

# DISTRIBUCIÓN DE LOS TAMAÑOS DE CAMADA DE OVINOS. RESULTADOS DE UNA ENCUESTA SENCILLA EN FRANCIA Y ESPAÑA QUE PONE EN EVIDENCIA LA PRESENCIA DE GENES MAYORES.

Bodin L.<sup>1</sup>, Raoul J.<sup>2</sup>, Alabart J.L.<sup>3</sup>, Folch J.<sup>3</sup>, Lahoz B.<sup>3</sup>, Fantova E.<sup>4</sup>, de la Fuente L. F.<sup>5</sup>,  
Molina A.<sup>6</sup>, Perez Guzman M.D.<sup>7</sup>, Mintegi L.<sup>8</sup>

<sup>1</sup>INRA GenPhySE, UMR1388, 31326 Castanet-Tolosan, Francia. <sup>2</sup>IDELE, 31326 Castanet-Tolosan, Francia. <sup>3</sup>CITA de Aragón, Unidad Producción y Sanidad Animal, 50059 Zaragoza, España. <sup>4</sup>UPRA- Grupo Pastores, 50014 Zaragoza, España.

<sup>5</sup>Univ. León, Fac. de Veterinaria, Dpto. de Producción Animal, 24071 León, España.

<sup>6</sup>Univ. Córdoba, Dpto. de Genética, Córdoba, España. <sup>7</sup>CERSYRA, Valdepeñas, Ciudad Real, España. <sup>8</sup>ARDIEKIN, Vitoria-Gasteiz, España

Loys.Bodin@inra.fr

## INTRODUCCIÓN

Un estudio empleando datos franceses reveló que los tamaños de camada seguían una ley de distribución particular que vinculaba estrechamente las distintas clases entre sí (Bodin and Elsen, 1989), de tal forma que la observación del porcentaje de una clase (i.e. %TC = 2) permitía deducir con muy buena precisión los porcentajes de las otras clases. Sin embargo, se ha visto que dos factores pueden modificar profundamente esta ley: (1) la utilización de tratamientos hormonales que cambia las relaciones entre las clases de tamaño de camada si se compara con las relaciones observadas en monta natural (Bodin y Elsen, 1989), y (2) la presencia de genes mayores de prolificidad en la población (Martin *et al.*, 2014 ; Bodin *et al.*, 2015). Con el objetivo de estudiar si la ley que vincula las distintas clases de TC de una población es válida en otras condiciones ambientales distintas a las que existen en Francia y en otras razas, se organizó una encuesta sencilla en 11 países distintos. En este estudio se presenta el análisis de los datos de Francia y España.

## MATERIAL Y MÉTODOS

Los datos consistieron en un sencillo recuento de 5 tipos de parto (simple=TC<sub>1</sub>, doble=TC<sub>2</sub>, triple=TC<sub>3</sub>, hasta quíntuple y más=TC<sub>5+</sub>) observados cada año desde 1995 hasta 2017 en distintas razas. Solamente se consideraron los partos naturales (consecutivos a fecundaciones sin tratamientos hormonales) de ovejas adultas (al menos con 4 años de edad en el momento del parto) y de raza pura. En total, estaban disponibles cerca de 18 millones de partos de 106 razas, de los cuales 3,8 millones de datos provienen de 12 grupos genéticos españoles y 6,1 millones vienen de 25 razas francesas. Con el objetivo de limitar las variaciones observadas entre años para una raza determinada, se realizó un filtrado de los datos. Para cada raza o grupo genético (i.e. Churra-carne & Churra-leche) se calcularon primero las prolificidades medias observadas

cada año  $i$  :  $PR_i = \sum_{k=1}^5 kTC_{ik} / \sum_{k=1}^5 TC_{ik}$  y la desviación  $\Delta_i$  de estas prolificidades a la prolificidad calculada sobre el conjunto de los otros datos diferentes a los de la raza

