

ANÁLISIS DE LAS TENDENCIAS GENÉTICAS EN LAS RAZAS BOVINAS PIRENAICA Y RUBIA GALLEGA

López-Carbonell*, D., Srihi, H., Altarriba, J. y Varona, L.

Universidad de Zaragoza. Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2). 50013. Zaragoza.

*767339@unizar.es

INTRODUCCIÓN

La evaluación de las tendencias genéticas permite comprobar a posteriori la eficiencia de un esquema de mejora genética, ya que cuantifica el cambio genético que se ha producido en una población como consecuencia de la selección. Sin embargo, la información que proporcionan las tendencias genéticas se refiere a la evolución del carácter analizado en el global de la población. El éxito de un programa de mejora se basa en la aplicación de decisiones de selección diferenciales en distintos grupos de individuos (machos de inseminación, machos de monta natural, madres de machos, etc.). En este sentido, el método propuesto por García-Cortés *et al.* (2008) permite descomponer el valor genético aditivo a partir de los muestreos mendelianos acontecidos en grupos de individuos predeterminados y, de esta manera, calcular las tendencias genéticas atribuibles a los procesos de selección efectuados en cada uno de estos grupos. Este procedimiento se puede implementar a partir de las valoraciones genéticas mediante el software AlphaPart (Obšteter *et al.*, 2021). Sin embargo, este programa no proporciona información acerca de la incertidumbre de las tendencias genéticas. En este trabajo se pretende implementar este mismo procedimiento en el marco de la inferencia bayesiana mediante Markov Chain Monte Carlo, con el objetivo de obtener la distribución posterior de las tendencias genéticas atribuidas a cada uno de los grupos.

MATERIAL Y MÉTODOS

En el trabajo se han utilizado datos de las razas bovinas Pirenaica y Rubia Gallega para los caracteres Peso al Nacimiento (130.337 en Pirenaica y 332.487 en Rubia Gallega), Peso de la Canal (78.451 y 91.315), Conformación (73.956 y 91.484) y Engrasamiento (74.142 y 80.679). Además, se utilizó la información genealógica de 321.843 individuos en la raza Pirenaica y de 464.385 en Rubia Gallega. Se definieron los siguientes grupos de animales: 1) Machos de inseminación artificial, 2) Machos de monta natural, 3) Madres de machos, 4) Madres y 5) No reproductores. El análisis se ha desarrollado con una versión modificada del programa TM (Legarra *et al.*, 2011) y se desarrolló un programa en R bajo el paquete "ggplot2" para representar automáticamente los datos de salida.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En términos generales, los resultados muestran una reducción del peso al nacimiento y del engrasamiento y un incremento de la conformación con un claro punto de inflexión en el momento de la inclusión de los datos procedentes del sistema SITRAN. El programa permite obtener la distribución posterior de las tendencias genéticas para grupo de individuos y, en ellas, se puede observar como la respuesta a la selección de puede atribuir principalmente a dos grupos de individuos, las madres de los machos y, en mayor medida, a los machos de inseminación. Además, se observa que la incertidumbre en la tendencia genética atribuible a los machos de inseminación es siempre mucho menor que la de los otros grupos predefinidos.

CONCLUSIÓN

Esta metodología permite una interpretación más precisa de la tendencia genética, además de una herramienta sencilla para elaborarla. Este proceso puede dar lugar a un cambio en la perspectiva de las tendencias genéticas, permitiendo su interpretación desde una perspectiva bayesiana e incorporando la incertidumbre de la evaluación en las tendencias.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- García-Cortés, L.A., Martínez-Ávila, J.C. & Toro, M.A. 2008. *Animal*. 2: 821-824.
- Obšteter, J., *et al.* 2021. *Genet Sel Evol*. 53: 30.
- Legarra, A., Varona, L. & Lopez de Maturana, E. 2011. TM user's guide.

Agradecimientos: Los autores agradecen a CONASPI y ACRUGA por la disponibilidad de la información fenotípica y genealógica. D. López-Carbonell está financiado por el Gobierno de Aragón mediante un contrato como personal investigador predoctoral en formación (Convocatoria 2022-2026). H. Srihi está financiación del programa de investigación e innovación H2020 de la Unión Europea en el marco de una subvención Marie Skłodowska-Curie (H2020-G.A. 801586).