secuencias obtenidas para la región D-Loop en cada una de las 4 poblaciones analizadas. Los valores de diversidad haplotípica encontrados han sido en todas las razas analizadas elevados, alcanzando el valor máximo la raza BUR. La diversidad haplotípica (Hd) ha oscilado entre 0,758 del AHP y 0,993 del BUR siendo el valor medio de todas las razas de de 0,929 (SD = 0,016). La raza JAC ha presentado el mayor valor de diversidad nucleotídica (0,023). Casi la totalidad de los haplotipos encontrados los han compartido las razas analizadas, excepto el haplotipo 8 que sólo lo ha presentado la AHP, el haplotipo 10 la raza BUR, los haplotipos 13 y 14 el HB y el haplotipo 15 la raza JAC.

En la figura 1 se representan en un árbol mediante el método NJ las relaciones filogenéticas de los 41 caballos analizados junto a la secuencia de referencia y a la secuencia de un asno para la región control del ADNmt. En esta figura se puede apreciar que no existe un agrupamiento claro de las poblaciones

Tabla 1. Haplotipos encontrados en las razas equinas españolas de aptitud cárnica
 Table 1. Haplotypes found in Spanish equine breeds for meat production

	Haplotipos	Animales/haplotipo
	1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1	
	5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5 5	
	4 4 4 5 5 5 5 5 6 6 6 6 6 6 6 6 6 6	
	9 9 9 3 3 4 8 9 0 0 0 0 1 2 3 4 5 5 6	
	4 5 6 4 9 3 5 7 1 2 3 4 7 6 5 9 0 9 6	
Hap_1	T T A C A C G A T C T G T A C A A T G	Hap_1: 4 REF, BUR (2), JAC (1)
Hap_2	C C G T . . A . . T C A . . . G . . .	Hap_2: 3 AHP (1) JAC (2)
Hap_3	C C G T T C G . . .	Hap_3: 6 AHP (2), BUR (2), HB (1), JAC (1)
Hap_4	C C G T . . A . . T C G . . .	Hap_4: 4 AHP (3), BUR (1)
Hap_5	C C G T . . A . . C G . . .	Hap_5: 4 AHP (1), HB (3)
Hap_6	. C T . . C C .	Hap_6: 3 AHP (1), JAC (2)
Hap_7	. C A G . A	Hap_7: 2 AHP (1), JAC (1)
Hap_8	C C G T T C A . . . G . . .	Hap_8: 1 AHP (1)
Hap_9	. C A . C T	Hap_9: 6 BUR (2), HB (3), JAC (1)
Hap_10	. C T . A	Hap_10: 1 BUR (1)
Hap_11	. C A G . . G . A	Hap_11: 4 BUR (1), HB (1), JAC (2)
Hap_12	. C A A	Hap_12: 1 BUR (1)
Hap_13	. C . . . T . G . T T . G . A	Hap_13: 1 HB (1)
Hap_14	. C . . . T A G . T T . G . A	Hap_14: 1 HB (1)
Hap_15	. C . . G . A G . T G . .	Hap_15: 1 JAC (1)

REF: Secuencia de referencia (X79547), HAP: Haplotipo, AHP: Agrupación Hiperométrica del Pirineo, BUR: Burguete, HB: Hispano Bretón; JAC: Jaca Navarra. Entre paréntesis se muestra el número de animales de cada raza.

REF: Reference sequence ((X79547), HAP: Haplotipe, AHP: Agrupación Hiperométrica del Pirineo, BUR: Burguete, HB: Hispano Bretón; JAC: Jaca Navarra. Number of animal per breed per haplotype are shown in brackets.

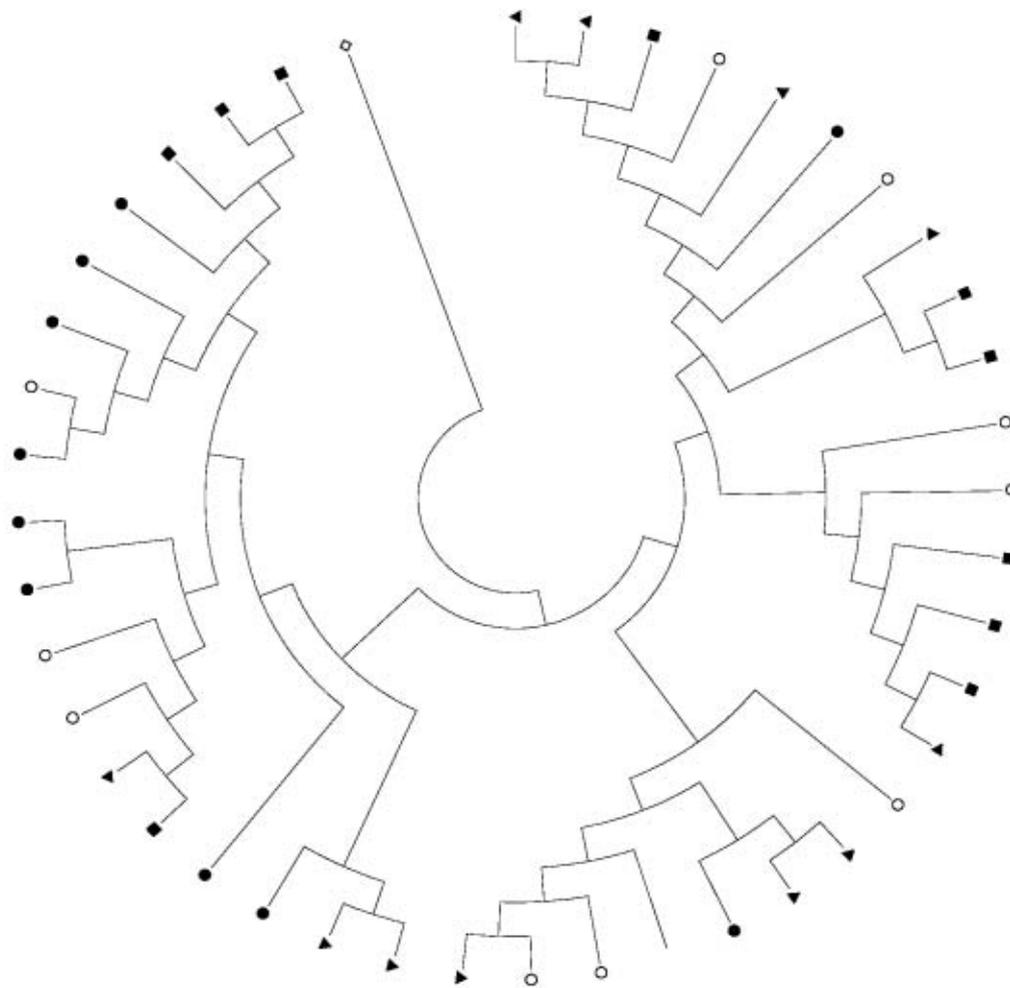
Tabla 2. Parámetros de variabilidad en el ADN mitocondrial en las razas equinas españolas de aptitud cárnica

Table 2. Mitochondrial genetic variability parameters in Spanish equine breeds for meat production

Raza	N	Variabilidad Haplotípica				Variabilidad nucleotídica		
		h	Hd	S	PIP	PNI	k	π
JAC	11	8	0,945	17	13	4	6,182	0,02351
BUR	10	7	0,993	21	14	7	7,917	0,01984
AHP	10	6	0,758	9	5	4	2,394	0,01516
HB	10	6	0,844	21	18	3	7,732	0,02138

H: número de haplotipos, Hd: Diversidad haplotípica, S: número de sitios variables, PIP: Posiciones informativas parsimoniosas, PNI: posiciones no informativas o singletons, K: número medio de diferencias nucleotídicas, π : Diversidad nucleotídica.

H: Number of haplotypes, Hd: haplotypic diversity, S: S: number of polymorphic sites; PIP: Parsimony informative sites, PNI: Singletons; K: average number of nucleotide differences; π : nucleotide diversity.



▲: Jaca Navarra; ●: Agrupación Hiperométrica del Pirineo; ○: Burguete; ■: Hispano Bretón; ◇: E. asinus.

Figura 1. Árbol filogenético calculado mediante el algoritmo del vecino más próximo utilizando la distancia p perteneciente a 41 animales de las cuatro poblaciones de caballos de carne estudiadas. Se ha utilizado la secuencia de la especie *E. asinus* y la secuencia completa del ADNmt del caballo (sin marca en la figura) utilizada de referencia.

Figure 1. Phylogenetic tree constructed using the neighbour-joining algorithm based in the p-distance of 41 individual belong to four horse meat Spanish populations. E. asinus sequence and reference of DNAm horse sequence (without mark in the picture) was also used.

analizadas y que la especie asnal se separa claramente de la especie equina. Estos resultados están en concordancia con los obtenidos por diversos autores (Royo et al., 2005; Luís et al., 2006).

La alta variabilidad encontrada en la región hipervariable del ADNmt de las razas equinas analizadas en este trabajo, como si de una especie no domesticada se tratara, confirma los múltiples orígenes maternos pre-

viamente indicados por varios autores (Vilá et al., 2001; Hill, et al., 2002; Jansen et al., 2002; Mirol et al., 2002; Lopes et al., 2005; Royo et al., 2005), por lo que su domesticación fue a partir de distintas fuentes. El examen de la diversidad poblacional equina a nivel del ADNmt ha revelado una consistente ausencia de estructura geográfica correspondiéndose muy pocos de los haplotipos con razas. No obstante, al haberse encontrado haplotipos específicos en las cuatro poblaciones analizadas, deben ser tenidos en cuenta a la hora de llevar a cabo los planes de conservación.

Agradecimientos

Los autores de este trabajo agradecen la colaboración prestada por el ITG-ganadero de Navarra y al Proyecto de investigación RZ2004-00023-00-00 "evaluación de los recursos genéticos equinos de aptitud cárnica en peligro de extinción: caracterización, desarrollo de estrategias que minimicen el parentesco y la erosión genética y diseño y creación de un banco de germoplasma".

Bibliografía

- Azor PJ, Gómez MD, Alonso ME, Jordana J, Pérez De Muniáin A, Valera M, 2007. Genetic characterization of endangered Spanish horse breeds for meat production. 58th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. Dublín. Ireland.
- Bowling AT, Del Valle A, Bowling M, 2000. A pedigree-based study of mitochondrial D-loop DNA sequence variation among Arabian horses. *Anim. Genet.*, 31,1-7.
- Hall TA, 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic. Acids. Symp. Ser.*, 41, 95-98.
- Hill EW, Bradley DG, Al-Barody M, Ertugul O, Splan RK, 2002. History and integrity of thoroughbred dam lines revealed in equine mtDNA variation. *Anim. Genet.*, 33, 287-294.
- Jansen T, Forster P, Levine MA, Oelke H, Hurler M, 2002. Mitochondrial DNA and the origins of the domestic horse. *PNAS*, 99, 10905-10910.
- Kavar T, Habe F, Brem G, Dovc P, 1999. Mitochondrial sequence variation among the 16 maternal lines of the horse breed. *Anim. Genet.*, 30, 423-30.
- Lopes MS, Mendonça D, Cymbron T, Valera M, Costa-Ferreira J, da Câmara Machado A, 2005. The Lusitano horse maternal lineage based on mitochondrial D-loop sequence variation. *Anim. Genet.*, 36, 196-202.
- Luís C, Bastos-Silveira C, Cothran EG, Oom MM, 2006. Iberian origins of New World horse breeds. *J. Hered.*, 97, 107-113.
- Mirol PM, Peral García P, Vega-Pla JL, Dulout FN, 2002. Phylogenetic relationships of Argentinean Creole horses and other South American and Spanish breeds inferred from mitochondrial DNA sequences. *Anim. Genet.*, 33, 356-363.
- Nei M, 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York, NY.
- Royo LJ, Álvarez I, Beja-Pereira A, Molina A, Fernández I, Jordana J, Gómez E, Gutiérrez JP, Goyache F, 2005. The origins of the Iberian horses assessed via mitochondrial DNA. *J. Hered.*, 96, 663-669.
- Saitou N, Nei M, 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molec. Biol. Evol.*, 4, 406-425.
- Tajima F, 1983. Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations. *Genetics*, 105, 437-460.
- Tamura K, Dudley J, Nei M, Kumar S, 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Molec. Biol. Evol.*, 24, 1596-1599.

Thompson JD, Higgins DG, Gibson TJ, 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nuc. Ac. Res.*, 22, 4673-4680.

Vilà C, Leonard JA, Götherstroöm A, Marklund S, Sandberg K, Lindén K, Wayne RK, Ellegren H, 2001. Widespread origin of domestic horse lineages. *Science* 291, 474-477.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Diferenciación genética entre dos subpoblaciones de cabra de raza Bermeya de Asturias

I. Álvarez*, L.J. Royo*, I. Fernández*, J.P. Gutiérrez**, L. Pérez-Pardal*, V. Guerra***, C. Rincón*, A. Traoré****, F. Goyache*

* Área de Genética y reproducción Animal. SERIDA-Somió, C/ Camino de los Claveles 604, 33203 Gijón (Asturias)

** Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040 Madrid, Spain

*** ACRIBER (<http://www.cabrabermeya.com/>), 3355-Poo de Cabrales s/n (Asturias)

**** INERA, 04 BP 8645 Ouagadougou 04, Burkina Faso.

E-mail: fgoyache@serida.org

Resumen

Este trabajo es un análisis preliminar de la diversidad y grado de diferenciación genética entre las subpoblaciones Oriental y Occidental de la cabra de raza Bermeya de Asturias. Se han genotipado 27 microsatélites en 122 individuos pertenecientes a las poblaciones de cabra Bermeya Oriental, Bermeya Occidental, del Guadarrama, Alpine y Saanen. Las poblaciones de raza Bermeya presentaron heterocigosidad esperadas menores de 0,6 y coascendencias moleculares dentro de población de 0,419, reflejando una alta identidad genética entre individuos. Asimismo, el número medio de alelos por locus, ajustado por el tamaño muestral, de las poblaciones Bermeya Oriental y Occidental fueron los menores encontrados (3,8 y 3,9, respectivamente). La mayor coascendencia molecular se encontró entre las poblaciones Bermeya Oriental-Guadarrama ($0,388 \pm 0,006$), como consecuencia de la introgresión, en el Oriente asturiano de individuos de tipo Pirenaico. Este parámetro entre las poblaciones de Bermeya Oriental y Occidental fue de $0,371 \pm 0,007$. Puede ser necesario establecer estrategias de conservación diferenciadas para las dos poblaciones geográficas de cabra Bermeya.

Palabras clave: Variabilidad genética, Diferenciación, Microsatélites, Conservación

Summary

Genetic differentiation between two geographic subpopulations of Bermeya goat

Two geographic subpopulations (Eastern and Western) of the Asturian Bermeya goat were analysed using 27 microsatellites. A total of 122 individuals of Bermeya, Guadarrama, Alpine and Saanen goat breeds were genotyped. The Eastern and Western Bermeya subpopulations had expected heterozygosity values lower than 0.6 and within-subpopulations molecular coancestry values of 0.419, thus illustrating a high between individuals genetic identity. The rarefacted average number of alleles per locus found in both the Eastern and the Western Bermeya subpopulations were the lowest in the dataset (3.8 and 3.9, respectively). The higher between-populations molecular coancestry values was found for the pair Eastern Bermeya-Guadarrama (0.388 ± 0.006), thus reflecting the introgression of the Pyrenean-type goat into Eastern Asturias. This parameter between the two Bermeya subpopulations was of 0.371 ± 0.007 . It could be recommended the implementation of different conservation strategies for each of the geographic subpopulations of Bermeya goat.

Key words: Genetic variability, Differentiation, Microsatellites, Conservation

Introducción

La cabra Bermeya es una población de gran importancia histórica y cultural en el ámbito asturiano que se encuentra en grave recesión debido al despoblamiento rural y a la introducción, en el Oriente de Asturias, de animales de tipo Pirenáico (Figuroa et al., 2003). La cabra Bermeya se explota en dos subpoblaciones geográficas, Oriental y Occidental, que se encuentran en aislamiento reproductivo desde, al menos el último tercio del siglo XX y que presentan notables diferencias productivas y de tipo. La Bermeya Occidental se explota en grandes rebaños y pastoreo extensivo dirigido a la producción de cabritos; son animales de menor tamaño y cuernos de tipo *Prisca*. La variedad oriental se explota en pequeños rebaños, es de buen desarrollo corporal, carácter lechero y cuernos frecuentemente de tipo *Aegagrus*. El objetivo de este trabajo es realizar una evaluación preliminar de la diversidad genética y grado de diferenciación entre las subpoblaciones Oriental y Occidental de cabra Bermeya de Asturias mediante el uso de microsatélites en el marco del proyecto MEC-INIA RZ07-00002.