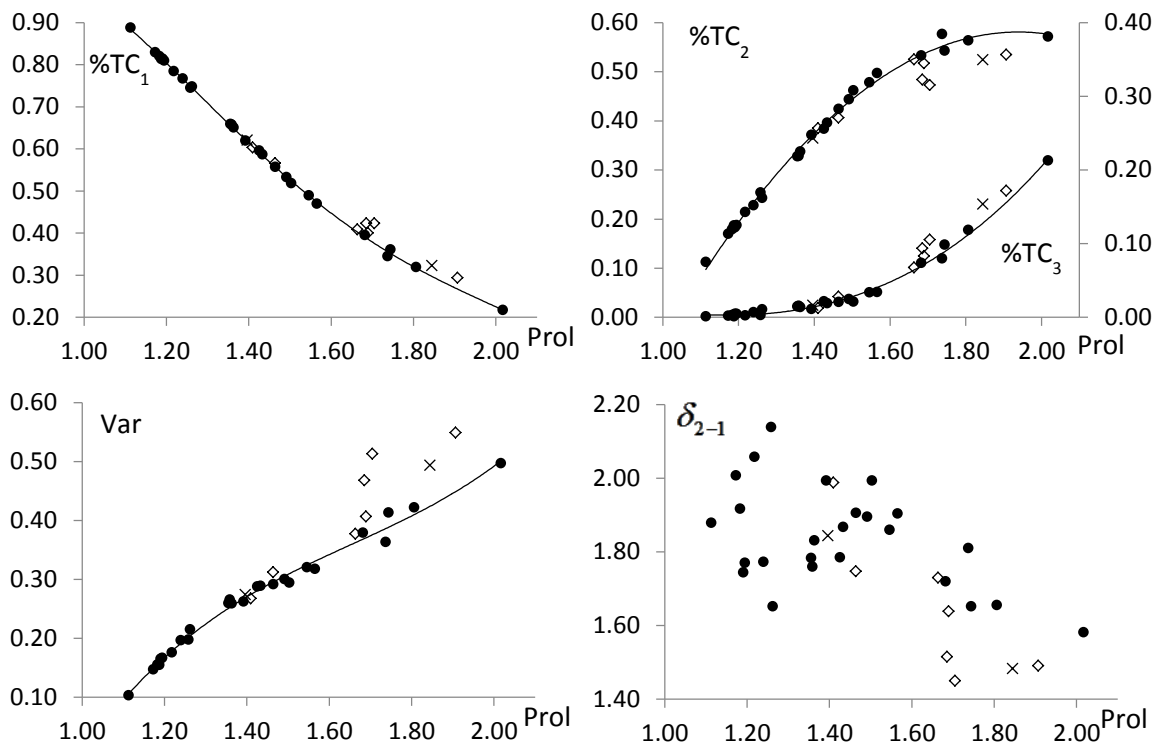
considerada  $PR_{j \neq i} = \sum_{k=1}^5 \left( \sum_{j \neq i} kTC_{jk} \right) / \sum_{k=1}^5 \left( \sum_{j \neq i} TC_{jk} \right)$ . También se calculó el ámbito de

variación de estas prolificidades. Posteriormente, se descartaron los datos del año con mayor desviación  $\Delta_i$ , y se recalculó de nuevo la desviación de la prolificidad y el rango de variación de prolificidad. El proceso de eliminación de datos se detuvo cuando el ámbito de valores de prolificidad fue inferior a 0,07 (i.e., año mínimo = 1,42 y año máximo = 1,49). Al final, los recuentos de cada tipo de TC de los años no eliminados fueron sumados para calcular los porcentajes de cada TC, la prolificidad y la varianza (Var) del

tamaño de camada de esta raza. Los porcentajes acumulados de TC para cada raza ( $\%TC_1$ ;  $\%TC_1+\%TC_2$  y  $\%TC_1+\%TC_2+\%TC_3$ ) fueron transformados en umbrales  $\tau_1$ ,  $\tau_2$ ,  $\tau_3$  de una ley normal  $\mathcal{N}(0,1)$  y se calcularon las diferencias entre umbrales  $\delta_{2-1} = \tau_2 - \tau_1$  y  $\delta_{3-2} = \tau_3 - \tau_2$ . Los datos de las razas en las que no se conocen genes mayores de prolificidad fueron utilizados para estimar regresiones polinomiales de  $\%TC_1$ ,  $\%TC_2$ ,  $\%TC_{3+}$ ,  $Var$ ,  $\delta_{2-1}$  y  $\delta_{3-2}$  sobre la prolificidad.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Sobre este nuevo conjunto de datos se ha podido averiguar que los tamaños de camada se distribuyeron según una ley común a todas las razas que asocia de manera muy importante los porcentajes de cada TC entre sí y a la prolificidad media. En la Figura 1 se puede apreciar el buen ajuste de las regresiones polinomiales para  $\%TC_1$ ,  $\%TC_2$  y  $\%TC_{3+}$  en función de la prolificidad.



