

EVALUACIÓN DEL SISTEMA DE CONEXIÓN APOYADA EN ESTACIÓN DEL NÚCLEO CONTROL CÁRNICO DE LA RAZA MERINO ESPAÑOL

J. Osorio^{*a}, JM. Serradilla*, F. Barajas**, C. Medina*, R. Calero****, A. Molina*

* Grupo Meragem, Universidad de Córdoba.

** Asociación Nacional de Criadores de Ganado Merino. Madrid.

*** Centro de Selección y Reproducción Animal (*CENSYRA*) de Badajoz.

Dirección postal: Universidad de Córdoba. Campus Universitario de Rabanales. Edificio Gregor J. Mendel. Planta Baja. Carretera Madrid-Cádiz km. 396a, 14071, Córdoba.

^acorrespondencia del autor. Tel: +34 957211070, Fax: 957218707. e-mail: ge2osavj@uco.es

Resumen

La conexión entre rebaños hace posible definir a un grupo de animales que al ser estimados los valores genéticos puedan ser estos comparados. Este estudio fue conducido para cuantificar el nivel de conexión entre rebaños en la raza Merina que no basa la conexión genética del Núcleo de Control Cárnico en un sistema clásico de machos de referencia (sin uso de la inseminación artificial). Para ello se ha utilizado la metodología de parámetros de los coeficientes de determinación (contrastes) conocida como *Criterion of Admission to the Group of Connected Herds*, implementada en un modelo Animal de la evaluación BLUP. La estimación de contrastes de los coeficientes de determinación entre los niveles genéticos en 47 rebaños fue aplicado para el período 2000 al 2011. Para la evaluación genética se utilizó un modelo animal unicaracter con 86879 datos de corderos con peso a los 75 días de edad, que fueron hijos de 2011 sementales y 40356 ovejas. La determinación de los conjuntos de rebaños conectados se logró mediante el uso de un método de clustering (aglomeración jerárquica). Se encontró que globalmente presentan un coeficiente de determinación promedio aceptable en los sementales (0,621), que valida al sistema de conexión indirecta que sigue esta raza. Los valores estimados de confiabilidad de los coeficientes de determinación se mostraron fuertemente afectados por el número de crías controladas de cada semental; así que fue menor cuando los sementales presentaban <30 descendientes (coeficiente de determinación promedio de 0,418), que cuando tenían un número superior de crías controladas (hasta un coeficiente de determinación promedio de 0,916, con >150 crías). La estimación de contrastes de los coeficientes de determinación entre los niveles genéticos entre rebaños fue de 0,729, considerando con esto conectados los 47 rebaños del Núcleo Control Cárnico (100%) presentando contrastes con valores superiores a 0,40. Estos resultados muestran que evaluar las conexiones basados en sistemas de reproducción por monta natural utilizando un modelo animal para la característica del peso a los 75 días de edad en corderos Merinos, proporciona una alta confiabilidad en la comparación de los valores genéticos a pesar del escaso uso de la inseminación artificial en el Merino Español.

Palabras clave: Merino español, conexión, coeficientes de determinación, clustering.

Introducción

La predicción del valor genético (VG) mediante metodología BLUP exige realizar comparaciones entre animales que se encuentran en diferentes rebaños y, por lo tanto, diferentes ambientes. La comparación de los animales que se encuentran en distintos rebaños puede estar sesgada debido a las diferencias que puedan existir entre los valores genéticos medios de los rebaños, tanto si no existen estas conexiones entre ellos (Lewis *et al.*, 1999; Kuehn *et al.*, 2007) como si las conexiones entre estos rebaños son insuficientes (Kuehn *et al.*, 2008).

La amplitud del área de distribución de la raza Merina y su carácter fuertemente extensivo, hacen que las diferencias ambientales a las que se ven sometidos los animales sean muy grandes, dándose el caso además de que existen diferencias en el tamaño de los rebaños, en su manejo, así como diversidad en su base genética de dichos rebaños, originando diferentes morfologías y tasas de crecimiento de los corderos. Todo ello justifica los esfuerzos para tener una buena conexión genética que permita discriminar los efectos genéticos de los ambientales en la valoración genética.