Material y métodos

Se han obtenido 72 (34 machos y 38 hembras) muestras de sangre de reproductores de raza Bermeya (37 de la variedad Oriental y 35 de la Occidental) junto con muestras de 15 individuos reproductores de cabra del Guadarrama, 18 de raza Alpine y 17 de raza Saanen para su uso como referencia. Se extrajo ADN total mediante métodos estándar, y las muestras se genotiparon con una batería de 27 microsatélites (BM2504, BM6526, BM757, BM8125, BMS2461, BMS2626, BMS2843, BMS356, BMS975, CSRD2111, CSSM15, CSSM31, CSSM43, CSSM66, FCB128, ILSTS005, ILSTS11,

INRA23, INRA26, LSCV29, McM527, McM53, McMA26, OarHH64, RBP3, SPS115 y TGLA53) en un secuenciador automático ABI 310.

Los análisis estadísticos se realizaron mediante el programa de uso público MolKin v2.0 (Gutiérrez et al., 2005) tal como se provee en la dirección http://www.ucm.es/info/prodanim/html/JP_Web.htm. Se ha calculado para cada población analizada la heterocigosis esperada (H_e), el estadístico F_{IS} y el número medio de alelos por locus bruto (A) y ajustado por el tamaño muestral. Asimismo se ha calculado la coascendencia molecular dentro y entre poblaciones (f_{ij}), así como la distancia de alelos compartidos (D_{AS}) entre poblaciones e individuos. Para evitar el sesgo producido por los diferentes tamaños muestrales se ha realizado un remuestreo mediante el método recomendado por Simianer, 2002; Baumung et al., 2006, ajustando a 1.000 réplicas y 30 individuos por población. Se han calculado árboles filogenéticos a partir de las matrices de distancias genéticas utilizando el programa MEGA 4.0 (Tamura et al., 2007).

Resultados y discusión

Los parámetros descriptivos de la variabilidad genética de las poblaciones analizadas se muestran en la tabla 1. Las poblaciones de raza Bermeya presentaron valores de H_e menores de 0,6 y las mayores coascendencias moleculares medias (0,419) reflejando la identidad genética de los individuos muestreados en cada una de esas áreas geográficas (Álvarez et al., 2005). Asimismo, el menor número medio de alelos por locus, ajustado por el tamaño muestral, se encontró en la raza Bermeya (3,8 y 3,9 para las poblaciones Oriental y Occidental, respectivamente).

Tabla 1. Número de individuos analizados (N), heterocigosis esperada (H_e), coascendencia molecular (f_{ii}), déficit de heterocigotos (F_{IS}), número medio de alelos por locus (A) y número medio de alelos ajustado a 12 copias ($A_{(12)}$) para cada una de las poblaciones analizadas

Table 1. Number of individuals analysed (N), expected heterozygosity (H_e), within-population molecular coancestry (f_{ii}), heterozygote deficiency within population (F_{IS}), average number of alleles per locus (A) and average number of alleles per locus rarefacted to 12 copies ($A_{(12)}$) per analysed breed and for the whole dataset

Población	N	H_e	f_{ii} ^a	F_{IS} ^b	A	$A_{(12)}$
Alpine	18	0,626	0,384	0,011	3,3	4,1
Bermeya Oriental	37	0,590	0,419	0,026	3,1	3,8
Bermeya Occidental	35	0,588	0,419	0,026	3,3	3,9
Guadarrama	15	0,571	0,434	0,058	3,3	4,0
Saanen	17	0,594	0,406	-0,036	3,1	3,9
Total	122	0,629	0,364	0,017	8,9	4,3

^aLas desviaciones estándar del parámetro f_{ii} variaron entre 0,008 y 0,011.

^bLas desviaciones estándar del parámetro F_{IS} variaron entre 0,021 y 0,029.

Las matrices de coascendencias moleculares y de distancia de alelos compartidos entre poblaciones se muestran en la tabla 2. La mayor coascendencia molecular se encontró entre la población Bermeya Oriental y la del Guadarrama ($0,388 \pm 0,006$) mientras que el valor de este parámetro entre las

dos poblaciones Bermeyas fue de $0,371 \pm 0,007$. La distancia de alelos compartidos sigue el mismo patrón con el menor valor entre la población Bermeya Oriental y la del Guadarrama ($0,117 \pm 0,013$) y un valor de $0,132 \pm 0,014$ entre las dos poblaciones Bermeyas.

Tabla 2. Coascendencia molecular (f_{ij} ; bajo la diagonal) y distancia de alelos compartidos (D_{AS} ; encima de la diagonal) entre las poblaciones caprinas estudiadas. Las desviaciones estándar de los valores obtenidos se muestran entre paréntesis.

Table 2. Between-breeds molecular coancestry (f_{ij} ; below diagonal) and between-breeds shared allele distance (D_{AS} ; above diagonal). The standard deviations of the estimates are in brackets.

Población	1	2	3	4	5
1. Alpine		0,177 (0,014)	0,197 (0,013)	0,197 (0,014)	0,169 (0,015)
2. Bermeya Oriental	0,342 (0,005)		0,132 (0,013)	0,117 (0,013)	0,184 (0,013)
3. Bermeya Occidental	0,337 (0,006)	0,371 (0,007)		0,158 (0,015)	0,209 (0,013)
4. Guadarrama	0,340 (0,006)	0,388 (0,006)	0,369 (0,007)		0,199 (0,015)
5. Saanen	0,336 (0,006)	0,345 (0,006)	0,336 (0,006)	0,349 (0,007)	

La figura 1 muestra un árbol filogenético calculado a partir de la matriz de distancias D_{AS} entre individuos. Pueden identificarse 5 grupos, correspondientes a las poblaciones analizadas, que incluyen 92 de los 122 individuos analizados. En todo caso, los grupos de Bermeya Oriental y Guadarrama incluyen 2 miembros de la otra población y un pequeño cluster formado por 3 individuos de cada una de esas dos poblaciones. Asimismo, 7 individuos de la población Berme-

ya Occidental se agrupan cerca de los individuos de la población Oriental.

La raza de Guadarrama representa el tronco caprino Pirenáico, reflejándose su proximidad genética a la población Oriental de la raza Bermeya. Este estudio pretende aportar información para la toma en consideración de estrategias de conservación diferenciadas para las dos poblaciones geográficas de cabra Bermeya.

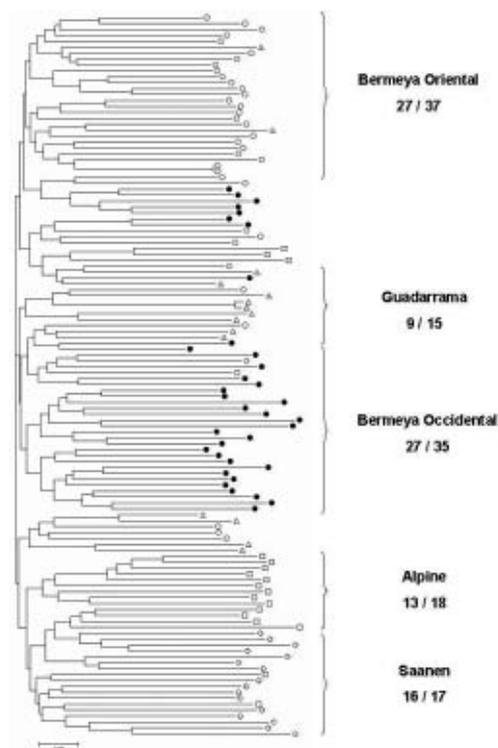


Figura 1. Árbol filogenético calculado mediante el algoritmo del vecino más próximo utilizando la matriz de distancias de alelos compartidos (D_{AS}) entre individuos. Los individuos correspondientes a la población Bermeya Oriental se muestran en círculos blancos, los correspondientes a la población Bermeya Occidental se muestran en círculos negros, los de raza de Guadarrama en triángulos, los de raza Alpine en cuadrados y los de raza Saanen en rombos.

Figure 1. Phylogenetic tree constructed using the neighbour-joining algorithm from the between-individuals shared-allele distance (D_{AS}) matrix. The individuals belonging to the Eastern Bermeya population are in open circles, those belonging to the Western Bermeya populations are in black circles, the Guadarramas are in open triangles, the Alpines in open squares and those belonging to the Saanen breed are in open diamonds.

Bibliografía

- Álvarez I, Gutiérrez JP, Royo LJ, Fernández I, Gómez E, Arranz JJ, Goyache F, 2005. Testing the usefulness of the molecular coancestry information to assess genetic relationships in livestock using a set of Spanish sheep breeds. *J Anim Sci*, 83, 737-744.
- Baumung R, Cubric-Curik V, Schwend K, Achmann R, Sölkner J, 2006. Genetic characterisation and breed assignment in Austrian sheep breeds using microsatellite marker information. *J Anim Breed Genet*, 123, 265-271.
- Figuerola P, Fernández I, Gómez E, Royo LJ, Álvarez I, Goyache F, 2003. Iniciativas de conservación la cabra de raza Bermeya de Asturias. *AGRI*, 33, 57-71.
- Gutiérrez JP, Royo LJ, Álvarez I, Goyache F, 2005. MolKin v2.0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *J Hered*, 96, 718-721.
- Simianer H, 2002. Molekulargenetische Differenzierung verschiedener Rotviehpopulationen. Schriftenreihe des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft. Heft 493. Landwirtschaftsverlag GmbH. Münster-Hiltrup, Germany.
- Tamura K, Dudley J, Nei M, Kumar S, 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol Biol Evol*, 24, 1596-1599.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Análisis preliminar de la estructura genética del Merino: situación de las estirpes tradicionales mediante análisis genealógico y molecular

P.J. Azor*, I. Cervantes**, M. Valera***, J.J. Arranz****, C. Medina*, J.P. Gutiérrez**, F. Goyache*****, A. Muñoz*, A. Molina*

* Grupo de Investigación MERAGEM. Dpto. de Genética. Universidad de Córdoba. Edif. Mendel, Pl baja. Campus de Rabanales. Ctra. Madrid-Cádiz, (N-IV) km 396ª 14071 Córdoba. España.

** Dpto. de Producción Animal. Universidad Complutense de Madrid. Avda. Puerta de Hierro, s/n. 28040 Madrid.

*** Dpto. de Ciencias Agroforestales (EUITA) Universidad de Sevilla. Ctra de Utrera, km1. 41013 Sevilla.

**** Dpto. de Producción Animal. Universidad de León. Campus de Vegazana. León.

***** Área de Genética y Reproducción. SERIDA de Somió. Camino de los claveles, s/n. Gijón. Asturias.
E-mail: ge2azorp@uco.es

Resumen

La raza Merina ha tenido a lo largo de la historia un importante papel desde el punto de vista político, biológico, económico y ganadero, siendo hoy día la raza de aptitud cárnica de mayor censo de nuestro país. El objetivo de este trabajo ha sido conocer la situación de las estirpes tradicionales más importantes de la raza Merina en España ("Serena", "Hidalgo", "Granda" y "López-Montenegro") mediante el uso de herramientas genealógicas y moleculares. Según nuestros resultados las estirpes que más influencia mantienen actualmente son la "Serena" y la "Hidalgo" con un 27% y un 15% respectivamente mientras que "López-Montenegro" y "Granda" cuentan con sólo un 0,3%. Se ha puesto de manifiesto la predilección de los criadores por determinados tipos de merino lo que podría poner en peligro la variabilidad genética intrarracial del Merino haciendo desaparecer alguna de las estirpes tradicionales, que por sus características morfológicas y productivas son menos rentables económicamente. Las dos estirpes con más influencia en la población son las que han presentado unos valores de variabilidad genética, estimada a partir de marcadores moleculares, mas reducida. Sin embargo las estirpes "Granda" y "López-Montenegro" han presentado los valores mayores de heterocigosidad observada (H_o) (0,67 y 0,70), esperada (H_e) (0,68, 0,72) y número medio de alelos por locus (N_{ma}) (7,45 y 7,97) respectivamente. La comparación entre ambas metodologías determinó que el coeficiente de diferenciación genética (F_{ST}) para los animales de las cuatro líneas identificadas, fue un 30% más elevado mediante genealogías que mediante información molecular.

Palabras clave: Merino, Estirpe, Análisis genealógico, Análisis molecular, Variabilidad genética

Summary

Preliminary assessment of population structure of Spanish Merino Breed: traditional strains situation using genealogical and molecular analysis

Merino sheep breed is the most important breed in Spain according to their census. It is the most censused meat production sheep breed in Spain. It has played an important role in the politic, biologic, economical and livestock aspects. The aim of this study is assess the situation of the most important traditional strains in Spain of Merino breed ("Serena", "Higalgo", "Granda" y "López-Montenegro") using genealogical and molecular information. The most influential strains in the present Merino population are "Serena" and "Hidalgo" (27% and 15% respectively). "Lopez-Montenegro" and "Granda" strains have only 0.3%

of influence. The breeder's preferences in raise some strains have been evidenced. This task could endanger the intra population genetic variability of the Merino breed and some traditional strains could disappear because of their economical worse morphological and productive trait. The two more influential strains ("Serena" and "Hidalgo") have shown the lowest value of the molecular variability parameters. However the highest values have been shown by "Granda" and "López-Montenegro" strains (observed heterozygosity (H_o) = 0.67 and 0.70; expected heterozygosity (H_e) = 0,68 and 0,72; and average number of alleles per locus was 7,45 and 7,97 respectively). We found that the coefficient of genetic differentiation value (F_{ST}) using genealogical information, for the four strains analyzed, was 30% higher than using molecular information.

Key words: Merino, Strain, Genealogical analysis, Molecular analysis, Genetic variability

Introducción

La raza Merina ha tenido a lo largo de la historia un importante papel desde el punto de vista político, biológico, económico y ganadero. Originariamente se seleccionó para la producción lanera, no obstante de ella se han originado muchas de las poblaciones especializadas en producción cárnica que existen en la actualidad en los cinco continentes. Tras la crisis del mercado de la lana en la década de los 60 se ve obligada a reorientar su objetivo productivo hacia la producción de carne, lo que ocasionó un importante declive de esta raza y la práctica desaparición de muchos de sus tipos tradicionales (Arrebola, 2002).

En los años 80 la Asociación de Criadores, organizó un Núcleo de Control Cárnico con la finalidad de reorientar la selección de esta raza hacia la producción de carne, aprobándose en el año 1994 un esquema de selección que tiene como principal objetivo la mejora del potencial de crecimiento de los corderos (aunque sin olvidar el potencial lanero ni las características morfológicas y reproductivas). Como consecuencia de ésto se ha originado un paulatino incremento de los tipos (estirpes) de mayor formato en detrimento de aquellos otros más rústicos o de mayor calidad lanera. No obstante la actual coyuntura

del ovino de carne extensivo, y el incierto futuro que se cierne sobre nuestras razas, hace necesario monitorizar la variabilidad interna presente en la raza Merina como seguro de futuro. En este trabajo se realiza un análisis preliminar de la estructura genética de la raza, principalmente en cuanto a situación de las principales estirpes que aún se mantienen en pureza, desde una doble perspectiva, mediante el análisis genealógico y mediante el análisis de un panel de marcadores moleculares microsatélites.

Material y métodos

Análisis Genealógico

Para realizar el estudio genealógico se ha utilizado el Libro Genealógico del Merino Español creado en el año 1972 que cuenta con un total de 325.622 registros (58.407 machos y 267.215 hembras). Previamente al análisis de la estructura genealógica se realizó un estudio del nivel de información (acabado) del pedigrí (Boichard *et al.*, 1997) y se estimaron los principales parámetros globales de la población: *número efectivo de fundadores* (Lacy, 1989), *de ancestros* y *de ganaderías fundadoras* (Boichard *et al.*, 1997).

La estructura genética de la población se ha inferido mediante los estadísticos *F* de Wright (F_{IT} , F_{ST} y F_{IS}) (Wright, 1978), calculándose siguiendo la metodología de Caballero y Toro (2000 y 2002), considerando los animales de cada una de las estirpes o de cada ganadería como subpoblaciones.

Finalmente se determinó la influencia de las 4 estirpes tradicionales presentes en la raza en la actualidad ("Serena", "Hidalgo", "Granda" y "López-Montenegro") mediante la suma del coeficiente de relación media de los fundadores correspondientes a cada una de las líneas en la población total y en la población de referencia. Ésta estuvo constituida por los animales nacidos en los últimos 4 años (aproximadamente el intervalo generacional obtenido para esta raza). Los análisis genealógicos se realizaron con el programa ENDOG v4.5 (Gutiérrez y Goyache, 2005).

Análisis Marcadores Moleculares

En cuanto al análisis genético se ha obtenido sangre de una muestra de animales pertenecientes a cada una de las estirpes: "Serena" (30), "Hidalgo", (30) "López-Montenegro" (19), "Granda" (30) intentando la máxima representación de las ganaderías que mantienen animales puros de éstas, y un mínimo grado de parentesco entre los animales de cada ganadería. Estos animales han sido genotipados para un panel de 33 marcadores entre los que se incluyen todos los recomendados por el *Grupo de Trabajo* de la FAO.