**Figura 1:** Distribución de  $\%TC_1$ ,  $\%TC_2$ ,  $\%TC_{3+}$ , Varianza ( $Var$ ) y diferencia entre umbrales de la ley normal ( $\delta_{2-1}$ ) de cada raza. La línea indica las regresiones polinomiales estimadas sobre las razas sin genes mayores. Los rombos y cruces muestran la distribución de las razas portadoras de un gen mayor.

Sin embargo, cabe destacar que la distribución no se ajusta a los datos de razas que tienen un gen mayor segregando. Para la prolificidad media que tienen estas razas hay un déficit de partos dobles, sin embargo existe un exceso de los otros tipos de partos. Esto se traduce en una elevada varianza y una diferencia entre los dos primeros umbrales de la transformación gaussiana más reducida. En la Tabla 1, se presenta la comparación de los residuos de las regresiones polinomiales para las razas que tienen o no un gen mayor segregando. Esta diferencia observada para las razas con un gen mayor proviene precisamente del importante efecto de ese gen, el cual crea subpoblaciones de prolificidad media muy diferentes. De hecho, podemos observar (Tabla 2) que la ley de distribución de  $TC_i$  no es aditiva, de tal modo que la combinación de dos razas existentes puede resultar en la prolificidad media de otra raza existente. Sin embargo, la varianza resultante será superior y la diferencia entre los umbrales de la

transformación gaussiana será inferior. Así, en las razas que tienen un gen mayor, se detecta una heterogeneidad creada por la mezcla de distribuciones de animales que llevan o no dicho gen.

Gen mayor	%TC <sub>1</sub>	%TC <sub>2</sub>	%TC <sub>3+</sub>	Var
Ausente	-0,77	0,40	1,51	263,1
Presente	-24,10	36,73	-4,35	367,2
Significación	<0,001	<0,001	0,03	<0,001

**Tabla 1:** Residuos de las regresiones polinomiales para las razas que tienen o no un gen mayor segregando.

Raza	Prolif.	%TC <sub>1</sub>	%TC <sub>2</sub>	%TC <sub>3+</sub>	Var	$\delta_{2-1}$
Bleu du Maine	1,81	0,32	0,56	0,12	0,42	1,65
Charmoise	1,11	0,89	0,11	0,00	0,10	1,88
Mezcla (Bleu + Charmoise)	1,46	0,60	0,34	0,06	0,38	1,30
Est à Laine Mérinos	1,46	0,56	0,42	0,00	0,29	1,90

**Tabla 2:** Comparación entre la mezcla de dos razas distintas y una raza existente que tiene la misma prolificidad que la mezcla.

Consecuentemente, es esencial trabajar con un gran número de datos homogéneos y no mezclar observaciones afectadas por efectos ambientales demasiado fuertes, como es el caso de los años extremos. Por otra parte, es evidente que la desviación debida a la presencia de un gen mayor está directamente relacionada con el efecto de dicho gen y su frecuencia. De todas formas, en Francia se han detectado genes mayores en varias razas debido a las sospechas despertadas con este método. En la actualidad se están realizando los análisis de los 18 millones de partos de 106 razas pero en un ámbito de prolificidad mucho mayor.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Bodin, L., Alabart Alvarez, J.L., Fathallah, S., Jimenez-Heranando, M., Lahoz, B., David, I., Fantova, E., Jurado, J.J., 2015. Itea XVI, 498-500. • Bodin, L., Elsen, J.M., 1989. Anim Prod 48, 535-541. • Martin, P., Raoul, J., Bodin, L., 2014. Genet Sel Evol 46, 48.

**Agradecimientos:** Los autores agradecen a las distintas organizaciones francesas y españolas que han proporcionado los datos y a los técnicos que los han movlizado.

## Abstract

Simple counts of different litter size (LS) of adult ewes from 37 French and Spanish genetic groups were gathered and analysed. The results indicate that the distribution of LS follows a specific law that closely links the different percentages, and consequently, each percentage is also linked to the average (prolificacy) and to the variance. However, breeds carrying a major gene for prolificacy deviate from this common law due to a mixture of distributions represented by each genotypic group in the population.

**Palabras clave:** ovino, tamaño de camada, gen mayor