

INTRODUCCION DE GRUPOS GENETICOS EN LA EVALUACION DE OVEJAS LATXA CARA NEGRA

Ugarte, E., Urarte, E., Arranz, J., Arrese, F., Rodríguez, C.*, Silió, L.*

CIMA, Granja Modelo, Vitoria-Gasteiz

* Area de Mejora Genética Animal, CIT-INIA, Madrid

INTRODUCCION

Los programas de control lechero y selección de la raza Latxa se iniciaron en 1982 y 1985, respectivamente, siendo la lactación tipificada a 120 días el criterio de selección adoptado y realizándose la evaluación genética mediante BLUP-Modelo Animal (Hanocq y col., 1993).

La coincidencia del período anual de cubriciones con el aprovechamiento veraniego de los pastos de montaña dificulta el control genealógico en esta raza, por lo que, tras una década de funcionamiento del esquema, resulta aconsejable la inclusión de grupos genéticos en el modelo de evaluación, que permitan tener en cuenta el posible mayor nivel genético de los parentales no conocidos de los animales nacidos en los últimos años. El efecto de esta modificación del modelo sobre las inferencias respecto a los valores mejorantes y el progreso genético alcanzado ha sido analizado con técnicas bayesianas en el ecotipo Latxa Cara Rubia (Ugarte y col., 1996). Un análisis similar del ecotipo Latxa Cara Negra (LCN) se aborda en el presente trabajo.

MATERIAL Y METODOS

Las lactaciones analizadas son 268.988 registradas hasta 1996 en 117.373 ovejas LCN. La genealogía incluye 123.643 animales, de los que 67.037 son de genealogía totalmente desconocida (00), 49.776 de padre desconocido (0M) y 6.830 de padre y madre conocidos (PM), en su mayoría procedentes de inseminación artificial.

El modelo de análisis con grupos genéticos es:

$$y = X\beta + Z_1 u + Z_2 c + e$$

siendo y = vector de 268.988 observaciones, β = vector de efectos sistemáticos (9.930 niveles), que incluye los efectos rebaño-año (3.182), rebaño-mes de parto-número de parto-edad (6.737), número de corderos paridos vivos (3) e intervalo parto-primer control (8); u = vector de 123.643 efectos genéticos aditivos; c = vector de 117.373 efectos de ambiente permanente; e = vector de residuos. X , Z_1 y Z_2 son las correspondientes matrices de incidencia. Se supone:

$$u \mid \sigma_u^2, A, Q, g \sim N(Qg, A \sigma_u^2); \quad c \mid \sigma_c^2 \sim N(0, I_c \sigma_c^2); \quad e \mid \sigma_e^2 \sim N(0, I_e \sigma_e^2)$$

siendo A = matriz de relaciones aditivas, Q = matriz de elementos q_{ij} , proporción de genes del animal i procedente del grupo j y g = vector de efectos de grupos genéticos.

La población base incluye a los ascendientes desconocidos de animales nacidos antes de 1990. Los otros 6 grupos genéticos considerados corresponden a los padres (g_{P1} , g_{P2} , g_{P3}) o madres (g_{M1} , g_{M2} , g_{M3}) desconocidos de animales nacidos entre 1990 y 1995 en rebaños con 3 grados de utilización de inseminación artificial: escasa ($\leq 10\%$), media (11 al 35%) o alta ($> 35\%$).

Los métodos de análisis bayesiano aplicados, vía muestreo de Gibbs, han sido previamente descritos (Ugarte y col., 1996), aunque en el presente trabajo solamente se han utilizado a priori uniformes acotados para los componentes de varianza. En el muestreo de Gibbs se realizaron 100.500 iteraciones, descartándose las 500 iniciales y un intervalo de muestreo de 1/10, salvándose por tanto 10.000 muestras de cada parámetro de interés.

RESULTADOS

Las medias (y desviaciones típicas) de las distribuciones marginales posteriores (d.m.p.) de los componentes de varianza de la producción en litros de leche tipo son: $\sigma_u^2 = 207,0$ (6,8), $\sigma_c^2 = 288,3$ (7,2), $\sigma_e^2 = 680,3$ (3,1), $\sigma_p^2 = 1175,7$ (3,8), $h^2 = \sigma_u^2/\sigma_p^2 = 0.176$ (0,006) y $c^2 = \sigma_c^2/\sigma_p^2 = 0,245$ (0,006).

Los resultados que se presentan en la Tabla 1 corresponden a los efectos de los grupos genéticos sobre la producción de leche tipo, calculados como diferencia respecto a la población base y confirman el superior nivel genético de los progenitores desconocidos de los animales nacidos a partir de 1990.