La importancia que, desde el punto de vista de la producción animal, tienen los marcadores genéticos radica en su aplicación a la identificación individual y al control de filiación, al garantizar la fiabilidad de los documentos genealógicos, material fundamental para emprender las tareas de conservación y mejora de las razas y el estudio

de la variabilidad genética de la población y su cercanía con otras poblaciones y razas (Azor y Goyache, 2007). Para la caracterización genética de las poblaciones y los estudios de variabilidad genética, se han impuesto los microsatélites del ADN debido a las propiedades que presentan (Jarne y Lagoda, 1996), existiendo un elevado número de trabajos en los que se estima la variabilidad genética de diferentes razas ovinas y la diversidad genética entre ellas (Arranz et al., 1998 y 2001; Álvarez et al., 2005; Arora y Bhatia, 2006). Esto es de mayor ayuda cuando la profundidad de los registros genealógicos no es lo suficiente, como es este caso. La combinación de ambas estrategias nos indicará la situación en cuanto a la variabilidad *inter e intraganadería* e *inter e intra-línea*, permitiéndonos conocer la evolución en cuanto a deriva genética de determinadas subpoblaciones, efecto de la endocría, del flujo de genes entre los diferentes estratos poblacionales, cuellos de botella, efecto del cruzamiento, etc. Es decir, la situación actual, su evolución en un pasado reciente y la tendencia en el futuro próximo de mantenerse el actual sistema de cría.

La caracterización genética y productiva de las diferentes líneas ofrecerá una herramienta indispensable para valorar la posible utilización de alguna de éstas líneas para adaptarse a las nuevas demandas de los consumidores. Por otra parte el conocer la situación censal y la variabilidad de cada una de estas líneas permitirá el diseño de estrategias para su mantenimiento.

El ADN fue extraído utilizando el método de Miller et al., (1988) y la amplificación fue llevada a cabo mediante PCR múltiples. Los productos amplificados fueron analizados, en un secuenciador automático capilar (ABI 3130). Los alelos fueron tipificados utilizando el software *Genotyper v 3.7* (Applied Biosystems).

La variabilidad genética que se mantiene en cada estirpe se ha estimado mediante la *diversidad alélica*, *heterocigosidad observada* y *esperada*. La estructura genética de la población se ha inferido también mediante los estadísticos *F* de Wright.

Para el análisis molecular se utilizaron los paquetes informáticos *Genetix v 4.05* (Belkhir et al., 2001) y *Molkin 2.0* (Gutiérrez et al., 2005).

Resultados y discusión

El grado de conocimiento del pedigrí de los animales incluidos en la población de referencia, se ha representado en la figura 1 para machos y hembras de forma diferenciada. Como se observa siempre es superior

en los machos manteniéndose por encima del 50% hasta la 5ª generación. Se muestra también la profundidad del pedigrí para los animales genotipados de cada estirpe, se observa que los individuos de la estirpe "Granda" presentan un mayor % de ancestros conocidos seguidos de la "Serena", "Hidalgo" y "López-Montenegro". El número medio de generaciones equivalentes completas fue de 3,8, valor que está dentro del rango obtenido por Huby et al., (2003) para las raza ovinas francesas y superior al encontrado en la Xalda (Goyache et al., 2003).

En la tabla 1 se presentan diversos parámetros relacionados con la *probabilidad de origen* de la raza. Se puede observar que tanto el *número efectivo de ancestros* como de *fundadores* disminuye cuando consideramos los nacidos en la última generación.

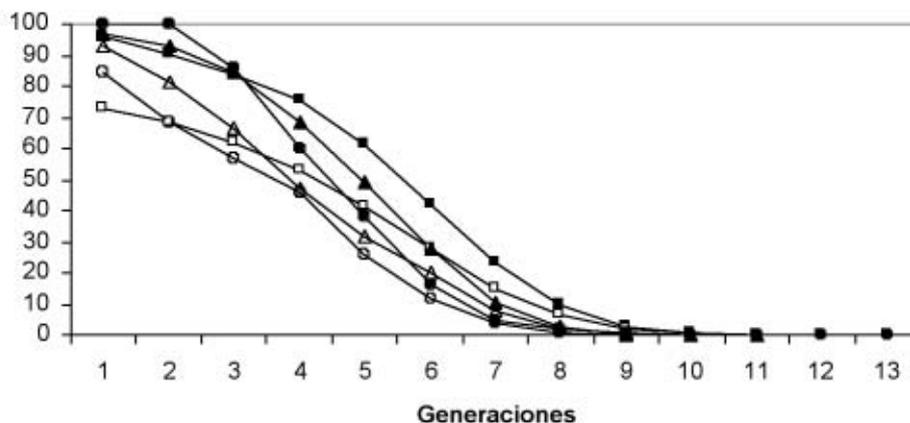


Figura 1. Profundidad de pedigrí para los animales de la población de referencia en el Merino español (individuos nacidos en los últimos 4 años; cuadrados negros para machos y cuadrados blancos para hembras). Se ha representado también la profundidad del pedigrí encontrada en los animales genotipados para cada línea (triángulo negro: "Serena", triángulo blanco: "Hidalgo", círculo blanco: "López-Montenegro", círculo negro: "Granda")

Figure 1. Pedigree completeness in reference population (animals born in the last four year, black squares for males and white squares for females) in Merino sheep. It is also shown the pedigree completeness for genotyped individuals for each strain (black triangle for "Serena", white triangle for "Hidalgo", white circle for "López-Montenegro", black circle for "Granda").

Tabla 1. Resumen de los principales parámetros que caracterizan la variabilidad genética de la población de raza Merina considerando todos los animales inscritos (T) la última generación (PR, individuos nacidos en los últimos 4 años) y los individuos genotipados (G)

Table 1. Parameters that characterise the genetic variability of the Merino sheep considering the whole population (T), the last generation (PR, animals born in the last four years) and genotyped individuals (G)

	T	PR	G
Número de individuos analizados	325.622	43.976	105
Número de fundadores	126.283	107.620	442
Número efectivo de fundadores	442	381	138
Número total de ancestros	29.012	18.703	134
Número de ancestros que explican el 50% de la variabilidad genética	304	226	35
Número efectivo de ancestros	213	170	80
Número efectivo de ganaderías fundadoras	15,9	15,3	8,7
Número de ganaderías que explican el 50% de la variabilidad genética	8	10	5

Esta disminución también se pone de manifiesto en el *número de ancestros que explican el 50%* de la variabilidad genética presente en la población. Según nuestros resultados existen 9 ancestros que tienen más de un 1% de contribución genética en la población global. Por otro lado, el número efectivo de ganaderías fundadoras se mantiene prácticamente constante para la población total y para la población de referencia aumentando para esta última el número de ganaderías que aporta el 50% de la variabilidad genética a la raza (de 8 a 10). Lógicamente para el caso de los animales genotipados todos estos parámetros son inferiores, pero comparativamente la variabilidad genética que explica esta muestra de la población es mayor que la del resto debido a que son individuos escogidos de diferentes estirpes y con una relación mínima entre ellos. La contribución aportada por los animales fundadores calculada mediante la suma de los coeficientes de relación media mostró que un 79% de las contribuciones a la población son debidas animales fundadores hembras.

Del mismo modo se obtuvo la influencia de las líneas tradicionales en la formación de la última generación, siendo las líneas que más influencia mantiene actualmente la de "Serena" y la de "Hidalgo" con un 27% y un 15% respectivamente mientras que "López-Montenegro" y "Granda" cuentan con sólo un 0,3%. Se ha observado un aumento de la representación de individuos pertenecientes a las líneas "Serena", y en mucha menor medida de los tipos "Hidalgo" y "Granda", ya que si consideramos la población total esta influencia es sólo del 17%, 14% y 0,2% respectivamente. Sin embargo, la influencia de "López-Montenegro" ha disminuido en la última generación ya que si consideramos la población total su influencia asciende al 0,9%.

El análisis de la pertenencia de cada uno de los animales inscritos en el LG determinó la existencia en la población global de 17.601 individuos 100% "Serena", 31.700 para "Hidalgo", 1.636 para "López-Montenegro" y 239 para "Granda". En cuanto al número de individuos que presentan algún porcentaje de sangre de cada una de estas estirpes fue de

70.608, 61.383, 4.347 y 1.990 respectivamente para cada una de estas estirpes. En la última generación el número de individuos con algún % de sangre de estas estirpes fue: de 16.962 ("Serena"), 12.626 ("Hidalgo"), 694 ("Granda") y 279 ("López-Montenegro").

Los estadísticos F calculados vía molecular y genealógica considerando como subpoblaciones las estirpes y las ganaderías están recogidos en la tabla 2. El parámetro F_{ST} para los animales de las cuatro líneas identificadas, fue un 30% más elevado mediante genealogías que mediante información molecular. El grado de diferenciación estimado mediante el análisis genealógico es prácticamente

imposible de observar debido a la escasa profundidad del pedigrí y a la gran cantidad de animales fundadores que impide obtener parámetros totalmente fiables. No obstante la diferenciación obtenida usando como subpoblación las diferentes ganaderías es mayor rondando el 2% de forma que el elevado valor obtenido para el F_{ST} mediante datos genealógicos para los individuos genotipados probablemente es debido al efecto ganadería que prevalecería sobre el efecto línea.

En cuanto a la situación de estas líneas desde el punto de vista molecular, en la tabla 3 se presentan los principales estimadores de la variabilidad de las cuatro estirpes analizadas.

Tabla 2. Estadísticos F obtenidos a partir del análisis molecular y genealógico considerando los animales genotipados de las estirpes de Merino Español, se exponen también los resultados vía genealógica usando las ganaderías como subpoblaciones

Table 2. Molecular and genealogical F statistics considering the genotyped individuals of Merino sheep strains, it is shown also the genealogical results using the flocks as subpopulations

	Estirpes Animales Genotipados		Ganaderías Todos
	Vía molecular	Vía genealógica	Vía genealógica
F_{is}	0,06702	-0,00842	-0,00754
F_{st}	0,02514	0,03548	0,03510
F_{it}	0,09048	0,02736	0,02751

Tabla 3. Principales estadísticos moleculares relacionados con la situación de variabilidad de las cuatro estirpes del Merino estimados utilizando un panel de 33 marcadores microsatélites

Table 3. Main statistical molecular parameters that characterise the genetic variability of the Merino sheep strains using a panel of 33 molecular markers

	Granda n=30	Hidalgo n=30	López-Montenegro n=19	Serena n=30	Población Indiferenciada n=48
NMA	7,45	6,94	7,97	7,18	7,93
Ho	0,6717	0,6636	0,6840	0,6687	0,7448
He	0,7085	0,6965	0,7206	0,7007	0,7152

NMA: Número medio de alelos por locus; Ho: Heterocigosidad observada; Heterocigosidad esperada.

Se puede observar que las líneas más influyentes en la población actual de la raza Merina son las que han manifestado unos valores de variabilidad genética más bajos. En este sentido la línea Hidalgo ha sido la que ha presentado los valores más bajos de *Nma*, *Ho* y *He* (6,94; 0,66 y 0,69 respectivamente). Por el contrario las líneas que han mostrado los mayores niveles de variabilidad genética han sido las líneas Granda y López-Montenegro, esta última mostrando los mayores valores de *Nma*, *Ho* y *He* (7,97, 0,68 y 0,72 respectivamente). La población indiferenciada estudiada ha presentado unos valores altos de variabilidad genética, similares a los mostrados por la estirpe "López-Montenegro".

El análisis genealógico de la raza Merina ha demostrado que la estirpe que mantiene más influencia en la raza actualmente es la "Serena", seguida de la de "Hidalgo" mientras que las otras dos estirpes tradicionales ("López-Montenegro" y "Granda") están prácticamente al borde de la desaparición.

A pesar de la escasa representación de las estirpes líneas "Granda" y "López-Montenegro" han sido las que han manifestado el mayor nivel de variabilidad genética, estimada a partir de los marcadores moleculares, por lo que aún se está a tiempo de aumentar su censo sin que aumente considerablemente la endogamia.

Por lo tanto consideramos que se deben establecer medidas que permitan el mantenimiento de la variabilidad genética intrapoblacional, muy especialmente en el caso de las líneas Granda y López-Montenegro si queremos tener la posibilidad de contar en el futuro con animales de estas características.

Agradecimientos

Los autores agradecen la colaboración de la Asociación Nacional de Criadores de Gana-

do Merino y al Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación.

El primer autor ha sido subvencionado por el Programa Nacional de Formación de Profesorado Universitario (Ministerio de Educación y Ciencia).

Bibliografía

- Álvarez I, Gutiérrez JP, Royo LJ, Fernández I, Gómez, E, Arranz JJ, Goyache F, 2005. Testing the usefulness of the molecular coancestry information to assess genetic relationships in livestock using a set of Spanish sheep breeds. *J Anim Sci.*, 83(4), 737-44.
- Arora R, Bhatia S, 2006. Genetic diversity of Magra sheep from India using microsatellite analysis. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 19, 938-942.
- Arranz JJ, Bayón Y, San Primitivo F, 1998. Genetic relationships among Spanish sheep using microsatellites, *Anim. Genet.*, 29, 435-440.
- Arranz JJ, Bayón Y, San Primitivo F, 2001. Differentiation among Spanish sheep breeds using microsatellites. *Genet. Sel. Evol.*, 33, 529-542.
- Arrebola FA, 2002. Caracterización Genética de la Aptitud Lanera del Merino Autóctono Español. Tesis Doctoral Universidad de Córdoba.
- Azor PJ, Goyache F, 2007. Metodología de caracterización genética. En: *Patrimonio Ganadero Andaluz. Vol I. La ganadería andaluza en el Siglo XXI*. Ed. Junta de Andalucía. Sevilla. España. Pp. 483-524.
- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F, 2001. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, France.
- Boichard D, Maignel L, Verrier E, 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.*, 29, 5-23.

- Caballero A, Toro MA, 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res. Camb.*, 75, 331-343.
- Caballero A, Toro MA, 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conserv. Gen.*, 3, 289-299.
- Goyache F, Gutiérrez JP, Fernández I, Gómez E, Álvarez I, Díez J, Royo LJ, 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.*, 120, 95-103.
- Gutiérrez JP, Goyache F, 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122, 357-360.
- Gutiérrez JP, Royo LJ, Álvarez I, Goyache F, 2005. Molkin v2.0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *Journal of Heredity*, 96, 718-721.
- Huby M, Griffon L, Moureaux S, De Rochambeau H, Danchin-Burge C, Verrier E, 2003. Genetic variability of six French meat sheep breeds in relation to their genetic.
- Jarne P, Lagoda P, 1996. Microsatellites, from molecules to populations and back. *Trends Ecol. Evol.*, 11, 424-429.
- Lacy RC, 1989. Analysis of Founder Representation in Pedigrees: Founder Equivalent and Founder Genome Equivalents. *Zoo. Biol.*, 8, 111-123.
- Miller SA, Dykes DD, Polesky, HF, 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res*, 16, 1215.
- Wright S, 1978. Evolution and the genetics of populations: Vol. 4. Variability within and among natural populations. University of Chicago Press. Chicago. USA.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

El cociente entre incrementos de endogamia y de coascendencia como medida de subdivisión poblacional. Resultados preliminares

I. Cervantes*, F. Goyache**, J.P. Gutiérrez*

* Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040 Madrid, España

** Área de Genética y Reproducción Animal. SERIDA-Somió, Gijón (Asturias).

E-mail: icervantes@vet.ucm.es

Resumen

Uno de los factores que provocan incrementos de consanguinidad superiores a los que se esperarían en función del tamaño de la población es la subdivisión de las poblaciones. La medida de la subdivisión de poblaciones no resulta sencilla. Se presenta una medida de subdivisión de poblaciones que se obtiene a partir de la información de pedigree. Se basa en la comparación directa de los incrementos de coascendencia en relación a los incrementos de endogamia por generación discreta equivalente, establecidos ambos a partir de la media de valores individuales de esos parámetros. La utilidad del parámetro desde el punto de vista descriptivo se ilustra con la ayuda de una población simulada y de dos poblaciones reales con diferentes escenarios de subdivisión.

Palabras clave: Tamaño Efectivo, Subdivisión

Summary

Ratio between inbreeding and coancestry rates as a measure of population subdivision. Preliminary results

Subdivision is one of the factors leading to increase in inbreeding higher than those expected regarding population size. Measuring population subdivision is not straightforward given that it is established rather diffuse. A measure of population subdivision from pedigrees is presented. It is based on the direct comparison of the increases in coancestry and the increases in inbreeding computed over equivalent discrete generation. Coancestry and inbreeding rates were established from the average of individual values of those parameters. The usefulness of the new parameter from a descriptive point of view is illustrated using a simulated population and two real populations with an opposed scenario regarding subdivision.