Las conexiones entre rebaños pueden ser cuantificadas utilizando un análisis de cluster. La metodología conocida como *Criterion of Admission to the Group of Connected Herds* (CACO) es utilizado para determinar el grado de conexión de los rebaños en evaluaciones de rutina en las razas francesas de bovinos de carne (IBOVAL) y caprinos de leche (Fouilloux *et al.*, 2008). El método CACO, describe dos pasos: el primero incluye los cálculos de las comparaciones de los CD entre grupos de animales y segundo, construir las conexiones entre los rebaños integrando finalmente los cluster. Fouilloux y Laloë (2001) han propuesto métodos de muestreo para calcular los CD y estimar los valores genéticos (VG), que implica la estimación de todas las matrices de varianza-covarianza que da como resultado la estimación de contrastes de los CD entre los niveles genéticos de los rebaños. Este método considera un diseño de registros completos, combinando mejor la estructura de los datos y la cantidad de información, proporcionando un balance en la disminución de la predicción de la varianza del error (PVE) y la pérdida de variabilidad genética debido a las relaciones genéticas entre los animales (Fouilloux *et al.*, 2008); un bajo CD indica una cierta confusión entre las diferencias ambientales y genéticas (Kennedy y Trus, 1993).

El objetivo de este estudio es cuantificar el nivel de conexión entre rebaños del Núcleo de control Cárnico de la raza Merino Español utilizando la estimación de los contrastes de los CD mediante una metodología CACO implementada en un modelo animal del BLUP.

Material y Métodos

Para este estudio se utilizaron los datos de campo del programa de mejoramiento genético de la Asociación Nacional de Criadores de Ganado de la Raza Merina. En la Figura 1 se representan gráficamente las interrelaciones de conexión genética del Núcleo Control Cárnico (NCC) de la raza Merina, diferenciando las conexiones directas entre explotaciones y las indirectas (a través del Censyra), indicando que 45 explotaciones se encuentran

conectadas a través del Censyra (E) (95.74%), con excepción de solo 2 explotaciones que no lo están (P y PM).

El conjunto de datos originales del pedigrí (110523) corresponde a animales nacidos entre los años 1991 a 2011 en 47 rebaños, con un mínimo de 95 descendientes controlados. Se evaluó el peso a 75 días de edad (P_75), que es el principal criterio de selección de esta raza, de 86879 corderos hijos de 2011 sementales y 40356 hembras reproductoras. Para la evaluación genética se utilizó un modelo animal unicaracter con las variables sexo (2 niveles), rebaño (47 niveles), mes de nacimiento (12 niveles), año de nacimiento (21 niveles), número de parto (11 niveles) y tipo de parto (2 niveles) como efectos fijos y el efecto genético directo del animal como efecto aleatorio.

Las conexiones entre rebaños se determinaron a través de los contrastes de los CD siguiendo la metodología de Fouilloux *et al.* (2008) realizando 1000 iteraciones. Dos rebaños se consideraron conectados si el contraste de los CD entre sus niveles genéticos es mayor que un umbral a priori, dicho x , que para este estudio ha sido de 0,40, valor al igual considerado para otros estudios realizados en bovinos de carne (Fouilloux *et al.*, 2008; Tarrés *et al.*, 2010). Posteriormente se determinaron los conjuntos de rebaños conectados, de tal manera que cualquier par de contraste de los CD entre el conjunto de rebaños fuera mayor a 0,40. Esto se logra mediante el uso de un método de clustering (aglomeración jerárquica). Los resultados de los trazos de clustering (dendogramas) fueron obtenidos utilizando procedimientos de CLUSTER del paquete estadístico Statistica versión 8.0 for Windows (Stat-Soft Inc., 2006). La estimación de los contrastes de los CD entre los niveles genéticos de los rebaños fueron aplicados dentro del período comprendido en los años 2000 al 2011.

Resultados y Discusión

Estimación de los CD de la progenie

La Tabla 1 muestra, que, como era de esperar, los valores estimados de fiabilidad de los CD se ven fuertemente afectados por el número de crías controladas de cada semental, como ya ha sido mencionado por Kuehn *et al.* (2007). De la misma forma se puede observar que presenta un CD promedio más que aceptable en sementales (0,621), lo cual da validez al sistema de conexión indirecta que sigue esta raza. Así, fue considerablemente menor cuando los sementales presentaban menos de 30 descendientes (con un CD promedio de 0,418), que cuando habían tenido un número superior de crías controladas (hasta 0,916 para sementales con más de 150 descendientes).