Tabla 1. Media, desviación típica e intervalo del 95% de mayor densidad posterior de las distribuciones marginales posteriores del efecto sobre la producción de leche a 120 días (litros) de los grupos genéticos considerados en el modelo de evaluación

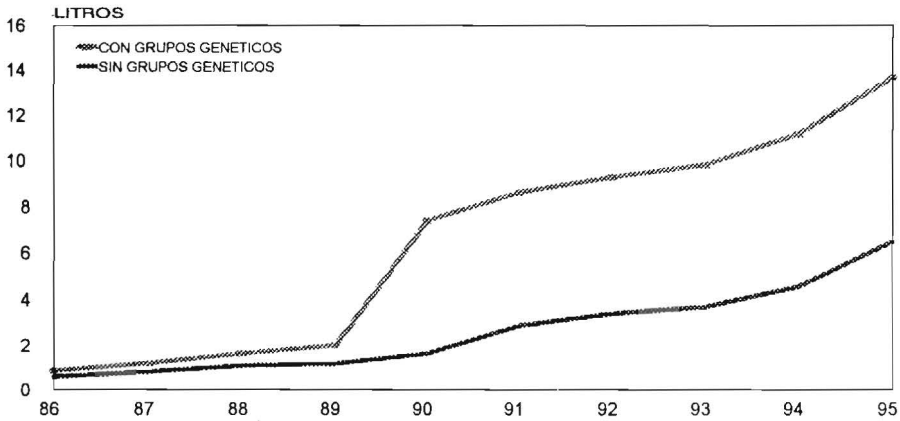
INSEMINACION EN REBAÑO		PADRES DESCONOCIDOS			MADRES DESCONOCIDAS			
		Media	DT	95% MDP	Media	DT	95% MDP	
≤ 10 %	g_{P1}	8,83	1,23	6,40-11,27	g_{M1}	6,05	1,72	2,67- 9,43
11-35 %	g_{P2}	11,58	0,87	9,86-13,29	g_{M2}	8,30	1,34	5,68-10,99
> 35 %	g_{P3}	13,91	2,09	9,89-18,10	g_{M3}	13,01	3,39	6,36-19,70

Asimismo, se han obtenido las medias (y desviaciones típicas) posteriores de las diferencias entre efectos de grupos genéticos que presentan mayor interés. Los resultados de la comparación entre progenitores desconocidos del mismo sexo empleados en rebaños con diferente grado de uso de inseminación artificial son: $g_{P2} - g_{P1} = 2,75$ (1,48) y $g_{P3} - g_{P1} = 5,08$ (2,37), para los padres y $g_{M2} - g_{M1} = 2,25$ (2,14) y $g_{M3} - g_{M1} = 6,95$ (3,78), para los grupos de madres desconocidas. En cuanto a la comparación entre grupos de padres y madres dentro de rebaños de un mismo tipo: $g_{P1} - g_{M1} = 2,78$ (2,51) y $g_{P2} - g_{M2} = 3,27$ (1,83).

En la Figura 1 se presentan los valores de las medias genéticas por año de nacimiento de los animales nacidos desde el inicio del programa de selección, obtenidos con modelos con y sin grupos genéticos. El progreso genético total alcanzado en este período puede calcularse como la diferencia entre las medias genéticas de los animales nacidos en 1995 y 1986. En el modelo sin grupos genéticos, todos los progenitores desconocidos se asignan a la población base, siendo la media (y desviación típica) posterior de la respuesta total 5,93 (0,53) litros. Los valores

correspondientes, obtenidos con el modelo con grupos genéticos son 12,83 (0,63) litros y de la d.m.p. de este parámetro se infiere Prob [Respuesta Total > 11,78 litros]= 0,95.

Figura1. Medias genéticas anuales de ovejas Latxa Cara Negra nacidas en el período 1986-1995 obtenidas con modelos con y sin grupos genéticos



La respuesta anual se calcula como el coeficiente de regresión (b) sobre el año de nacimiento de las medias genéticas anuales. En la Tabla 2 se resumen los estadísticos principales de las d.m.p. de este parámetro obtenidas, con el modelo con grupos genéticos, para animales de los diferentes tipos de genealogía (00, 0M y PM) y para el conjunto de la población. Estos resultados indican el superior progreso genético obtenido en los animales con genealogía completa.

Tabla 2. Resumen de estadísticos de las distribuciones marginales posteriores de las respuestas anuales (litros por año) entre 1986 y 1995 según tipos de genealogía.

	Media	Moda	Mediana	DT	95% MDP
b _{PM}	1,74	1,74	1,74	0,11	1,52-1,95
b _{0M}	1,29	1,28	1,29	0,07	1,17-1,43
b ₀₀	1,09	1,08	1,09	0,15	0,80-1,38
b _{TOTAL}	1,51	1,52	1,51	0,06	1,40-1,63

A partir de la d.m.p. de la respuesta anual en el conjunto de la población se infiere Prob [b_{TOTAL} > 1,41 litros por año]= 0,95, lo que corrobora la efectividad de la selección practicada en el esquema de mejora genética de las ovejas Latxa Cara Negra.

REFERENCIAS

Hanocq y col. (1993) ITEA, Vol 89A (2): 143-161.
 Ugarte y col. (1995) ITEA, Vol Extra 16 (I): 309-311.
 Ugarte y col. (1996) Journal Dairy Science, 79 (12): (en prensa).