Key words: Effective Size, Subdivision

Introducción

Entre los factores que más contribuyen al aumento de la consanguinidad en una población animal se encuentra la subdivisión (Falconer y Mackay, 1996). Todas las poblaciones reales de animales domésticos presentan

algún grado de subdivisión, más o menos evidente, que se manifiesta en el apareamiento preferencial de individuos con los que se encuentran más próximos. Esta subdivisión se traduce en un incremento en la consanguinidad global por generación superior al correspondiente incremento en

coascendencia, de manera que la comparación entre ambos puede proporcionar una forma sencilla de medir el grado de subdivisión equivalente. Esta comparación resulta factible cuando se dispone de medidas de ambos incrementos en función de la generación. Por desgracia, el solapamiento generacional es la norma en poblaciones de animales domésticos, dificultando obtener una medida fiable de dichos incrementos. En los últimos años han proliferado los intentos de obtener una estimación fiable del incremento en consanguinidad (y su parámetro relacionado de forma inversa, el tamaño efectivo) que permitiera tener en cuenta el solapamiento generacional. La metodología desarrollada por Gutiérrez et al. (2008), incorporada a la versión v4.5 del programa ENDOG (Gutiérrez y Goyache, 2005), determina el tamaño efectivo a partir de la media del incremento de consanguinidad individual (ΔF_i) obtenido mediante $\Delta F_i = 1 - \sqrt[2]{1 - F_i}$, siendo g_i el número de generaciones discretas aproximado mediante el número de generaciones equivalentes (Maignel et al., 1996; Boichard et al., 1997). Esta metodología tiene la ventaja de tener en cuenta todas las causas de incremento de consanguinidad de forma indirecta sin tener que preocuparse de cuáles son, dado que se basa exclusivamente en el coeficiente de consanguinidad individual alcanzado en la cantidad de genealogía conocida para cada individuo. Presentamos aquí una forma paralela de obtener el incremento en coascendencia, lo que permite establecer una medida de subdivisión equivalente en poblaciones con estructura irregular. El método se ilustra con un sencillo ejemplo simulado y dos poblaciones reales.

Material y métodos

Paralelo al incremento en consanguinidad individual (ΔF_i , Gutiérrez et al., 2008), se define el

incremento en coascendencia entre dos individuos j y k como $\Delta c_{jk} = 1 - \sqrt{\frac{g_j + g_k + 1}{2}} \sqrt{1 - c_{jk}}$, asumiendo que dicho coeficiente de coascendencia c_{ij} correspondería a la consanguinidad de un descendiente procedente del cruce de ambos en la generación siguiente a las de sus padres g_j y g_k . Si promediando el incremento de consanguinidad individual se puede acceder fácilmente al tamaño efectivo

realizado ($\bar{N}_e = \frac{1}{2\Delta F}$, Gutiérrez y col., 2008),

promediando los incrementos en coascendencia se puede obtener el tamaño efectivo que resultaría si los individuos de la población se apareasen con igual probabilidad, como sería el caso de una población no subdividida:

$\bar{N}_e = \frac{1}{2\Delta c}$. De este modo, el cociente entre

ambos permite obtener una medida de número de subpoblaciones equivalente en

la población: $S = \frac{\bar{N}_e}{N_e} = \frac{\Delta F}{\Delta c}$.

El método se ilustra en primer lugar con la ayuda de un ejemplo simulado constituido por una población constante de 200 individuos por generación en las condiciones de la población ideal excluyendo el apareamiento entre individuos del mismo sexo. A partir de la generación 25 el ejemplo simula una subdivisión completa y permanente en cuatro subpoblaciones de 50 individuos.

En segundo lugar se usan dos poblaciones reales: a) Una población experimental de ratones en la que se parte de una población base común de la que después de dos generaciones se obtienen 9 líneas (Ibáñez-Escriche et al., 2008; Moreno, 1998) y b) el archivo genealógico de la ganadería de toro de lidia de Juan Pedro Domecq en la que se ha llevado una política de apareamientos muy controlada evitando el cruce de los individuos antecesores comunes en las tres generaciones previas.

Resultados y discusión

En la figura 1 se muestra la evolución por generación del tamaño efectivo realizado ($\overline{N_e}$), tamaño efectivo por coascendencias ($\overline{N_{ec}}$) y medida de subdivisión (S) en la población simulada. Se observa cómo S presenta un valor aproximado a uno hasta la generación 25, momento en el que se simula la separación en 4 núcleos reproductivos,

aumentando hasta alcanzar valores en torno a 3, intuyéndose que el valor alcanzará asintóticamente el número de poblaciones subdivididas. Obsérvese que el tamaño efectivo que se obtiene corresponde a la media armónica del verdadero número de reproductores por lo que la historia de la población previa a la subdivisión tiene un peso cada vez menos importante en el parámetro.

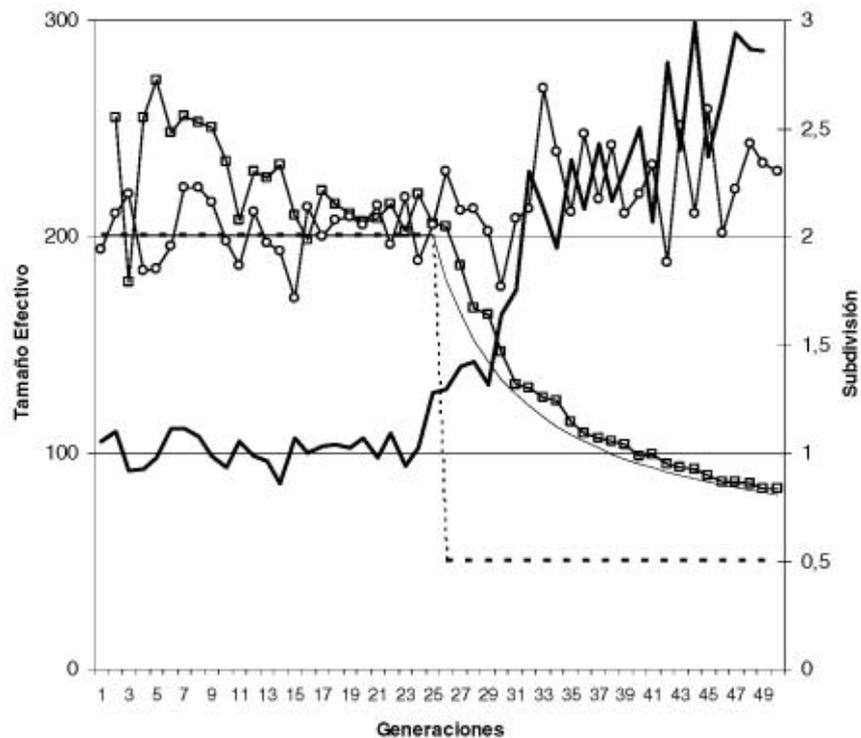


Figura 1. Evolución del N_e realizado ($\overline{N_e}$, cuadrados, eje izdo.), tamaño efectivo por coascendencias ($\overline{N_{ec}}$, círculos, eje izdo.) y medida de subdivisión (S , línea continua gruesa, eje dcho.) en la población simulada. Las líneas discontinuas representan los valores esperados de N_e por incremento en coascendencias entre generaciones (rayas) o a partir de la media armónica del número de reproductores por generación (puntos).

Figure 1. Trends of Realised N_e ($\overline{N_e}$, squares, left axis), Effective size based on coancestries ($\overline{N_{ec}}$, circles, left axis) and subdivision measure (S , continuous line, right axis) in the simulated example. Discontinuous lines show expected values of N_e regarding increases in coancestries between consecutive generations (hyphen) or from harmonic mean of reproductive animals per generation (dots).

Esta medida de subdivisión equivalente no identifica posibles subpoblaciones, sino que nos informa del número de subpoblaciones que reproduciéndose al azar darían lugar a los incrementos de consanguinidad que se observan. Esta situación es más acentuada en poblaciones en las que, ya sea por dificultad técnica, económica o natural, los apareamientos entre núcleos reproductivos alejados no se llevan a cabo. Así, el apareamiento no se realiza al azar sino que la probabilidad

del cruce entre un individuo y los de sexo contrario no es igual para todos ellos.

En la figura 2 se muestra la evolución, por generación (2A) o por año de nacimiento (2B), del tamaño efectivo realizado (\overline{N}_e), tamaño efectivo por coascendencias (\overline{N}_{ec}) y medida de subdivisión (S) en las dos poblaciones reales utilizadas. En la población de ratones (figura 2A), se observa que \overline{N}_e se mantiene constante mientras que \overline{N}_{ec}

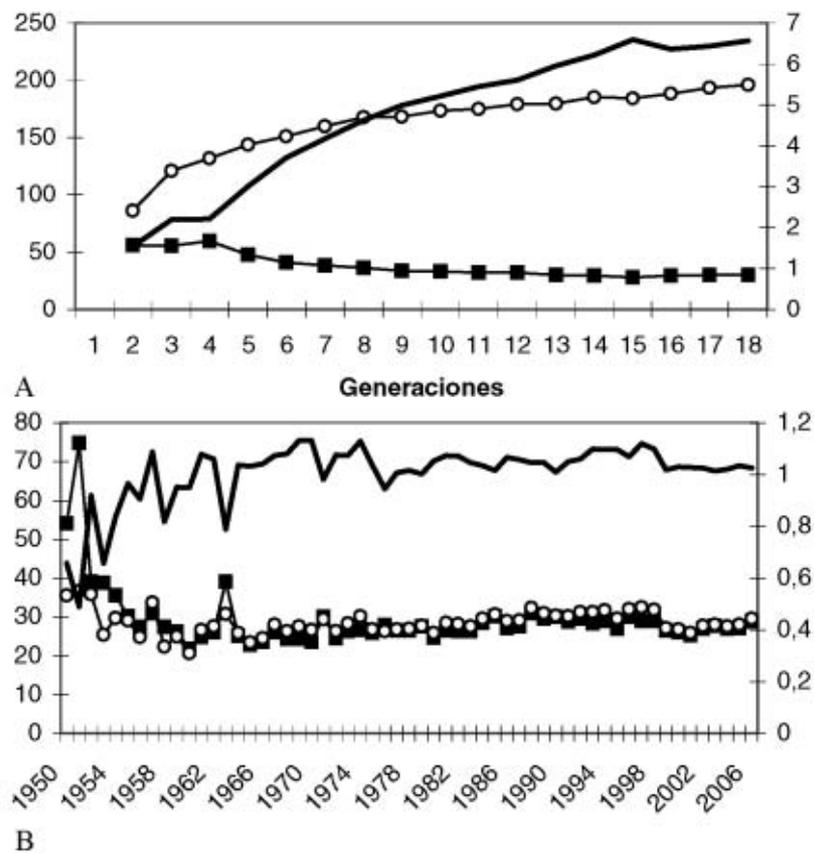


Figura 2. Evolución del \overline{N}_e realizado (\overline{N}_e , cuadrados negros, eje izdo.), tamaño efectivo por coascendencias (\overline{N}_{ec} , círculos blancos, eje izdo.) y medida de subdivisión (S , línea continua gruesa, eje dcho.) en la población de ratones (A) y en la población de toro de lidia (B).

Figure 2. Trends of Realised \overline{N}_e (\overline{N}_e , squares, left axis), Effective Size based on coancestries (\overline{N}_{ec} , circles, left axis) and subdivision measure (S , continuous line, right axis) in the mice (A) and bullfight (B) real populations.

se incrementa como consecuencia de la subdivisión existente. Como consecuencia se produce un aumento de S , que se sitúa entre 6 y 7 en la generación 18. La población se encuentra de hecho subdividida en 9 líneas pero comparten genes de la población fundadora, por lo que el tamaño efectivo realizado, comparable al obtenido mediante la media armónica, aún se encuentra por debajo de ese valor. Sin embargo, el truncamiento del pedigree después de la separación llevaría a un valor de S próximo a 9. En la población de toro de lidia (figura 2B) se observa el resultado que se obtiene para una población en la que prácticamente todos los individuos tienen la misma probabilidad de aparearse con cualquiera de los disponibles de sexo contrario. Ambos tamaños efectivos mantienen un valor parecido de forma estable, lo que supondría una política de apareamientos con tendencia a evitar la subdivisión, manteniéndose S , el cociente entre ambos, muy próximo a 1.

Los resultados mostrados aquí, tanto para genealogías simuladas como para poblaciones reales, permiten concluir que, tanto el incremento individual en coascendencia como la medida del número de subpoblaciones equivalentes, parecen parámetros útiles en la descripción de poblaciones animales con registro genealógico.

Agradecimientos

Los autores desean expresar su agradecimiento a Juan Pedro Domecq por sus genealogías actualizadas y al grupo de investigación 920332 de la Universidad Complutense

de Madrid y la ayuda Complutense CCG07-UCM/AGR-2826.

Bibliografía

- Boichard D, Maignel L, Verrier E, 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29, 5-23.
- Falconer DS, Mackay FC, 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th edn, Longman Group Ltd., England.
- Gutiérrez JP, Cervantes I, Molina A, Valera M, Goyache F, 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. *Genet. Sel. Evol.* 40, in press.
- Gutiérrez JP, Goyache F, 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122, 357-360.
- Ibáñez-Escriche N, Moreno A, Nieto B, Piqueras P, Salgado C, Gutiérrez JP, 2008. Genetic parameters related to environmental variability of weight traits in a selection experiment for weight gain in mice; signs of correlated canalised response. *Genet. Sel. Evol.* 40, 279-293.
- Maignel L, Boichard D, Verrier E, 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin*, 14, 49-54.
- Moreno A, 1998. Optimización de la respuesta a la selección en "Mus musculus" con consanguinidad restringida. PhD Thesis, Univ. Complutense, Madrid. Colección Tesis Doctorales, T22287.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Tres pesquisas sobre el origen del *Manchado de Jabugo*

E. Alves, A.I. Fernández, M.C. Rodríguez, C. Ovilo, L. Silió

Departamento de Mejora Genética Animal, INIA, 28040 Madrid.

E-mail: silio@inia.es

Resumen

El origen de la población *Manchado de Jabugo* se atribuye a cruces realizados en el siglo XIX entre cerdos *Ibéricos* negros y colorados. Se supone que animales de razas *Large White* y *Berkshire* contribuyeron además a fundar esta población, que ha permanecido aislada durante décadas en algunos pueblos de la Sierra de Aracena. El objetivo de este trabajo fue rastrear posibles huellas genéticas de las variedades y razas fundadoras en la población actual, conservada por la Diputación de Huelva. El ADN mitocondrial de animales *Manchado de Jabugo* y *Large White* presenta secuencias coincidentes tanto para la región de control *D-loop*, como para los genes *Cyt b*, *ATPasa8*, *ATPasa6* y *NADH5*. La mutación *IGF2* g.3072G>A, ocurrida en un cromosoma asiático, se detecta en la población *Manchado*, y está presente asimismo en *Large White* y *Berkshire*. Ello concuerda con la posible contribución fundacional de ambas razas británicas, en las que se introdujeron genes de origen asiático a partir del siglo XVIII. Finalmente, esta población presenta cuatro alelos del gen *MC1R*. El alelo *MC1R*3* es característico de la variedad negra de cerdo *Ibérico* y del *Large White*. Los alelos *MC1R*6* y *MC1R*7* de la variedad colorada, y el primero también del *Berkshire*. La presencia del alelo *MC1R*4*, característico de la raza *Duroc* indica una contribución más reciente de esta otra raza foránea al germoplasma del *Manchado de Jabugo*.

Palabras clave: *Manchado de Jabugo*, ADN mitocondrial, *IGF2*, *MC1R*

Summary

Three inquiries into the origin of *Manchado de Jabugo* pigs

Animals born at the end of the XIX century from crosses between *Red* and *Black Iberian* pigs were the main founders of the black spotted population named *Manchado de Jabugo*. Pigs of the *Large White* and *Berkshire* breeds had also contributed to the foundation of this population, which was isolated for several decades in some villages of Huelva. Our objective was to verify the possible genetic traces of founder varieties and breeds in this population, preserved by the Diputación de Huelva. The mitochondrial DNA from *Manchado* and *Large White* animals shows identical sequences for the control region *D-loop*, and also for the *Cyt b*, *ATPase8*, *ATPase6* and *NADH5* genes. The *IGF2* g.3072G>A mutation, apparently occurred in an Asian chromosome, is also present in the *Manchado* population. Both results agree with the quoted founder contribution of two British breeds, because Asian germplasm was introgressed into these breeds from the XVIII century. Finally, four alleles of the *MC1R* gene are segregating in this small population. The *MC1R*3* allele is characteristic of *Black Iberian* variety and *Large White* breed. The *MC1R*6* and *MC1R*7* alleles are characteristic of *Red Iberian* pigs, and the first one of the *Berkshire* pigs. The unexpected presence of the *MC1R*4* allele, characteristic of *Duroc*, indicates the contribution of this breed to the current *Manchado* germplasm.