Estimación de los CD entre rebaños

Estimada la matriz (47 x 47) y contrastando los CD entre los niveles genéticos de los rebaños (1081 pares de comparaciones), se encontró que el promedio de la media de los contrastes de los CD utilizando un modelo animal para el carácter peso a los 75 días fue de 0,729, con un valor mínimo de 0,436 y un valor máximo de 0,940 (Tabla 2). De acuerdo con estos resultados, la Figura 2 muestra que los 47 rebaños del Núcleo de Control Cárnico

(Figura 2) se consideran conectados (100%) de acuerdo al Criterio de Admisión (CACO) con valores superiores a 0,40, quedando así conectadas las 2 explotaciones que por los criterios habituales (un número determinado de crías de un semental en más de un rebaño) no estaban considerados conectados.

Estos resultados muestran que evaluar las conexiones basadas en sistemas de reproducción por monta natural utilizando un modelo animal para la característica del peso a los 75 días de edad en corderos Merinos, proporciona una alta fiabilidad en la comparación de los VG, a pesar del escaso uso de la IA en esta raza. A este hecho, además del sistema de conexión indirecta apoyada en Centro de Testaje, puede estar contribuyendo la existencia de un alto nivel de intercambio de material genético entre las explotaciones.

Aplicando el mismo procedimiento de contraste de los CD (CACO) en bovinos productores de carne de la raza Bazadais (Francia) pero utilizando un modelo semental, encontraron contrastes de los CD entre rebaños de 0,53 a 0,64, que correspondieron al 78% de los rebaños conectados entre sí (Fouilloux, *et al.*, 2008). En España, con datos de explotaciones de la raza Bruna dels Pirineus, que utilizan exclusivamente la monta natural y utilizando el modelo semental, encontraron que los promedios de los CD fueron bajos (0,285), inclusive para características altamente heredables, estando solo el 23,7% de las explotaciones conectadas (por encima de 0,40); en tanto que utilizando el modelo animal observaron un importante incremento en el promedio de los contrastes del CD entre rebaños (0,535), con el 85,9% de los rebaños conectados, para una característica simulada de alta heredabilidad, (Tarrés *et al.*, 2010).

Asimismo en el estudio con cabras lecheras en Francia (Fouilloux, *et al.*, 2008), aplicando de igual forma un modelo semental, el promedio fue alto (CD promedio= 0,76) que fue relacionado con el uso de la I.A., mientras que cuando se desconocía el 42% de los sementales se observó una clara disminución (CD promedio= 0,34).

Por lo tanto, se concluye que el nivel de conexión medido a través de la comparación de los CD entre los rebaños ovinos Merino Español fue lo suficientemente alto para poder realizar unas valoraciones genéticas fiables según criterios admitidos internacionalmente, a pesar del poco desarrollo de la IA. Así a pesar de la escasa utilización de la IA, el sistema de conexión implementado permite a los productores minimizar el riesgo de la comparación de sus animales con los de otras unidades de manejo.

Agradecimientos

Este estudio agradece las facilidades otorgadas para el uso de la implementación del modelo animal al CACO realizada por los Doctores Joaquim Tarrés y Jesús Piedrafita, de la Universidad Autónoma de Barcelona.

