

ANÁLISIS DE LA PRODUCTIVIDAD NUMÉRICA POR SERIES TEMPORALES

Casellas^{1*}, J.

¹Dep. Ciència Animal i dels Aliments, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, España;

*joaquim.casellas@uab.cat

INTRODUCCIÓN

Los programas de mejora genética en las especies ganaderas tienden a centrarse en múltiples criterios de selección (Van Tassell y Van Vleck, 1996), a menudo enfocados hacia un mismo objetivo productivo final. En especies de aptitud cárnica, la productividad numérica (*i.e.*, número de descendientes comercializables por unidad de tiempo) puede verse como ese objetivo último a mejorar a través de caracteres tanto de la madre (fertilidad, prolificidad, facilidad de parto, producción lechera, ...) como de la progenie (supervivencia, velocidad de crecimiento, ...). No obstante, esta aproximación multivariante requiere de fenotipos para todos los caracteres implicados en la evaluación genética, así como el cálculo de las correspondientes ponderaciones económicas (Hazel, 1943). Con el objetivo de salvar estas limitaciones, este trabajo se centraba en modelizar la productividad numérica como criterio de selección, dentro de un contexto de series temporales e integrando en un único fenotipo todas las fuentes de variación relevantes.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se tomó como punto de partida PN_{ij} , la productividad numérica del individuo i dentro de su ciclo productivo j . El ciclo productivo se definía como el periodo transcurrido entre el destete o sacrificio (según especies) de la descendencia producida en dos partos sucesivos (t_{j-1} y t_j), con una duración de $d_{ij} = (t_j - t_{j-1})$ unidades temporales. Sin pérdida de generalidad, podíamos asumir PN_{ij} constante a lo largo de todo j y tomar como valor de referencia para el análisis $PN_{ij} = y_{ij}$ a tiempo $t_{ij} = t_{j-1} + d_{ij}/2$ con ponderación d_{ij} . La verosimilitud de y_{ij} se caracterizó como una curva de Wood (Wood, 1967),

$$y_{ij} = at_{ij}^b \exp(-ct_{ij}) + \varepsilon_{ij},$$

donde a , b y c eran los parámetros inherentes a la curva de Wood y ε_{ij} el residuo bajo una distribución normal. Siguiendo el planteamiento de Blasco *et al.* (2003) en curvas Gompertz de crecimiento, los tres parámetros de la curva (a , b y c) podían jerarquizarse asumiendo tanto influencias sistemáticas (β_a , β_b y β_c) como genéticas (u_a , u_b y u_c), modelizadas a través de matrices de incidencia apropiadas y asumiendo una distribución normal multivariante para los componentes genéticos.

A modo de ejemplo, se analizó el núcleo de selección de la raza ovina Ripollesa, con 14.449 ciclos productivos registrados en 2.951 ovejas entre los años 1993 y 2022. Se consideraron únicamente los efectos sistemáticos del año y rebaño de nacimiento, así como el valor genético aditivo de 3.542 individuos incluidos en la genealogía. El modelo se resolvió por máxima verosimilitud restringida (Gilmour *et al.*, 1995).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de la productividad numérica ponderada mediante una curva de Wood permitió ajustar la evolución de esta variable en base a tres parámetros influenciados por factores ambientales y genéticos. El análisis estimó el pico de producción (b/c) a los 1.705 días, con un intervalo de verosimilitud a 1/8 (IV8) desde 1.523 a 1.886 días, aunque con diferencias importantes entre los años de nacimiento de los animales. Por otro lado, las varianzas genéticas para los parámetros a , b y c fueron de $4,2 \times 10^{-4}$, $1,5 \times 10^{-2}$ y $2,7 \times 10^{-4}$, con los IV8 excluyendo el 0. Se obtuvieron correlaciones genéticas positivas entre el parámetro de escala (a) y los parámetros b y c , y nula entre estos dos últimos. En este sentido incrementar el pico de producción (a) generaría pendientes más acentuadas tanto antes como después de este, incidiendo negativamente sobre la persistencia ($c^{-(b+1)}$).

CONCLUSIÓN

La productividad numérica reportó componentes genéticos relevantes para los distintos parámetros, sugiriéndose la posibilidad de incidir sobre el perfil de producción mediante selección genética.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Blasco, A., *et al.* 2003. Genet. Sel. Evol. 35: 21-41.
- Gilmour, A.R., *et al.* 1995. Biometrics 51: 1440-1450.
- Hazel, L.N. 1943. Genetics 28: 476-490.
- Van Tassell, C.P. & Van Vleck, L.D. 1996. J. Anim. Sci. 74: 2586-2597.
- Wood, P.D.P. 1967. Nature 216: 164-165.

Agradecimientos: Proyecto PID2020-114705RB-I00.