Key words: *Manchado de Jabugo*, mitochondrial DNA, *IGF2*, *MC1R*

Introducción

El *Manchado de Jabugo* constituye una población muy reducida de cerdos de características fenotípicas singulares, que es oficialmente considerada una variedad del cerdo *Ibérico* en peligro de extinción (BOE 299, 14-12-2007). Como tal fue recuperada hace algunos años a partir de animales dispersos en pueblos de la Sierra de Aracena, y la Diputación de Huelva conserva esta variedad andaluza en su finca experimental 'Huerto Ramírez'. Se supone que procede de cruces realizados a final del siglo XIX en los términos municipales de Jabugo y Cortegana entre *Ibéricos* negros y colorados (rubios y retintos), así como con animales de algunas razas foráneas (*Large White* y *Berkshire*). Se conocen numerosos detalles de los ganaderos y explotaciones que intervinieron en este proceso fundacional, entre otros el nombre del importador de un fundador *Large White* a la sazón Secretario de la Reina Isabel II. Los expertos en esta variedad afirman que hoy día habría desaparecido por absorción la inmensa mayoría de la aportación genética foránea, ya que el *Manchado de Jabugo* sólo se habría cruzado con otros cerdos *Ibéricos* (Forero, 1999). En un reciente estudio de diversidad genética de 55 poblaciones porcinas europeas locales e internacionales basado en microsatélites (SanCristobal et al., 2006), las variedades de cerdo *Ibérico Retinto* y *Negro Lampiño* se agrupan significativamente en un cluster (valor de bootstrap del 93%) mientras que la vinculación del *Manchado de Jabugo* con los anteriores es sensiblemente menor (75%).

En el presente trabajo hemos pretendido contrastar los diferentes aspectos de la hipótesis expuesta sobre el origen de esta población rastreando las posibles huellas genéticas de las variedades y razas fundadoras en la población actual, así como la

eventual introgresión posterior de otras razas foráneas. Para ello abordamos una triple pesquisa utilizando como marcadores genéticos ADN mitocondrial y dos genes autosómicos útiles en la caracterización de razas porcinas: *IGF2* (Yang et al., 2006; Ojeda et al., 2008) y *MC1R* (Kijas et al., 1998 y 2001).

Material y métodos

Amplificación y secuenciación de genes mitocondriales

Para la secuenciación de los genes mitocondriales *ATPasa6*, *ATPasa8* y *NADH5* se utilizó el ADN extraído a partir de muestras de sangre de un cerdo *Ibérico Torbiscal*, un *Manchado de Jabugo* y un *Large White*. Los detalles de los cebadores utilizados para amplificar cada una de las regiones y las correspondientes condiciones se encuentran descritos en Fernández et al. (2008).

Genotipado de SNPs de genes *IGF2* y *MC1R*

El genotipado de la mutación *IGF2:g.3072G >A* se realizó en un equipo PSQ HS 96 (pyrosequencing AB, Uppsala, Suecia) de acuerdo con el protocolo descrito por Van Laere et al. (2003). Se genotiparon 19 animales *Manchado de Jabugo* de la finca experimental 'Huerto Ramírez', así como 152 *Duroc*, 31 *Large White*, un *Berkshire* y 170 *Ibéricos* de ganaderías asociadas a AECERIBER: 42 *Negros Lampiños*, 60 *Retintos* y 68 de otras variedades. El genotipado de los alelos del gen *MC1R* se realizó, de acuerdo con el protocolo descrito por Fernández et al. (2004), en 64 *Duroc*, 14 *Manchado de Jabugo* y 180 cerdos *Ibéricos* de ganaderías asociadas a AECERIBER (62 *Negros Lampiños*, 50 *Retintos* y 68 de otras variedades).

Resultados y Discusión

Primera pesquisa: el rastro del Large White en el ADN mitocondrial

Hace algunos años, un análisis de las relaciones filogenéticas entre poblaciones de cerdos domésticos y jabalíes basado en las regiones mitocondriales *D-loop* y *Cyt b* nos mostró que los 14 haplotipos identificados en las variedades tradicionales de cerdos Ibéricos podían adscribirse al denominado tipo mitocondrial europeo, mientras que el haplotipo encontrado en el *Manchado de Jabugo* correspondía al tipo mitocondrial asiático (Alves et al., 2003). Curiosamente la secuencia obtenida para estas dos regiones era coincidente en sus 1847 pb a la encontrada en el mismo estudio en un cerdo *Large White*. Los resultados de secuenciación de los genes *ATPasa8* (204 pb), *ATPasa6* (681 pb) y

NADH5 (1350 pb) obtenidos en este trabajo permiten extender a un total de 4082 pb la plena coincidencia entre las secuencias mitocondriales de procedencia *Large White* y *Manchado de Jabugo* (tabla 1). Esta secuencia compartida presenta un total de 62 SNP respecto a la secuencia correspondiente de un animal *Ibérico Torbiscal* tomado como referencia. Este resultado confirma la contribución a la formación del *Manchado de Jabugo* de al menos una cerda *Large White*, cuyo genotipo mitocondrial se ha conservado hasta la fecha por vía matrilineal.

Segunda pesquisa: mutación IGF2 g.3072G>A y contribución de razas foráneas

Trabajos recientemente realizados sobre la mutación *IGF2* g.3072G>A indican que surgió en cerdos asiáticos después de su domesticación, habiéndose posteriormente expan-

Tabla 1. Posiciones polimórficas en secuencias mitocondriales de *Ibérico* (IB) *Manchado de Jabugo* (MJ) y *Large White* (LW).

Table 1. Mitochondrial sequences polymorphisms of *Ibérico* (IB), *Manchado de Jabugo* (MJ) and *Large White* (LW).

	Cyt-B (1140 pb)														D-Loop (707 pb)																							
Posiciones	14311	14371	14407	14431	14467	14707	14719	14857	15004	15038	15040	15043	15047	15104	15202	15238	15545	15546	15567	15573	15581	15589	15594	15617	15677	15715	15716	15730	15742	15826	15841	15888	16011	16128	16140	16142		
EU117375																																						
IB1	A	T	T	A	T	C	A	A	T	T	G	C	G	G	G	C	T	A	G	C	C	C	A	T	T	T	C	A	C	C	T	C	A	G	G	G		
MJ	G	C	C	G	C	T	G	G	C	C	A	T	A	A	A	T	C	G	A	_	T	T	G	C	C	C	T	G	T	T	C	T	G	G	G	G		
LW1	G	C	C	G	C	T	G	G	C	C	A	T	A	A	A	T	C	G	A	_	T	T	G	C	C	C	T	G	T	T	C	T	G	G	G	G		

	ATPasa8 (204 pb)					ATPasa6 (681 pb)					NADH5 (1350 pb)																
Posiciones	07804	07902	07903	07971	07980	07998	08091	08118	08181	08299	08498	08535	08583	12584	12743	12955	12959	13059	13145	13307	13385	13484	13558	13585	13693	13744	
EU117375																											
IB1	C	T	T	T	C	C	T	A	C	T	A	T	A	T	C	T	T	A	T	C	A	C	C	T	C	G	
MJ	T	C	C	C	T	T	A	G	T	C	G	C	G	C	T	C	C	C	C	A	G	T	T	C	T	A	
LW1	T	C	C	C	T	T	A	G	T	C	G	C	G	C	T	C	C	C	C	A	G	T	T	C	T	A	

dido a la mayor parte de las razas internacionales a través del conocido proceso de introgresión de genes asiáticos, primero a las razas británicas y posteriormente a otras europeas y americanas (Yang et al., 2006; Ojeda et al., 2008). Los resultados del genotipado de esta mutación en las poblaciones objeto del presente estudio se presentan en la tabla 2. El alelo *IGF2* g.3072A está presente con baja frecuencia en el *Manchado de Jabugo*, y con frecuencias intermedia y alta en *Large White* y *Duroc*, respectivamente. El único *Berkshire* genotipado resultó ser heterocigoto para este polimorfismo. El alelo *IGF2* g.3072A no se detectó en ninguna de las ganaderías de origen Ibérico mejor establecido (*Torbiscal*, *Negros Lampiños* y algunos *Retintos*), identificándose en algunos animales de ganaderías cuyo control es más reciente.

Ojeda et al. (2008) analizaron 34 SNPs de este gen en individuos de estas y otras poblaciones. El haplotipo identificado en el *Manchado de Jabugo*, que incluye la mutación *IGF2* g.3072G>A presenta una alta similitud con el encontrado en una raza local china, pero no coincide con ninguno de los determinados en cerdos actuales de las razas *Large White*, *Berkshire* y *Duroc*. Sin embargo, cabe suponer que la migración de esta mutación desde China a la Sierra de Aracena debió tener lugar a través de alguna de estas razas foráneas.

Tercera pesquisa: alelos del gen de color *MC1R* y contribución de otras razas

Pese a su reducido censo y prolongado aislamiento, el *Manchado de Jabugo* presenta nada menos que cuatro alelos del gen *MC1R* (tabla 3). El alelo *MC1R*3* es carac-

Tabla 2. Frecuencia de los alelos *IGF2* g.3072 en *Manchado* y otras razas
Table 2. *IGF2* g.3072 alleles frequencies in *Manchado* and other breeds

Alelo	<i>Manchado</i> (n = 19)	Ibérico			<i>Duroc</i> (n = 152)	<i>Large White</i> (n = 31)
		<i>Negro Lampiño</i> (n = 42)	<i>Retinto</i> (n = 60)	<i>Otros</i> (n = 68)		
<i>IGF2</i> A	0.05	0.00	0.03	0.01	0.85	0.50
<i>IGF2</i> G	0.95	1.00	0.97	0.99	0.15	0.50

Tabla 3. Frecuencia de los alelos *MC1R* en *Manchado* y otras razas
Table 3. *MC1R* alleles frequencies in *Manchado* and other breeds

Alelo	<i>Manchado</i> (n = 14)	Ibérico			<i>Duroc</i> (n = 64)
		<i>Negro Lampiño</i> (n = 62)	<i>Retinto</i> (n = 50)	<i>Otros</i> (n = 58)	
<i>MC1R*3</i>	0.04	0.96	0.04	0.09	0.00
<i>MC1R*4</i>	0.07	0.00	0.00	0.00	1.00
<i>MC1R*6</i>	0.85	0.04	0.65	0.64	0.00
<i>MC1R*7</i>	0.04	0.00	0.31	0.27	0.00

terístico de los *Ibéricos Negro Lampiños* y del *Large White*. La presencia del alelo *MC1R*4*, exclusivo de la raza *Duroc*, resulta indicativo de una contribución de esta raza que debe haberse producido a partir de 1960, año en que esta raza americana llegó a España.

Los alelos *MC1R*6* y *MC1R*7*, característicos de los *Ibéricos Retintos*, se definen por la presencia de una inserción CC en la posición 896 del gen, que da lugar a una proteína no funcional, que inhibe la síntesis de eumelanina y causa el color colorado. El alelo *MC1R*6* presenta además la mutación *MC1R* g.1197G>A, y se encuentra fijado en la raza *Berkshire*. Su presencia en el *Manchado de Jabugo* sería también compatible con la contribución fundacional de esta raza británica. El patrón de color del *Manchado* (manchas negras netas o difuminadas sobre capa colorada o blanca sucia) es un argumento que opera a favor del origen *Berkshire* del alelo colorado *MC1R*6*. Kijas et al. (2001) al analizar el ARN extraído de piel de cerdos *Berkshire* (homocigotos *MC1R*6* / *MC1R*6*), observaron que se ha eliminado la inserción CC por reversión somática y restablecido el fenotipo negro. La capa negra del *Berkshire* sería realmente una gran mancha, generada por la combinación de reversión somática y selección a favor del color uniforme. En todo caso, la explicación del patrón de color del *Manchado* requiere la intervención de otros genes, primordialmente el *KIT*, y conllevaría pesquisas adicionales.

Agradecimientos

Los autores dan las gracias a Javier Forero y Manuel Cumbreiras, responsables de la conservación del *Manchado de Jabugo* en la Diputación de Huelva, que nos proporcionaron amablemente muestras biológicas de sus animales. Asimismo agradecen la ayuda

técnica de Nines López y Rita Benítez. El trabajo se financió en el marco del Proyecto INIA RZ03-010.

Bibliografía

- Alves E, Óvilo C, Rodríguez MC, Silió L, 2003. Mitochondrial DNA sequence variation and phylogenetic relationships among Iberian pigs and other domestic and wild pig populations. *Anim. Genet.*, 34, 319-324.
- Fernández A, Fabuel E, Alves E, Rodríguez C, Silió L, Óvilo C, 2004. DNA tests based on coat colour genes for authentication of the raw material of meat products from Iberian pigs. *J. Sci. Food Agric.*, 84, 1855-1860.
- Fernández AI, Alves E, Fernández A, de Pedro E, López-García MA, Óvilo C, Rodríguez MC, Silió L, 2008. Mitochondrial genome polymorphisms associated with *longissimus* muscle composition in Iberian pigs. *J. Anim. Sci.* 1910. 0:jas.2007-0568v1. doi:10.2527/jas.2007-0568.
- Forero FJ, 1999. Estudio comparativo de cinco estirpes de cerdo ibérico. Diputación Provincial de Huelva, Área de Fomento, 254 pp.
- Kijas JHM, Wales R, Törnsten A, Chardon P, Moller M, Andersson L, 1998. Melanocortin receptor 1 (*MC1R*) mutations and coat color in pigs. *Genetics*, 150, 1177-1185.
- Kijas JHM, Moller M, Plastow G, Andersson L, 2001. A frameshift mutation in *MC1R* and a high frequency of somatic reversions cause black spotting in pigs. *Genetics*, 158, 779-785.
- Ojeda A, Huang LS, Ren J, Angiolillo A, Cho IC, Soto H, Lemús-Flores C, Makuza SM, Folch JM, Pérez-Enciso M, 2008. Selection in the making: A worldwide survey of haplotypic diversity around a causative mutation in porcine *IGF2*. *Genetics*, 178, 1639-1652.
- SanCristobal M, Chevalet C, Haley CS, Joosten R, Rattink AP et al., 2006. Genetic diversity within and between European pig breeds using microsatellite markers. *Anim. Genet.*, 37, 187-198.

Van Laere AS, Nguyen M, Braunschweig M, Nezer C, Collette C *et al.*, 2003. A regulatory mutation in *IGF2* causes a major QTL effect on muscle growth in the pig. *Nature*, 425, 832-836.

Yang GC, Ren J, Guo YM, Ding NS, Chen CY, Huang LS, 2006. Genetic evidence for the origin of an IGF2 quantitative trait nucleotide in Chinese pigs. *Anim. Genet.*, 37, 179-180.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Caracterización de la diversidad genética intrarracial del cerdo Ibérico

I. Clemente*, A. Membrillo*, P.J. Azor*, O. Polvillo**, M. Juárez**, E. Santos*, A.M. Jiménez*, E. Diéguez***, A. Molina*

* Grupo MERAGEM (PAI AGR-158). Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba. Ed. Mendel, planta baja. Campus de Rabanales. 14071 Córdoba

** Grupo MERAGEM (PAI AGR-158). Departamento de Producción Animal, laboratorio de Calidad Cárnica. Universidad de Córdoba

*** Asociación Española de Criadores de Ganado Porcino Selecto Ibérico Puro y Tronco Ibérico (AECERIBER)
E-mail: v72cloi@uco.es

Resumen

El desenvolvimiento en el tiempo de subpoblaciones aisladas adscritas a un mismo tipo racial es el origen de la diversidad natural que surge en toda raza animal enriqueciéndola. El Cerdo Ibérico no ha sido ajeno a este proceso, acumulando a lo largo de los siglos una gran heterogeneidad intrarracial, reflejada en un valor alto (0,19) para el F_{ST} de Wright entre las subpoblaciones analizadas. En el presente trabajo abordaremos el estudio de esta diversidad genética interna del Cerdo Ibérico con especial atención a las cuatro estirpes principales (Negro Lampiño, Entrepelado, Retinto y Torbiscal), sin descuidar, no obstante, otras estirpes y líneas que la integran. Para ello partiremos de diferentes estudios de caracterización de las estirpes y líneas del Cerdo Ibérico. Resaltaremos no sólo sus diferencias genéticas sino también las habidas entre sus productos para consumo en fresco (solomillos), en los que la estirpe Negro Lampiño muestra los porcentajes de proteína, capacidad de retención de agua (CRA) e infiltración grasa intramuscular más elevados (23.74, 17.06 y 5.28, respectivamente), definiendo una calidad diferenciada. Finalmente aportaremos una clasificación que explique la estructura interna del Cerdo Ibérico.

Palabras clave: Cerdo Ibérico, Estirpes, Caracterización, Diversidad genética, Microsatélites del ADN, Calidad cárnica, Parámetros productivos

Summary

Intra-breed genetic diversity characterization of the Iberian pig

The evolution in time of isolated subpopulations assigned to a same breed is the origin of the natural diversity that arises in any breed animal enriching it. The Iberian Pig breed has not been unaware of this process, accumulating throughout the centuries a great intra-breed heterogeneity that is reflected by a high F_{ST} value (0.19) among the subpopulations analyzed. In the present study we will undertake the assessment of the internal genetic diversity of the Iberian Pig breed with special attention to the four main strains (Negro Lampiño, Entrepelado, Retinto and Torbiscal), without forgetting others strains and lines that integrate Iberian Pig Breed. To that purpose, we based on different characterization studies of the strains and lines of the Iberian Pig breed. We emphasize not only their genetic differences but also the differences among their meat products for fresh consumption (tenderloin) by strain, in which Negro Lampiño shows the higher percentages of protein, water-holding capacity (ARC) and intramuscular fat infiltration (23.74, 17.06 and 5.28, respectively), defining a differentiated quality. Finally, we expose a classification to explain the population structure of the Iberian Pig Breed.