Bibliografía

- Fouilloux M.N., Clement V., Laloë D., 2008. Measuring connectedness among herds in mixed linear models: From theory to practice in large-sized genetic evaluations, *Genet. Sel. Evol.*, 40, 145–159.
- Fouilloux M.N., Laloë D., 2001. A sampling method for estimating the accuracy of predicted breeding values in genetic evaluation, *Genet. Sel. Evol.*, 33, 473–486.
- Kennedy B.W., Trus D., 1993. Considerations on genetic connectedness between management units under a animal-model, *J. Anim. Sci.*, 71, 2341–2352.
- Kuehn L.A., Lewis R.M., Notter D.R., 2007. Managing the risk of comparing estimated breeding values across flocks or herds through connectedness: a review and application, *Genet. Sel. Evol.*, 39, 225–247.
- Kuehn L.A., Lewis R.M., Notter D.R., 2008. Assessing genetic gain, inbreeding, and bias due to different flock genetic means in alternative sheep sire referencing schemes. *J. Anim. Sci.*, 86:526–535.
- Lewis R.M., Crump R.E., Simm G., Thompson R., 1999. Assessing connectedness in across-flock genetic evaluations, *Proc. Br. Soc. Anim. Sci.*, Scarborough, UK.
- Tarrés J., Fina M., Piedrafita J., 2010. Connectedness among herds of beef cattle bred under natural service, *Genet. Sel. Evol.*, 42, 1-9.

Tabla 1. Promedio, valor máximo, valor mínimo del CD en función del número de descendientes por semental en la raza Merina.

$h^2 = 0.356$	Número de descendientes por semental					
	0-30	31-60	61-90	91-120	121-150	>150
CD (%)	0,418	0,769	0,84	0,890	0,902	0,916
Mínimo	0	0,306	0,433	0,765	0,803	0,847
Máximo	0,830	0,901	0,921	0,939	0,947	0,970
Desv. estándar	0,206	0,106	0,070	0,029	0,032	0,076
No. sementales	983	558	234	106	53	77
Promedio sementales = 0,621 (n=2011)						

Tabla 2. Distribución de los contrastes del CD estimado entre rebaños en la evaluación del Merino Español.

	No. de contrastes	Valor			Desv. estándar
		promedio	mínimo	máximo	
CD estimado	1081	0,729	0,436	0,94	0,104

Figura 1. Representación gráfica de las conexiones genéticas directas e indirectas (a través del Censyra de Badajoz) entre las explotaciones (siglas) del Núcleo de Control Cárnico del Merino.

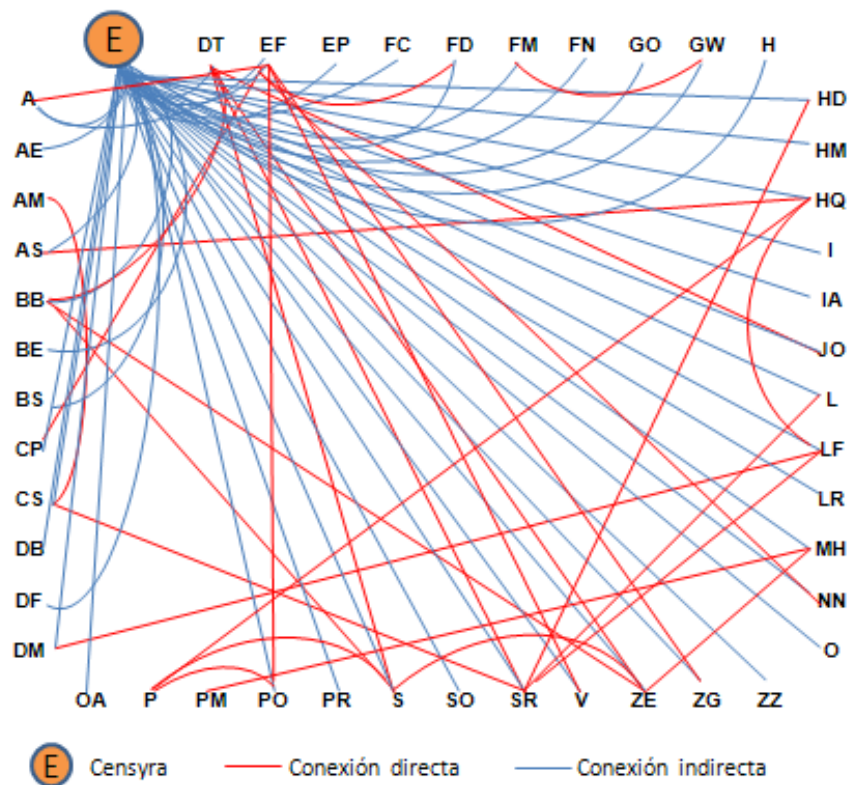


Figura 2. Clusters entre pares de explotaciones de la raza Merino Español obtenidos con el método CACO.