Key words: Iberian Pig, Strains, Characterization, Genetic diversity, DNA microsatellite markers, Meat quality, Productive parameters

Introducción

La evolución en el tiempo de poblaciones aisladas pertenecientes a un mismo tipo racial, es la principal causa de la diversidad interna que se origina en toda raza animal enriqueciéndola. Este proceso, natural o dirigido por el hombre, ha originado en el Cerdo Ibérico, a lo largo del tiempo, una gran diversidad intrarracial que, de manera popular, ya era reconocida en el pasado, y que ha llegado a nuestros días en forma de estirpes y líneas.

Enmarcado dentro del interés por la preservación de esta riqueza genética del Ibérico, el Comité de Razas del M.A.P.A., y a petición de AECERIBER, aprobó el pasado año el reconocimiento diferenciado de las cuatro principales estirpes del Cerdo Ibérico (**Negro Lampiño, Entrepelado, Retinto y Torbiscal**) tanto en el reglamento del Libro Genealógico de la raza (Orden APA/3376/2007, de 12 de noviembre) como en el Catálogo Oficial de Razas de Ganado de España (Orden APA/53/2007, de 17 de enero). A ello debemos añadir la reciente inclusión en el Catálogo oficial de Razas de Ganado de España del **Manchado de Jabugo** como variedad del Cerdo Ibérico (Orden APA/3628/2007, de 5 de diciembre), sin que se haya incluido aún su descripción específica en el Libro Genealógico.

La diferenciación de estas estirpes se ha basado tradicionalmente en criterios morfológicos y fanerópticos; si bien, de un tiempo a esta parte, diversos autores han estudiado esta diversidad intrarracial a partir de caracteres productivos, reproductivos y de diferencias genéticas, confirmando la gran riqueza interna del Cerdo Ibérico, sustentada en caracteres que van más allá de los exterioristas, lo que unido a la calidad de sus productos determinan un patrimonio genético singular y autóctono de la Península Ibérica de incalculable valor.

Nuestro grupo de investigación lleva estudiando la caracterización de la diversidad intrarracial del Ibérico desde la década de los noventa. La firma en junio de 2005 de un convenio de investigación con la Consejería de Agricultura y Pesca de la Junta de Andalucía, para el diseño de una herramienta de control y trazabilidad genética en productos del porcino ibérico, con una primera fase de caracterización genética de las actuales subpoblaciones, ha venido a reforzar el estudio genético de estas estirpes y líneas del Ibérico, y ha servido para apoyar el reconocimiento oficial de dichas estirpes. A su vez, desde la sección de calidad cárnica de nuestro grupo, y partiendo de las estirpes oficialmente reconocidas, se llevó a cabo, con financiación del M.A.P.A., un estudio sobre las diferencias fisicoquímicas, por estirpe, del solomillo (*Illiopsoas* y *Psoas menor*), al tratarse de una pieza cárnica para consumo en fresco de gran valor regulada por la nueva Norma de Calidad (R.D. 1469/2007, de 2 de noviembre). Dicho estudio se complementó con un análisis del comportamiento productivo de las estirpes a partir de los registros del esquema de selección cedidos por AECERIBER.

Material y métodos

Para la caracterización genética muestreamos 400 animales representantes de las principales subpoblaciones del Cerdo Ibérico (Alentejano, Manchado de Jabugo, Negro de los Pedroches, Negro Lampiño, Entrepelado, Torbiscal y las líneas Mamellado, Silvela, Villalón y Valdesequera de Retinto). Las muestras consistieron en sangre entera extraída mediante sistema Vacutainer®. Tras la extracción del ADN con un kit comercial (Dominion mbl®, Córdoba, España), amplificamos, mediante PCR, un panel de 35 microsatélites del ADN entre los que se encuentran los recomendados por la FAO para la caracterización de

poblaciones porcinas (FAO, 2004). Los productos de la PCR se sometieron a electroforesis en un secuenciador automático ABI 3130X (Applied Biosystems, Foster City, USA), y se tipificaron los alelos con el software *GeneMapper 4.0*. Mediante el software *Genetix 4.05*, obtuvimos los valores de heterocigosidad esperada y observada, los estadísticos F de Wright (Wright, 1978), y demás parámetros de diferenciación genética entre las subpoblaciones estudiadas.

Para el estudio de las diferencias físicas y químicas, por estirpe, de los productos cárnicos, tomamos el solomillo (*Illiopsoas* y *Psoas menor*) izquierdo de diez animales de cada estirpe a estudiar (Negro Lampiño, Entrepelado, Retinto y Torbiscal), así como otros tantos de animales cruzados al 50% con Duroc, en representación del grueso de la producción que se comercializa como Ibérico. Los animales fueron criados en sistema semi-extensivo con un mismo manejo y alimentados con un pienso de similar composición. Sobre las muestras se llevaron a cabo las pruebas laboratoriales físicas y químicas que recogemos en la tabla 1.

Complementariamente analizamos el comportamiento productivo de estas estirpes en montanera y matadero, comparando sus resultados con los de cerdos ibéricos puros sin adscripción a estirpe concreta ("mixto") que generalmente tienen base genética Retinta. Para ello nos basamos en los registros del núcleo de control del esquema de selección tutelado directamente por AECERIBER, seleccionando los datos de la última montanera en la que, en suficiente número, se controlaron animales de las cuatro estirpes (campana de 2003). Tanto estos registros productivos como los físicoquímicos del solomillo fueron procesados con el programa *Statistica 6.0*.

Resultados y discusión

Los valores para el estadístico de diferenciación genética (F_{ST}) obtenidos mediante el análisis de las frecuencias alélicas en las subpoblaciones estudiadas reflejan, en general, una alta diferenciación genética entre estas subpoblaciones (tabla 2). Destaca el Mancha-

Tabla 1. Pruebas laboratoriales llevadas a cabo con los solomillos
Table 1. Laboratory tests carried out with the tenderloins

Prueba	Técnica
pH	Mediante pH-metro Crison pH-meter 507
Color físico, coordenadas tricromáticas L*, a* y b* (CIE, 1976)	Con espectrocolorímetro Minolta CM-2500d
Capacidad de retención de agua (CRA)	Por presión el método de presión de Grau y Hamm, 1953
Textura instrumental	Mediante texturómetro TA-XT2 (Stable Microsystem, UK)
Color químico (pigmentos hemínicos)	Por la técnica de Hornsey, 1956
Proteína total %	Por la técnica de Kjeldal
Grasa intramuscular (GIM) %	Mediante la técnica de Soxhlet
Composición lipídica de la GIM %	Mediante cromatografía de gases, según Aldai et al., 2006

Tabla 2. Matriz de diferenciación genética F_{ST} (sobre la diagonal) y flujo genético (Nm) (bajo la diagonal) entre las poblaciones estudiadas (estirpes y líneas de Ibérico)

Table 2. Genetic differentiation matrix (F_{ST}) (over the diagonal) and gene flow (Nm) (under the diagonal) among the studied population (Iberian Pig strains and lines)

Nm/ F_{ST}	ALE	MDJ	NDP	ENT	LAM	VAL	SIL	TOR	VIL	MAM
ALE	—	0,25	0,11	0,08	0,17	0,21	0,13	0,20	0,19	0,12
MDJ	0,75	—	0,28	0,22	0,29	0,37	0,29	0,32	0,39	0,27
NDP	1,95	0,65	—	0,09	0,16	0,25	0,13	0,16	0,17	0,11
ENT	2,85	0,89	2,40	—	0,17	0,16	0,09	0,15	0,14	0,07
LAM	1,18	0,60	1,26	1,21	—	0,29	0,18	0,20	0,24	0,20
VAL	0,95	0,42	0,75	1,35	0,62	—	0,19	0,31	0,31	0,16
SIL	1,70	0,61	1,59	2,57	1,13	1,07	—	0,16	0,16	0,10
TOR	1,00	0,54	1,33	1,41	1,00	0,57	1,28	—	0,24	0,20
VIL	1,09	0,39	1,19	1,60	0,81	0,56	1,32	0,79	—	0,19
MAM	1,77	0,68	1,98	3,09	1,03	1,33	2,35	0,98	1,08	—

ALE: Alentejana; MDJ: Manchado de Jabugo; NDP: Negro de los Pedroches; ENT: Entrepelado; LAM: Lampiño; VAL: Valdesequera; SIL: Silvela; TOR: Torbiscal; VIL: Villalón; MAM: Mamellado.

do de Jabugo por sus elevados valores de F_{ST} , presentando a su vez los más bajos de flujo genético (Nm). En el extremo opuesto se sitúa la estirpe Entrepelado. A su vez llama la atención el alto valor de F_{ST} encontrado entre Valdesequera y Villalón (0,31), ya que se trata de dos líneas de la estirpe Retinto a las que se les atribuye un origen común (Clemente et al., 2006). Por otro lado, los valores de los estadísticos F de Wright (F_{ST} , F_{IS} y F_{IT}) medios para las subpoblaciones analizadas (tabla 3) denotan no sólo la alta diferenciación genética entre estas subpoblaciones, sino también el importante grado de consanguinidad interno en cada una de ellas.

Respecto al estudio de la calidad cárnica de los solomillos por estirpe. En la tabla 4 podemos apreciar como los animales cruzados mostraron los solomillos más grandes (807,69 g) con además el mejor rendimiento respecto de la canal (0,59 %). Les siguieron los de Lampiño, que fue la estirpe que presentó los solomillos más pesados (703,65 g), a pesar de su menor peso canal (127 kg), con un rendimiento del 0,56 %. Esta estirpe contrastó con Torbiscal que, con los solomillos más ligeros (647,05 g) y la canal más pesada de todas (138 kg), mostró el valor de rendimiento de solomillos más pobres (0,47 %).

Tabla 3. Valores de los estadísticos F de Wright medios entre las subpoblaciones de Cerdo Ibérico

Table 3. Wright's F-Statistics among the studied Iberian pig subpopulations

Estadístico F	Valor	Intervalo de confianza (95%)
F_{ST}	0,19	0,17 - 0,21
F_{IS}	0,08	0,04 - 0,12
F_{IT}	0,25	0,22 - 0,29

Tabla 4. Pesos y rendimientos de los solomillos de Cerdo Ibérico por estirpe
 Table 4. Weights and performances of Iberian Pig tenderloins, by strain

Estirpe	Peso medio canal (kg)	Peso medio solomillos (g)	% solomillos sobre la canal
Lampião	127	703,65	0,56
Entrepelado	134	690,95	0,51
Retinto	128	660,35	0,52
Torbiscal	138	647,05	0,47
Cruzado	136,6	807,69	0,59

En cuanto a las pruebas laboratoriales físicas y químicas, cuyos resultados exponemos en la tabla 5, podemos concluir que la carne de Lampião, Entrepelado y Retinto se caracteriza por ser más oscura y roja, y por presentar a su vez mayor porcentaje de agua retenida y de Mioglobina, que la carne de Torbiscal y del cruce con Duroc. Del mismo modo, y en consonancia con los resultados de Ventanas (2006), el estudio refleja la superior calidad de los productos del Ibérico puro (representado por las cuatro estirpes) respecto del cruce con Duroc al 50%, evidenciándose por un mayor porcentaje de proteína e infiltración grasa intramuscular (GIM), destacando la estirpe Negro Lampião por sus mayores niveles. Respecto a la composición lipídica de la grasa intramuscular, encontramos en los solomillos valores similares a los reportados en otros estudios llevados a cabo con lomo (*Longissimus dorsi*) (Estévez et al., 2003; Muriel, et al., 2004). Podemos decir que, en general, los animales estudiados no se diferenciaron en los ácidos grasos mayoritarios, aunque sí se observaron diferencias significativas en ácidos grasos minoritarios que pudieran influir en las características organolépticas finales de los productos. También debemos mencionar que en nuestro estudio, y a diferencia de los realizados con lomo, hemos encontrado diferencias significativas entre estirpes para el C16:0

(palmítico). Asimismo, podemos apreciar (tabla 5) como el grado de poli-insaturación de la grasa fue mayor en los solomillos de los animales puros, mientras que los cruzados mostraron mayor porcentaje de grasas saturadas en su carne, acompañándoles en ello la estirpe Torbiscal con análogo grado de saturación.

Por último, los datos productivos por estirpe (tabla 6) reflejan la supremacía de Torbiscal, que destaca tanto en crecimiento (GMD) como en peso de sus piezas nobles; si bien esta estirpe expresa los peores rendimientos, en porcentaje de la canal, de estas piezas nobles. En el extremo opuesto se encuentra Lampião, que, con los valores productivos más pobres, destaca por el rendimiento a la canal de sus piezas nobles. Retinto y Entrepelado, por su parte, reflejan valores intermedios entre los de Lampião y Torbiscal, siendo estirpes muy compensadas para los diferentes parámetros productivos. Por otro lado, los denominados "mixtos" (sin adscripción a estirpe) arrojan valores similares a los de Retinto, como cabría esperar, ya que esta estirpe forma la base genética mayoritaria de estos Ibéricos "mixtos".

Los resultados hasta ahora expuestos, junto con los obtenidos en diversos estudios morfológicos (Mata et al., 1998; Pardo et al., 1998; Cabello, 2004) y reproductivos (tabla 7), ava-

Tabla 5. Resultados de las pruebas fisicoquímicas de los solomillos de Ibérico por estirpe
 Table 5. Results of physical and chemical tests of Iberian Pork tenderloins by strain

	Lampión	Entrepelado	Retinto	Torbiscal	Cruzado	
Color L*	31.37±0.639b	31.58±0.608b	30.06±0.626b	36.99±0.632a	38.28±0.620a	***
Color a*	12.87±0.529b	14.25±0.504ab	14.53±0.518a	10.11±0.523c	10.24±0.513c	***
Color b*	9.54±0.356b	12.54±0.339a	12.36±0.349a	5.04±0.352d	6.89±0.346c	***
Texturómetro (kg/cm ²)	4.56±0.313	4.63±0.298	4.53±0.306	4.98±0.309	4.89±0.303	ns
CRA (%)	17.06±0.748a	14.98±0.712ab	16.54±0.733ab	12.86±0.739bc	12.53±0.726c	***
Humedad (%)	74.21±0.456a	73.91±0.434b	74.13±0.447a	74.79±0.451a	74.92±0.442a	***
Ceniza (%)	1.03±0.037c	1.24±0.035b	1.41±0.036a	1.17±0.037b	1.03±0.036c	***
Proteína (%)	23.74±0.527a	21.86±0.502b	22.48±0.517b	23.34±0.521ab	19.78±0.512c	***
GIM (%)	5.28±0.255a	4.86±0.234b	4.47±0.246b	4.45±0.250b	3.92±0.242c	***
Mb (mg/100g)	4.94±0.182ab	5.26±0.173a	4.81±0.178b	3.80±0.180c	3.25±0.177d	***
SFA	38.24±0.680b	38.55±0.648b	38.09±0.667b	40.42±0.673a	41.32±0.660a	**
MUFA	45.22±1.072	43.68±1.020	43.21±1.050	43.08±1.060	44.54±1.040	ns
PUFA	16.53±1.175a	17.76±1.105a	18.69±1.145a	16.48±1.159a	14.13±1.131b	*
PUFA/SFA	0.43±0.043a	0.46±0.041a	0.49±0.043a	0.41±0.043a	0.34±0.042b	*
n-6/n-3	9.72±0.555	10.29±0.529	9.78±0.544	10.46±0.549	10.42±0.539	ns

Tabla 6. Parámetros productivos del Cerdo Ibérico por estirpe
 Table 6. Productive parameters of Iberian Pig Breed by strain

	Lampiño	Entrepelado	Retinto	Torbiscal	"Mixto"
GMD (g/d)	503 ± 39,19	547 ± 13,64	625 ± 9,04	650 ± 40,71	628 ± 15,36
Peso (kg)	144 ± 4,54	156 ± 1,20	162 ± 0,86	172 ± 2,50	168 ± 1,75
P. canal (kg)	110,3 ± 4,28	123,7 ± 1,05	129,5 ± 0,73	138,4 ± 2,16	134,9 ± 1,50
Rto. Canal (%)	76,51 ± 1,14	79,09 ± 0,18	80,18 ± 0,11	80,52 ± 0,27	80,24 ± 0,18
P. jamones (kg)	19,97 ± 0,67	20,92 ± 0,19	21,18 ± 0,10	22,14 ± 0,23	21,98 ± 0,22
P. paletas (kg)	12,61 ± 0,50	14,32 ± 0,16	14,53 ± 0,07	14,19 ± 0,23	14,60 ± 0,13
P. lomos (kg)	2,83 ± 0,26	2,86 ± 0,05	2,73 ± 0,03	3,08 ± 0,06	2,96 ± 0,06
P. grasa (kg)	11,88 ± 1,49	11,65 ± 0,45	12,05 ± 0,24	9,79 ± 0,72	10,83 ± 0,52
% jamones	18,10 ± 0,28	16,91 ± 0,14	16,35 ± 0,07	15,98 ± 0,20	16,28 ± 0,13
% paletas	11,43 ± 0,22	11,57 ± 0,12	11,21 ± 0,05	10,24 ± 0,09	10,82 ± 0,12
% lomos	2,56 ± 0,20	2,30 ± 0,04	2,10 ± 0,02	2,22 ± 0,04	2,19 ± 0,04
% grasa	10,87 ± 1,08	9,37 ± 0,34	9,20 ± 0,18	7,10 ± 0,76	8,06 ± 0,23
% piezas nobles	32,10 ± 0,71	30,79 ± 0,22	29,67 ± 0,12	28,46 ± 0,50	29,30 ± 0,25

Tabla 7. Parámetros reproductivos del Cerdo Ibérico por estirpe
 Table 7. Reproductive parameters of Iberian Pig Breed by strain

	Lampiño	Entrepelado	Retinto	Torbiscal	Manchado de Jabugo
Lechones nacidos vivos	5,82	6,07	6,29	7,82	7,81
Lechones destetados	4,94	5,84	6,24	6,82	6,46
Carácter maternal	**	***	****	***	***

Adaptado de Suárez *et al.*, 2002
 Adapted from Suárez *et al.*, 2002

lan la incuestionable existencia de una diversidad intrarracial en el Cerdo Ibérico bien caracterizada desde diferentes aspectos, destacando las estirpes que recientemente han obtenido un reconocimiento oficial tanto en

el Libro Genealógico como en el Catálogo Oficial de Razas de Ganado de España. Finalmente, de forma didáctica exponemos una posible estructuración de esta agrupación racial Cerdo Ibérico (figura 1).

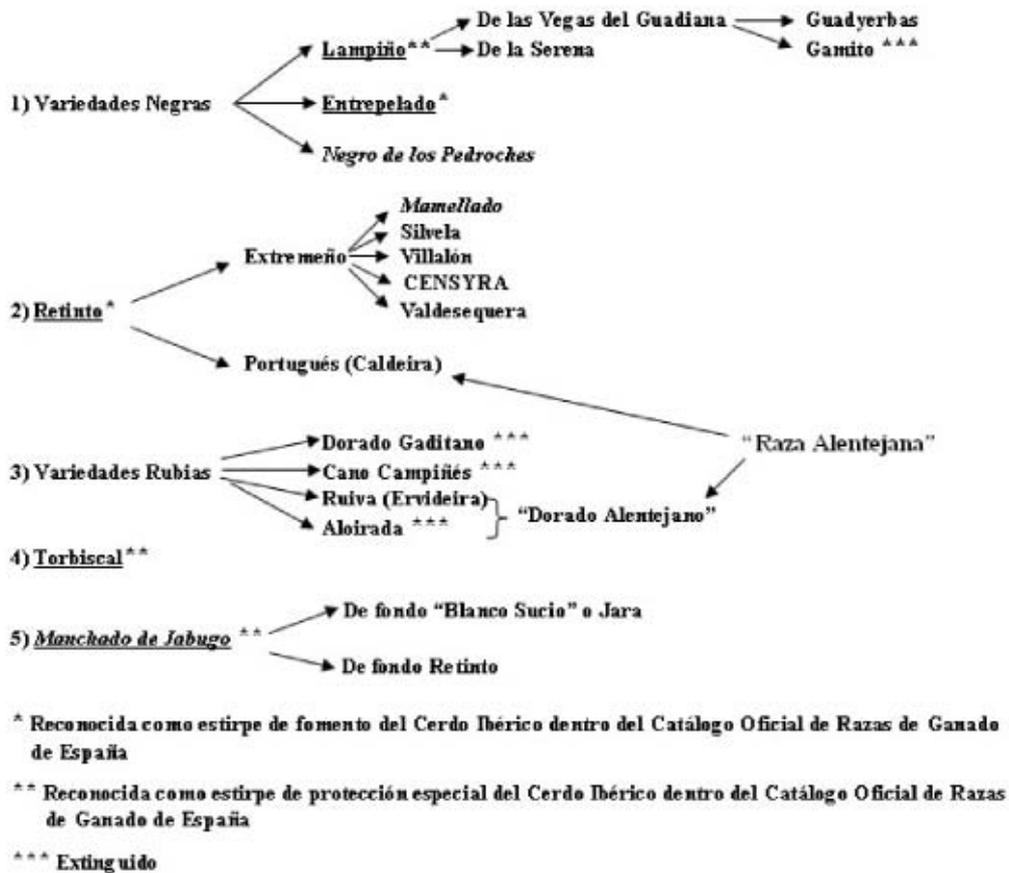


Figura 1. Clasificación de las estirpes y líneas del Cerdo Ibérico.
 Figure 1. Classification of strains and lines of Iberian Pig Breed.

Bibliografía

Aldai N, Osoro K, Barron LJR, Najera AI, 2006. Gas-liquid chromatographic method for analysing complex mixtures of fatty acids including conjugated linoleic acids (cis9-trans11 and trans10-cis12 isomers) and long-chain (n-3 or n-6) polyunsaturated fatty acids - Application to the intramuscular fat of beef meat. *J. Chromatogr. A.* 1110, 133-139.

Cabello A, 2004. Contribución a la diferenciación morfológica de las variedades del cerdo ibérico como base para su conservación. Tesis doctoral.

Departamento de Genética. Universidad de Córdoba.

CIE, 1976. Committee TC.13.CIE. Proposal for study of color spaces and color difference equations. *J. Opt. Soc. Am.*, 64, 896-897.

Clemente I, Membrillo A, Azor PJ, Dorado G, Rodero A, Molina A, 2006. Algunas consideraciones sobre las diferentes clasificaciones del tronco porcino ibérico: una propuesta integradora. *Solo Cerdo Ibérico*, 16, 7-18.

Estévez M, Morcuende D, Cava R, 2003. Physicochemical characteristics of M. Longissimus dorsi from three lines of free-range reared

- Iberian pigs slaughtered at 90 kg live-weight and commercial pigs: a comparative study. *Meat Sci.*, 64, 499-506.
- FAO, 2004. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Measurement of domestic animal diversity (MoDAD): recommended microsatellite markers. Rome, Italy.
- Grau R, Hamm R, 1953. Eine einfache methode zur bestimmung der wasserbindung in muskel. *Naturwissenschaften*, 40, 29-30.
- Hornsey HC, 1956. The color of cooked cured pork. 1. Estimation of the nitric oxide-haem pigments. *J. Sci. Food Agric.*, 7, 534-540.
- Mata C, Pardo J, Barba C, Rodero A, Delgado JV, Molina A, Diéguez E, Cañuelo P, 1998. Estudio morfométrico en las variedades negras del cerdo ibérico. *Arch. Zootec*, 47.
- Muriel E, Ruiz J, Ventanas J, Petró M y Antequera T, 2004. Meat quality characteristics in different lines of Iberian pigs. *Meat Sci.*, 67, 299-307.
- Pardo J, Mata C, Barba C, Rodero A, Delgado JV, Molina A, Diéguez E, Cañuelo P, 1998. Estudio morfométrico en las variables rojas del cerdo ibérico y Manchado de Jabugo. *Arch. Zootec*, 47.
- Suárez MV, Barba C, Forero J, Sereno J.R.B, Diéguez E, Delgado JV, 2002. Caracterización reproductiva de varias razas porcinas de origen ibérico. I Análisis descriptivo. *Arch. Zootec*, 51.
- Ventanas S, 2006. Influencia de la raza y de la alimentación sobre el contenido y características de la grasa intramuscular del lomo de cerdo ibérico: efecto sobre parámetros determinantes de la calidad. Tesis doctoral. Facultad de Veterinaria. Departamento de Zootecnia. Unidad de Tecnología de los Alimentos. Universidad de Extremadura.
- Wright S, 1978. Evolution and the genetics of populations. Vol IV: Variability within and among natural populations. University of Chicago Press, Chicago.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

Estimación de las relaciones genéticas entre razas caprinas españolas y criollas utilizando microsatélites

P.J. Azor*, M. Valera**, J. Sarria***, J.P. Avilez****, J. Nahed*****,
M. Delgado-Pertíñez**, J.M. Castel**

* Dpto. de Genética. Universidad de Córdoba. Edif. Mendel, Pl baja. Campus de Rabanales. Ctra. Madrid-Cádiz, (N-IV) km 396ª 14071 Córdoba. España.

** Dpto. de Ciencias Agroforestales (EUITA) Universidad de Sevilla. Ctra. de Utrera, km 1. 41013 Sevilla.

*** Facultad de Zootecnia. Universidad Nacional Agraria La Molina. Lima. Perú.

**** Facultad de Recursos Naturales. Escuela Medicina Veterinaria. Universidad Católica de Temuco. Temuco. Chile.

***** División de Sistemas de Producción Alternativos, El Colegio de la Frontera Sur, Carretera panamericana y periférico sur s/n, 29290 San Cristóbal de Las Casas, Chiapas, México

E-mail: ge2azorp@uco.es

Resumen

Se han analizado genéticamente tres poblaciones caprinas Criollas de Perú, México y Chile utilizando marcadores de ADN de tipo microsatélite y se han comparado con las razas españolas Murciano Granadina y Malagueña. Se ha encontrado un número medio de alelos por locus similar en todas las poblaciones (7,3) excepto la población Criolla Chilena que ha mostrado un valor de 5,1, siendo ésta la que ha presentado el valor inferior tanto de heterocigosidad observada (H_o) (0,53) como de esperada (H_e) (0,59), habiendo sido la Criolla Peruana la que ha presentado los mayores valores (0,70 y 0,71 respectivamente). Se ha encontrado un escaso nivel de diferenciación genética entre las poblaciones ($F_{ST} = 0,069$) siendo las diferencias encontradas debidas a los individuos como consecuencia al cruzamiento indiscriminado con otras razas. La población caprina Criolla de Perú es la que más se aproxima genéticamente a las 2 razas españolas analizadas, seguida de la Criolla Mexicana, por último la población criolla Chilena es la que presenta la mayor lejanía genética con el resto de poblaciones estudiadas.

Palabras clave: Caprino Criollo, Caracterización Genética, Microsatélites

Summary

Estimation of genetic relationships between Spanish and Creole goat breeds using microsatellite markers

We have analyzed three Creole goat populations from Peru, Mexico and Chile using microsatellite markers. We have also analyzed the genetic relationship between them and Murciano-Granadina and Malagueña Spanish goat breeds. The average number of alleles per locus was similar in all populations (7.3) except the Chilean Creole (5.1). This Creole goat population has presented the lowest value of observed (H_o) (0.53) and expected (H_e) heterozygosity (0.59). The Peruvian Creole has presented the highest values of H_o (0.70) and H_e (0.71). We have found a scarce level of genetic differentiation between goat populations ($F_{ST} = 0.069$) being more important the individual genetic differences due to crossbreed with several breeds.

The Peruvian Creole was closed to analyzed Spanish breeds, followed by Mexican Creole. Finally the Chilean Creole was the most distant to the others populations.

Key words: Creole Goat, Genetic Characterization, Microsatellite markers

Introducción

El ganado caprino se originó en la cuenca mediterránea y desde ahí se distribuyó por todo el territorio, existiendo animales de esta especie en prácticamente todo el mundo con excepción de las zonas polares y trópicos muy húmedos. Los países de mayor población de cabras son la India y China, que poseen numerosos rebaños de pequeño tamaño. Las cabras fueron introducidas en América por los españoles y portugueses alrededor del siglo XVI (Arbiza Aguirre, 1986; Schapiro y Barahona, 1997). Varios siglos de cría descontrolada y de selección natural han dado lugar a un tipo no bien caracterizado de ganado caprino conocido como Criollo. En términos generales el caprino criollo es policrómico y polimórfico variando según las regiones. Es un animal rústico que se adapta a una gran variedad de ambientes con condiciones climáticas extremas (Deza *et al.*, 2003). Su productividad puede estar limitada por razones nutricionales y de manejo (Barioglio *et al.*, 1997) y en algunas zonas y ganaderías también por razones genéticas (FAO, 1987).

En el caso de Perú la población de ganado caprino global está alrededor de 1.950.000 animales. La raza caprina predominante en el país es la Criolla, sin embargo en los últimos años se han introducido diferentes razas de aptitud carnífera y de doble aptitud como la Anglo Nubiana que han servido para mejorar la productividad del caprino criollo. El caprino Criollo es rústico, se adapta a una amplia gama de ambientes pero es de bajo nivel productivo.

México es el primer productor de caprino de América Latina con más de 9 millones de cabezas, seguido de Brasil. Se estima que aproximadamente 150.000 productores a nivel nacional dependen total o parcialmente de esta especie. El fenotipo predominante en la zona es el criollo que proviene del

cruzamiento de los animales criollos con las razas Anglo-Nubiana y Alpina (Medrano, 2000).

En Chile, el 80% de los caprinos corresponde a animales criollos provenientes de cruces con cabras originarias de España y otras cabras de origen europeo. Esta situación hace que exista una gran variabilidad, incluso en animales de un mismo rebaño. En general, se trata de animales de varios colores de capas y con producciones muy variables de carne y leche. Entre las razas o tipos de cabras que pueden encontrarse en Chile, destacan la Criolla, con alrededor del 80% del censo.

En el presente trabajo analizamos el nivel de variabilidad genética y las relaciones genéticas existentes de las principales razas caprinas españolas de producción de leche, Murciano Granadina y Malagueña, con las poblaciones criollas de Perú, México y Chile utilizando marcadores de ADN de tipo microsatélite.

Material y métodos

Se han obtenido muestras de sangre mediante punción de la vena yugular a 25 animales de la raza caprina Murciano Granadina y a 25 de la raza Malagueña. Se han obtenido muestras de pelo de 18 animales de una población criolla de Perú, de 16 animales de una población criolla de México y 15 de otra de Chile. El ADN se extrajo a partir de sangre utilizando el método propuesto por Miller *et al.* (1988) utilizando proteinasa K para la digestión. En el caso de las muestras de pelo se utilizó además fenol-Cloroformo. Se han amplificado 10 microsatélites de ADN (tabla 1) mediante PCR en un termociclador en los 99 animales muestreados. Los fragmentos amplificados fueron analizados en un secuenciador automático capilar ABI

Tabla 1. Microsatélites analizados, heterocigosidad observada (H_o) y Contenido de Información Polimórfica (PIC) por microsatélite
 Table 1. Microsatellite markers analyzed, observed heterozygosity (H_o) and Polomorphic Content (PIC) in each microsatellite

Locus	H_o	PIC
BMS356	0,767	0,728
BMS975	0,685	0,655
HMH1R	0,814	0,791
ILSTS011	0,728	0,689
INRA026	0,879	0,867
MCM527	0,798	0,773
TGLA53	0,611	0,584
CSRM60	0,766	0,735
ETH225	0,228	0,216
CSSRM66	0,893	0,884

3130 (Applied Biosystems). Los alelos fueron tipificados con el software *GeneMapper v3.7*. El análisis estadístico de los datos se ha realizado utilizando el programa informático *Molkin 3.0* (Gutiérrez et al., 2005) y *Genetix 4.05* (Belkhir et al., 2001). Los estadísticos F de Wright (1965) fueron calculados según la metodología propuesta por Weir y Cockerham (1984). Se ha calculado la distancia genética de Reynolds (Reynolds et al., 1983) entre las 5 razas analizadas y se ha representado la matriz de distancias con el paquete informático *Phylip 3.65* utilizando el algoritmo UPGMA.

Resultados y discusión

Los valores de heterocigosidad de cada uno de los marcadores analizados en las 5 poblaciones caprinas se muestran en la tabla 1. Todos han sido polimórficos a pesar del bajo valor de heterocigosidad mostrado por el microsatélite ETH225. El marcador CSSRM66 ha sido el que ha manifestado los mayores valo-

res de heterocigosidad (89%) y de Contenido de Información Polimórfico (PIC) (0,88) (tabla 1).

Todas las poblaciones caprinas estudiadas han mostrado un número medio de alelos por locus similar (7,3) excepto la población Criolla Chilena que ha mostrado un valor de 5,1 (tabla 2). De la misma forma ha sido la población caprina Criolla de Chile la que ha presentado el valor inferior tanto de H_o (0,53) como de H_e (0,59), siendo la Criolla Peruana la que ha presentado los mayores valores (0,70 y 0,71 respectivamente).

Al estudiar la variabilidad genética dentro y entre poblaciones mediante los estadísticos F de Wright hemos obtenido un valor para el parámetro F_{IS} de 0,087 (tabla 3). Este valor nos indica el nivel de variabilidad existente dentro de razas. Cuando este valor se aproxima a 1 estaríamos ante una población consanguínea. Este valor ha oscilado entre 0,004 de la población criolla Peruana y 0,137 de la Criolla Mexicana (tabla 2). El valor del parámetro F_{IT} ha sido de 0,112 indicativo del nivel de variabilidad en las 5 poblaciones en conjunto. El coeficiente de diferenciación genética ha

Tabla 2. Número medio de alelos por locus (N_a), heterocigosidad observada (H_o) y esperada (H_e) y valores de F_{IS} en cada una de las poblaciones analizadas
 Table 2. Average number of allele per locus (N_a), observed (H_o) and expected heterozygosity (H_e) and F_{IS} values in each analyzed breed

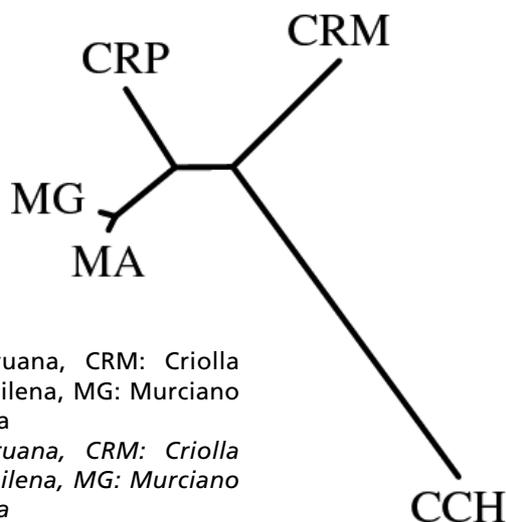
	n	N_a	H_o	H_e	F_{IS}
Criolla Peruana	18	7,3000	0,7076	0,7133	0,004
Criolla Mejicana	16	7,2000	0,5904	0,6828	0,137
Criolla Chilena	15	5,1000	0,5382	0,5935	0,076
Malagueña	25	7,4000	0,6452	0,6946	0,070
Murciano-Granadina	25	7,3000	0,6812	0,7065	0,034

Tabla 3. Estadísticos F de Wright entre las 5 razas caprinas analizadas
 Table 3. Wright' F-statistic in five goat populations analyzed

Entre poblaciones	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
Estadísticos F	0,0879	0,1124	0,0269
Intervalo de confianza al 95%	-0,0121-0,1871	0,0220-0,2085	0,0114-0,0489

sido del 0,0269, lo que indica que el 2,7 % de la variabilidad genética total se debe a diferencias entre las poblaciones, el resto es debida a diferencias entre individuos. Este bajo nivel de diferenciación genética existente entre las poblaciones es debido a la gran variabilidad existente tanto fenotípica como genética en las poblaciones criollas debido al cruzamiento indiscriminado con otras razas sin unos objetivos bien definidos de selección (Medrano, 2000; Deza et al., 2003).

Al representar gráficamente las distancias genéticas en un árbol (figura 1) observamos la mayor proximidad genética entre las razas españolas (Murciano-Granadina y Malagueña). La población caprina Criolla de Perú es la que más se aproxima genéticamente a las 2 razas españolas analizadas, seguida de la Criolla Mexicana, por último la población criolla Chilena es la que presenta la mayor lejanía genética con el resto de poblaciones estudiadas.



Donde: CRP: Criolla Peruana, CRM: Criolla Mexicana, CCH: Criolla Chilena, MG: Murciano Granadina, MA: Malagueña
 Where: CRP: Criolla Peruana, CRM: Criolla Mexicana, CCH: Criolla Chilena, MG: Murciano Granadina, MA: Malagueña

Figura 1. Árbol filogenético representado con el método UPGMA a partir de la matriz de distancias de Reynolds.

Figure 1. Phylogenetic tree represented using UPGMA method based in Reynolds genetic distance.

Bibliografía

- Arbiza Aguirre SI, 1986. Producción de caprinos. AGT. EDITOR S.A. México, 695 pp.
- Barioglio C, Deza C, Arias M, Varela L, Bonardi C, Villar M, 1997. Evaluación de algunos parámetros reproductivos en cabras regionales. *Agriscientia*, XIV, 37-42.
- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F, 2001. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, France.
- Deza C, Bascur I, Pérez G, Díaz MP, Barioglio CF, 2003. Identificación de variables morfoestructurales y de polimorfismos sanguíneos para la caracterización de cabras criollas en el NO de Córdoba, Argentina. *Agriscientia*, XX, 69-77.
- FAO, 1987. Oficina Regional para América Latina y el Caribe. Tecnología de la Producción Caprina. Santiago. Chile. Series Técnicas. 240 pp.
- Gutiérrez JP, Royo LJ, Álvarez I, Goyache F, 2005. MolKin: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *J. Hered.*, 96, 718-721.
- Medrano JA, 2000. Recursos animales locales del centro de México. *Arch. Zootec.* 49: 385-390.
- Miller SA, Dykes DD, Polesky HF, 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res.*, 16, 1215.
- Reynolds J, Weir BS, Cockerham CC, 1983. Estimation on the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105, 767-779.
- Schapiro A, Barahona M, 1997. Lechería caprina nacional. Información Básica. Secretaría de Agricultura, Ganadería y Pesca de la Nación Argentina.
- Weir BS, Cockerham CC, 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38, 1358-70.
- Wright S, 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19, 395-420.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)

**PREMIOS DE PRENSA AGRARIA 2008
DE LA
ASOCIACIÓN INTERPROFESIONAL
PARA EL DESARROLLO AGRARIO**

La Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario (AIDA) acordó en Asamblea General celebrada en mayo de 1983, instaurar un premio anual de Prensa Agraria, con el objetivo de hacer destacar aquel artículo de los publicados en ITEA que reúna las mejores características técnicas, científicas y de valor divulgativo, y que refleje a juicio del jurado, el espíritu fundacional de AIDA de hacer de transmisor de conocimientos hacia el profesional, técnico o empresario agrario. Se concederá un premio y un accésit, pudiendo quedar desierto.

Los premios se regirán de acuerdo a las siguientes

BASES

1. Podrán concursar todos los artículos que versen sobre cualquier tema técnico-económico-agrario.
2. Los artículos que podrán acceder a los premios serán todos aquellos que se publiquen en ITEA en el año 2007. Consecuentemente, los originales deberán ser enviados de acuerdo con las normas de ITEA y aprobados por su Comité de Redacción.
3. El jurado estará constituido por las siguientes personas:
 - a) Presidente de AIDA, que presidirá el jurado.
 - b) Director de la revista ITEA, que actuará de Secretario.
 - c) Director Gerente del CITA (Diputación General de Aragón).
 - d) Director del Instituto Agronómico Mediterráneo de Zaragoza.
 - e) Director de la Estación Experimental de Aula Dei.
4. Los premios serán anuales y con una dotación económica.
5. Las deliberaciones del jurado serán secretas, y su fallo inapelable.
6. El fallo del jurado se dará a conocer en la revista ITEA, y la entrega del premio se realizará con motivo de la celebración de las Jornadas de Estudio de AIDA.



CENTRO INTERNACIONAL DE ALTOS ESTUDIOS AGRONÓMICOS MEDITERRÁNEOS
INSTITUTO AGRONÓMICO MEDITERRÁNEO DE ZARAGOZA

CIHEAM/IAMZ - Cursos 2007-08-09

CIHEAM

	CURSOS	FECHAS	LUGAR	ORGANIZACIÓN
PRODUCCIÓN VEGETAL	*OLIVICULTURA Y ELAIOTECNIA	24 Sep. 07/29 Mayo 08	Córdoba	UCO/JA/CSIC/COI/INIA/IAMZ
	MÉTODOS ESTADÍSTICOS EN GENÓMICA DE PLANTAS	18-29 Feb. 08	Zaragoza	IAMZ/Generation Challenge Program
	TENDENCIAS ACTUALES EN AGRICULTURA DE CONSERVACIÓN EN CONDICIONES MEDITERRÁNEAS	31 Mar./4 Abr. 08	Zaragoza	IAMZ/ICARDA/FERT
	CULTIVOS ENERGÉTICOS SOSTENIBLES EN EL MEDITERRÁNEO	5-9 Mayo 08	Zaragoza	IAMZ
	*MEJORA GENÉTICA VEGETAL	29 Sep. 08/5 Jun. 09	Zaragoza	IAMZ/UdL
	GESTIÓN DE RIESGOS EN LA AGRICULTURA MEDITERRÁNEA: SEGUROS AGRARIOS	24-28 Nov. 08	Zaragoza	IAMZ/MAPA-ENESA/MAPFRE
PRODUCCIÓN ANIMAL	*NUTRICIÓN ANIMAL	1 Oct. 07/6 Jun. 08	Zaragoza	IAMZ/UZ/FEDNA
	*MEJORA GENÉTICA ANIMAL Y BIOTECNOLOGÍA DE LA REPRODUCCIÓN	1 Oct. 07/6 Jun. 08	Valencia/Barcelona	UPV/UAB/IAMZ/IVIA/INIA/IRTA
	MÉTODOS ESTADÍSTICOS EN GENÓMICA ANIMAL	15-19 Sep. 08	Zaragoza	IAMZ
	ANÁLISIS Y EVALUACIÓN PROSPECTIVA DE SISTEMAS DE PRODUCCIÓN DE RUMIANTES	23-27 Feb. 09	Zaragoza	IAMZ
	CONTROL Y ERRADICACIÓN DE ENFERMEDADES ANIMALES REPRESENTATIVAS EN EL MEDITERRÁNEO	30 Mar./3 Abr. 09	Zaragoza	IAMZ/OIE
	PRODUCCIÓN ANIMAL Y GESTIÓN DEL MEDIO AMBIENTE	25-29 Mayo 09	Zaragoza	IAMZ

(* **Cursos de Especialización de Postgrado** del correspondiente Programa Master of Science (*marcados con asterisco en el listado). Se desarrollan cada dos años:

- MEJORA GENÉTICA VEGETAL: 08-09; 10-11; 12-13
- OLIVICULTURA Y ELAIOTECNIA: 07-08; 09-10; 11-12
- NUTRICIÓN ANIMAL: 07-08; 09-10; 11-12
- MEJORA GENÉTICA ANIMAL Y BIOTECNOLOGÍA DE LA REPRODUCCIÓN: 07-08; 09-10; 11-12
- PLANIFICACIÓN INTEGRADA PARA EL DESARROLLO RURAL Y LA GESTIÓN DEL MEDIO AMBIENTE: 08-09; 10-11; 12-13
- MARKETING AGROALIMENTARIO: 07-08; 09-10; 11-12
- ACUICULTURA: 08-09; 10-11; 12-13
- ECONOMÍA Y GESTIÓN DE LA ACTIVIDAD PESQUERA: 08-09; 10-11; 12-13

Se destinan primordialmente a titulados superiores en vías de especialización de posgrado. No obstante se estructuran en unidades independientes para facilitar la asistencia de profesionales interesados en aspectos parciales del programa. Los participantes que cumplan los requisitos académicos pueden optar a la realización del 2º año para la obtención del Título Master of Science. El plazo de inscripción para los cursos de Mejora genética vegetal, Planificación integrada para el desarrollo rural y la gestión del medio ambiente, Acuicultura y Economía y gestión de la actividad pesquera finaliza el 2 de Mayo 2008. El plazo de inscripción para el curso de Olivicultura y elaiotecnica finaliza el 15 de Abril 2009. El plazo de inscripción para los cursos de Nutrición animal, Mejora genética animal y biotecnología de la reproducción y Marketing agroalimentario finaliza el 2 de Mayo 2009.

Los cursos de corta duración están orientados preferentemente a investigadores y profesionales relacionados en el desarrollo de sus funciones con la temática de los distintos cursos. El plazo de inscripción para los cursos de corta duración finaliza 90 días antes de la fecha de inicio del curso.

Becas. Los candidatos de países miembros del CIHEAM (Albania, Argelia, Egipto, España, Francia, Grecia, Italia, Líbano, Malta, Marruecos, Portugal, Túnez y Turquía) podrán solicitar becas que cubran los derechos de inscripción, así como becas que cubran los gastos de viaje y de estancia durante el curso. Los candidatos de otros países interesados en disponer de financiación deberán solicitarla directamente a otras instituciones nacionales o internacionales.

No obstante, en algunos cursos coorganizados con otras instituciones pueden existir becas destinadas a candidatos de algunos países no miembros del CIHEAM. Se recomienda consultar el correspondiente apartado de becas en el folleto informativo que se edita específicamente para cada uno de los cursos programados.

	CURSOS	FECHAS	LUGAR	ORGANIZACIÓN
MEDIO AMBIENTE	DISEÑO Y EJECUCIÓN DE PLANES DE GESTIÓN DE SEQUÍA: ORGANIZACIÓN, METODOLOGÍA Y ACTUACIONES	4-8 Feb. 08	Zaragoza	IAMZ/ICARDA/ FAO/ MEDROPLAN- MEDA Water
	INDICADORES AGROAMBIENTALES Y DE DESARROLLO COMO HERRAMIENTAS DE APOYO A LA GESTIÓN SOSTENIBLE DEL MEDIO RURAL	14-18 Abr. 08	Zaragoza	IAMZ
	RESTAURACIÓN ECOLÓGICA DE RÍOS MEDITERRÁNEOS	9-14 Jun. 08	Zaragoza	IAMZ
	*PLANIFICACIÓN INTEGRADA PARA EL DESARROLLO RURAL Y LA GESTIÓN DEL MEDIO AMBIENTE	29 Sep. 08/5 Jun. 09	Zaragoza	IAMZ/UdL
	ECONOMÍA AMBIENTAL Y DE LOS RECURSOS AMBIENTALES	2-13 Feb. 09	Zaragoza	IAMZ
COMERCIALIZACIÓN	*MARKETING AGROALIMENTARIO	1 Oct. 07/6 Jun. 08	Zaragoza	IAMZ
	MARKETING DE FRUTAS Y HORTALIZAS EN FRESCO	20-24 Oct. 08	Zaragoza	IAMZ
	DESARROLLO DE NUEVOS PRODUCTOS AGROALIMENTARIOS	4-8 Mayo 09	Zaragoza	IAMZ
PESCA Y AGRICULTURA	MARKETING DE PRODUCTOS DEL MAR: TENDENCIAS Y RETOS	12-16 Nov. 07	Zaragoza	IAMZ/FAO/ MAPA-FROM
	ORGANIZACIÓN DE SISTEMAS DE ESTADÍSTICAS PESQUERAS	14-18 Ene. 08	Zaragoza	IAMZ/AECI
	SISTEMAS DE RECIRCULACIÓN Y SU APLICACIÓN EN ACUICULTURA	10-14 Mar. 08	Tarragona	IAMZ/IRTA
	NUTRICIÓN DE PECES: SOSTENIBILIDAD Y CALIDAD DE LOS PRODUCTOS	19-23 Mayo 08	Zaragoza	IAMZ
	*ACUICULTURA	1 Oct. 08/30 Abr. 09	Las Palmas de Gran Canaria	ULPGC/ICCM/IAMZ
	*ECONOMÍA Y GESTIÓN DE LA ACTIVIDAD PESQUERA	6 Oct. 08/30 Abr. 09	Barcelona	UB/MAPA/IAMZ
	REPOBLACIÓN Y POTENCIACIÓN DE STOCKS DE PESCA	15-19 Dic. 08	Zaragoza	IAMZ
	GESTIÓN DE LA SEGURIDAD DEL PESCADO BASADA EN EL ANÁLISIS DE RIESGOS	12-16 Ene. 09	Zaragoza	IAMZ/FAO
	METODOLOGÍAS DE EVALUACIÓN DE STOCKS DE PESCA	16-20 Mar. 09	Zaragoza	IAMZ/CGPM
	USO DE LOS SISTEMAS DE INFORMACIÓN GEOGRÁFICA EN PESCA Y ACUICULTURA	8-19 Jun. 09	Zaragoza	IAMZ/AECI

Información e inscripción. Los folletos informativos de cada curso se editan 6-8 meses antes de la fecha de inicio. Dichos folletos, así como los correspondientes formularios de inscripción pueden solicitarse a la dirección del IAMZ u obtenerse directamente de la página web:

Instituto Agronómico Mediterráneo de Zaragoza

Apartado 202 - 50080 ZARAGOZA (ESPAÑA)
Teléfono +34 976 716000 - Fax +34 976 716001 - e-mail iamz@iamz.ciheam.org
www.iamz.ciheam.org

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. Apto. 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.

ITEA 36 €

FORMA DE PAGO:

Cargo a cuenta corriente o libreta

Cargo a tarjeta

Cheque bancario

VISA

Tarjeta número:

MASTERCARD

□□ □□□□□□□□□□□□□□□□

Fecha de caducidad: /

SR. DIRECTOR DE.....

Muy Sr. mío:

Ruego a Vd. se sirva adeudar en la cuenta cte./libreta n.º..... 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.º

CÓDIGO POSTAL:

POBLACIÓN:

