



**PROGRAMA DE DOCTORADO EN BIOCIENCIAS Y CIENCIAS  
AGROALIMENTARIAS**

**MEJORA GENÉTICA DE LA PRODUCTIVIDAD DE LA RAZA MERINO  
ESPAÑOL EXPLOTADA EN SISTEMAS DE PRODUCCIÓN SUSTENTABLE  
MEDIANTE LA OPTIMIZACIÓN DEL NÚCLEO CONTROL CÁRNICO**

**TESIS**

**PRESENTADA POR**

**JORGE OSORIO AVALOS**

**PARA OBTENER EL GRADO DE  
DOCTOR EN BIOCIENCIAS Y CIENCIAS AGROALIMENTARIAS**

**COMITÉ TUTORAL**

**Director: ANTONIO MOLINA ALCALÁ**

**Codirector: JUAN MANUEL SERRADILLA MANRIQUE**

**CÓRDOBA, ESPAÑA**

**SEPTIEMBRE 2015**

TITULO: *Mejora genética de la productividad de la raza merino español explotada en sistemas de producción sustentable mediante la optimización del núcleo control cárnico.*

AUTOR: *Jorge Osorio Avalos*

---

© Edita: Servicio de Publicaciones de la Universidad de Córdoba. 2015  
Campus de Rabanales  
Ctra. Nacional IV, Km. 396 A  
14071 Córdoba

[www.uco.es/publicaciones](http://www.uco.es/publicaciones)  
[publicaciones@uco.es](mailto:publicaciones@uco.es)

---





**TÍTULO DE LA TESIS: MEJORA GENÉTICA DE LA PRODUCTIVIDAD DE LA RAZA MERINO ESPAÑOL EXPLOTADA EN SISTEMAS DE PRODUCCIÓN SUSTENTABLE MEDIANTE LA OPTIMIZACIÓN DEL NÚCLEO CONTROL CÁRNICO**

**DOCTORANDO/A: JORGE OSORIO AVALOS**

## **INFORME RAZONADO DEL/DE LOS DIRECTOR/ES DE LA TESIS**

(se hará mención a la evolución y desarrollo de la tesis, así como a trabajos y publicaciones derivados de la misma).

El Dr. **Juan Manuel Serradilla Manrique**, Catedrático del área de Producción Animal de la Universidad de Córdoba, y **Antonio Molina Alcalá**, profesor Titular del área de Genética de la Universidad de Córdoba, como directores de la Tesis Doctoral titulada **“Mejora genética de la productividad de la raza Merino español explotada en sistemas de producción sustentable mediante la optimización del Núcleo de Control Cárnico.”** realizada por el Ldo. D. **Jorge Osorio Avalos**

### **INFORMAN QUE:**

desde nuestro punto de vista la presente memoria de Tesis Doctoral cumple perfectamente los requisitos de la legislación vigente en cuanto a originalidad y relación con el programa de doctorado cursado. La metodología empleada es la adecuada y los resultados obtenidos son relevantes tanto desde el punto de vista científico como económico.

De la misma forma la estructuración de los diferentes capítulos de la memoria es la adecuada. En el trabajo presentado se aborda desde una perspectiva muy aplicada la optimización del control productivo en una raza, como es la raza Merina, con fuertes limitantes en aspectos claves relacionados con la mejora genética, especialmente en cuanto a la conexión genética entre unidades productivas, debido a la escasa utilización de la inseminación artificial y el bajo intercambio genético entre explotaciones. Utilizando la metodología genética más avanzada para evaluar las consecuencias de estos limitantes, como es la metodología CACO, el doctorando demuestra que la estrategia basada en la utilización de un sistema de conexión basado en un rebaño conector, permite alcanzar niveles de conexión, y, por ende, niveles de fiabilidad suficientemente altas. La adaptación por primera vez del agrupamiento cluster basado en indicadores ambientales le ha permitido incrementar de forma clara la precisión de las valoraciones, tanto utilizando la metodología BLUP clásica como usando las técnicas de regresión aleatoria.

La calidad científica del trabajo presentado queda patente por las publicaciones a que ha dado lugar, dos trabajos en revistas impactadas del primer tercil:

- Osorio-Avalos, J., Serradilla, J.M., Molina, A. (2013) Genetic connections among herds in a selection nucleus of mutton type Merino sheep in Spain: A case of indirect connections through a connector herd in an extensive production system. *Small Rum. Res.*, 114, 56-63.

- Osorio-Avalos, J., Menéndez-Buxadera, A., Serradilla, J.M., Molina, A. (2015) Use of descriptors to define clusters of herds under similar environmental conditions to improve the level of connection among contemporary groups of mutton type merino sheep under an extensive production system. *Lives. Sci.*, 176, 54-60.

, así como una actualmente en revisión:

- Osorio-Avalos J., A. Menéndez-Buxadera, JM. Serradilla, A. Molina. 2015. Comparison of genetic parameters and breeding values of weight traits estimated using two types of contemporary groups in Spanish merino lambs. *J. Animal Bred & Genet. Sometido.*

y diversas comunicaciones a congresos (no incluidas en este informe).

Destacar también el alto impacto económico que la aplicación de las metodologías puestas a punto en la raza Merina en las razas de pequeños rumiantes del país del doctorando (Méjico), donde los núcleos de control se están empezando a organizar en estos momentos (al menos para las razas criollas mejicanas) y donde los limitantes al progreso genético sean probablemente más graves que en la raza Merina.

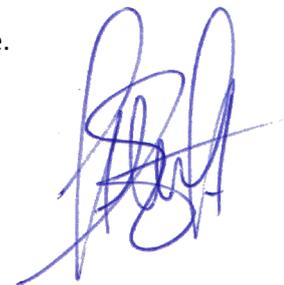
Para finalizar este informe indicar que durante los cuatro años de su periodo de tesis el Doctorando ha mostrado una gran capacidad de trabajo y una elevada capacidad para resolver los problemas planteados de una forma innovadora.

Por todo lo anterior, los directores consideran que la tesis presentada debe ser autorizada para su presentación y defensa.

Córdoba, tres de septiembre de dos mil quince.



Fdo.: Juan Manuel Serradilla Manrique



Fdo.: Antonio Molina Alcalá

## **AGRADECIMIENTOS**

**A la Asociación Nacional de Criadores de Ganado Selecto de la raza Merino por la contribución de los datos registrados del Núcleo Control Cárnico, así como todas las facilidades otorgadas para la realización de esta Tesis,**

**al Ministerio de Agricultura, Alimentación y Medio Ambiente (MAGRAMA), por proveer los datos climatológicos históricos,**

**a los Doctores Antonio Molina Alcalá y Juan Manuel Serradilla Manrique, por sus grandes enseñanzas, aportaciones y sugerencias que fortalecieron y enriquecieron la Tesis,**

**al Doctor Alberto Menéndez-Buxadera por sus atinadas aportaciones y sugerencias en la culminación de esta Tesis,**

**a todos los compañeros integrantes del Departamento de Genética, por su siempre fiel e increíble apoyo, por compartir sus conocimientos, sus enseñanzas en éste estudio, su paciencia, fué un gran aprendizaje, gracias!**

**y al Programa de Desarrollo al Personal Docente Tipo Superior (PRODEP) de la Secretaria de Educación Pública (SEP) del Gobierno Federal de México, por el otorgamiento de la beca para la realización de los Estudios de Doctorado en la Universidad de Córdoba, España.**

## **DEDICATORIAS**

**A Dios, por permitir vivir esta experiencia y culminar una meta más en la vida,**

**Silvia, mi compañera, mi fortaleza, mi apoyo, mi amor, gracias por estar conmigo, y a mis hijos Dany y Mau, seres maravillosos que son mi gran inspiración, mi motivación, los amo,**

**A ti Mamá, por que desde que nací hasta el día de hoy estoy presente en ti, eres una mujer extraordinaria. A mi Padre (q.e.p.d) que está en el cielo.**

**Tere, Martha, Jaime, Oscar, Silvia, Nena (q.e.p.d), Eduardo, mis hermanos que siempre me han acompañado, que disfrutamos de los logros familiares, en esta vida llena de retos,**

**Y a mis sobrinos todos ellos, por ser la chispa alegre que rodea a nuestra vidas, los quiero mucho.**

# ÍNDICE

<b>RESÚMEN</b>	<b>1</b>
<b>ABSTRACT</b>	<b>5</b>
<b>INTRODUCCIÓN GENERAL</b>	<b>9</b>
<b>JUSTIFICACIÓN Y OBJETIVOS</b>	<b>15</b>
<b>CAPÍTULO 1. EVALUACIÓN DEL SISTEMA DE CONEXIÓN GENÉTICA INDIRECTA ENTRE REBAÑOS OVINOS DE LA RAZA MERINO</b>	<b>19</b>
<b>1.1 Introducción</b>	<b>21</b>
<b>1.2 Material y métodos</b>	<b>25</b>
1.2.1 Material Animal	25
1.2.2 Métodos	25
1.2.2.1 Conexión a través del rebaño conector del Núcleo Control Cárnico (NCC)	25
1.2.2.2 Similitud genética entre rebaños	25
1.2.2.3 Método Criterion of Admission to the Group of Connected Herds (CACO)	27
1.2.2.3.1 Estimación de los contrastes de los CD	27
1.2.2.3.2 Selección de los grupos de rebaños conectados	28
<b>1.3. Resultados y discusión</b>	<b>30</b>
1.3.1 Conexión directa y conexión indirecta entre rebaños	30
1.3.2 Similitud Genética (SG) entre rebaños	31
1.3.3 CD de sementales Merino a través del método CACO y análisis de sensibilidad	34
1.3.4 Contraste de los CD entre rebaños	37
1.3.5 Rebaños conectados (“clusters” de conexión)	39
<b>1.4 Conclusiones parciales Capítulo 1</b>	<b>42</b>
<b>CAPÍTULO 2. AGRUPACIÓN DE REBAÑOS CON SIMILARES CONDICIONES AMBIENTALES UTILIZANDO DIFERENTES DESCRIPTORES PARA MEJORAR EL NIVEL DE CONEXIÓN ENTRE GRUPOS CONTEMPORÁNEOS PARA EVALUACIONES GENÉTICAS EN LA RAZA MERINO</b>	<b>45</b>
<b>2.1 Introducción</b>	<b>47</b>
<b>2.2 Material y métodos</b>	<b>50</b>
2.2.1 Material animal	50
2.2.2 Variables	50
2.2.2.1 Variables climatológicas	50
2.2.2.3 Características productivas	54
2.2.3 Análisis estadístico	55
<b>2.3 Resultados y discusión</b>	<b>58</b>
2.3.1 Análisis discriminante, factorial y cluster	58
2.3.2 Comparación de los niveles de conexión entre rebaños con el modelo cluster y modelo rebaño	62

2.4 Conclusiones parciales Capítulo 2 _____	65
<b>CAPÍTULO 3. VALIDACIÓN DE LA ESTIMACIÓN DE LOS PARÁMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS DE CRECIMIENTO EN CORDEROS MERINO ESPAÑOL USANDO METODOLOGÍAS REML Y REGRESIÓN ALEATORIA CON DOS TIPOS DE GRUPOS CONTEMPORÁNEOS _____</b>	<b>67</b>
3.1 Introducción _____	69
3.2 Material y métodos _____	71
3.2.1 Material animal _____	71
3.2.2 Análisis estadístico _____	72
3.2.2.1 Modelo animal univariado _____	72
3.2.2.2 Modelos de Regresión aleatoria. _____	74
3.3 Resultados y discusión _____	78
3.3.1 Estimación de los parámetros genéticos y valores genéticos con modelo animal utilizando metodología REML univariado. _____	79
3.3.2 Estimación de los parámetros genéticos y valores genéticos con metodología del RRM _____	82
3.4 Conclusiones parciales capítulo 3 _____	85
<b>CAPÍTULO 4. DISCUSIÓN GENERAL _____</b>	<b>87</b>
<b>CAPÍTULO 5. CONCLUSIONES GENERALES DE LA TESIS _____</b>	<b>97</b>
<b>REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS _____</b>	<b>101</b>
<b>PUBLICACIONES A QUE HA DADO LUGAR ESTA TESIS _____</b>	<b>107</b>
<b>PUBLICACIONES EN REVISTAS IMPACTADAS _____</b>	<b>107</b>
<b>PUBLICACIÓN EN OTRO TIPO DE DOCUMENTOS _____</b>	<b>107</b>

## ÍNDICE DE TABLAS

<b>Tabla 1.</b> Promedio de los coeficientes de determinación (CD) de las estimaciones de los valores genéticos de sementales de la raza Merino, bajo diferentes escenarios de heredabilidad: baja (0,10), moderada (0,25) y alta (0,40) y para el principal criterio de selección, peso a 75 días de edad, la $h^2=0,356$ .	36
<b>Tabla 2.</b> Número y porcentaje de sementales de la raza Merino presentando valores del CD superiores a 0,40, con diferentes escenarios de heredabilidad estudiados.	37
<b>Tabla 3.</b> Valores promedio de los coeficientes de determinación (CD) comparados entre rebaños con diferentes niveles de heredabilidad ( $h^2$ ).	38
<b>Tabla 4.</b> Descriptores ambientales (variables) registrados en los rebaños del Núcleo de Selección de ovinos Merino en España.	51
<b>Tabla 5.</b> Altitud y localización de la estación meteorológica (distancia con respecto a los rebaños) y registros de los valores anuales promedio de temperatura, humedad relativa, velocidad del viento y el THI.	53
<b>Tabla 6.</b> Variables <sup>a</sup> relacionadas a los sistemas de manejo y producción de los rebaños del NCC de la raza Merino, indicando el número de niveles, clases y número de rebaños.	54
<b>Tabla 7.</b> Estadística descriptiva de las características <sup>a</sup> productivas en los rebaños del NCC de la raza Merino en España.	56
<b>Tabla 8.</b> Autovalores y porcentaje de la varianza explicada obtenida en el análisis factorial para los 20 descriptores ambientales registrados en los rebaños del NCC de la raza Merino en España.	59
<b>Tabla 9.</b> Comparación de los promedios de los valores de los coeficientes de determinación (CD) de pares de clusters de los rebaños del NCC de la raza Merino en España, obtenido con el modelo cluster y el modelo rebaño, bajo tres niveles de heredabilidades.	63
<b>Tabla 10.</b> Orden de los polinomios de Legendre de los efectos aleatorios y el tipo de varianza residual considerados en los modelos de regresión aleatoria (RR) utilizados para los pesos registrados en corderos Merino y sus valores de los estadísticos de ajuste de estos modelos.	76
<b>Tabla 11.</b> Estadística descriptiva de los registros de la edad, pesos y ganancia diaria de peso de los corderos nacidos de 2002 a 2011 en el Núcleo de Selección de la raza Merino Español.	78
<b>Tabla 12.</b> Coeficientes de correlación de Pearson entre el conjunto total de observaciones de los pesos en los corderos de la raza Merino (P45 y P75) y las predicciones correspondientes obtenidas con el modelo animal con metodología REML con ambos tipos de GC en cada una de las diez repeticiones de validación cruzada.	80

**Tabla 13.** *Parámetros genéticos (errores estándar de algunos de ellos) para los P45 y P75 en corderos, obtenidos con modelos con metodología REML, con ambos tipos de GC y los porcentajes de variación entre ambas estimaciones.* ..... 81

**Tabla 14.** *Coefficientes de correlación de Pearson entre los registros del día de prueba de los pesos de corderos Merino y la predicción correspondiente obtenida con el modelo nº 4 de RRM con ambos tipos de GC en cada una de las diez repeticiones realizadas para la validación cruzada y correlaciones entre la predicción obtenida con los modelos con RETD y NATD.* ..... 84

## ÍNDICE DE FIGURAS

**Figura 1.** *Representación gráfica de las conexiones genéticas directas (líneas en color rojo) e indirectas (líneas en color azul) a través del rebaño conector (CENSYRA, sigla E) entre los 47 rebaños (siglas) del Núcleo Control Cárnico de la raza Merino.* ..... 30

**Figura 2.** *Representación gráfica de las proporciones de las conexiones genéticas a partir de la similitud genética vía padres (SG\_p); diferenciando las conexiones vía abuelos paternos (marcados en color azul) y vía abuelos maternos (marcados en color lila). Los rebaños marcadas en color verde son aquellas que presentan similitud genética (SG) por las tres vías.* ..... 32

**Figura 3.** *Número y porcentaje de sementales con un  $CD \geq 0,40$  de acuerdo al número de descendientes, con una  $h^2 = 0,356$ .* ..... 37

**Figura 4.** *Obtención de clusters de rebaños ovinos de la raza Merino utilizando metodología CACO, bajo los diferentes escenarios de heredabilidad estudiados (0,10, 0,25, 0,40 y 0,356).* ..... 41

**Figura 5.** *Cambios de los valores promedio diarios del índice temperatura – humedad (THI), valores registrados en las seis estaciones meteorológicas localizadas en las cercanías a los 23 rebaños ovinos Merino.* ..... 52

**Figura 6.** *Clusters jerárquico obtenido (dendograma) del análisis de cluster a partir de los descriptores ambientales presentados en la Tabla 5, representando el agrupamiento de rebaños del NCC de la raza Merino.* ..... 62

**Figura 7.** *Curvas de las medias mínimo cuadráticas del peso corporal ajustado a lo largo de la edad de los corderos de la población global (promedio) y de cada uno de los niveles ambientales (Env) del Núcleo de Selección de la raza Merino Español.* ..... 79

## RESÚMEN

Con la finalidad de mejorar la fiabilidad de las evaluaciones genéticas, se realizaron estudios para la identificación y cuantificación del nivel de conexión entre rebaños ovinos de la raza Merino Español. Esta raza basa su explotación en un sistema extensivo y casi nula utilización de la inseminación artificial (I.A). Para asegurar un nivel adecuado de conexión genética entre rebaños, necesaria para obtener valoraciones fiables de los valores genéticos (VG) en el esquema de selección de la raza, se viene empleando un sistema de conexión indirecta mediante la valoración de algunos jóvenes sementales en prueba (previa valoración por descendencia en su propia explotación). Los mejores sementales de cada explotación son trasladados a un rebaño experimental, que es utilizado como “*rebaño conector*” para una segunda valoración bajo las mismas condiciones ambientales. Este sistema presenta un inconveniente claro al exigir la utilización de machos probados previamente en su propia explotación para la conexión de rebaños y campañas ganaderas. Esto determina un retraso en la prueba de descendencia de los sementales y una disminución en el progreso genético con relación a sistemas de conexión clásicos. Para esta tesis se utilizaron los datos de los controles de rendimiento proporcionados por la Asociación Nacional de Criadores de Ganado Selecto de la raza Merino entre los años 2000 a 2011. El conjunto de datos originales consistió en 86773 registros del peso a 75 días de edad, con un número total de animales en el archivo de pedigrí de 110510 (86879 corderos hijos de 2011 sementales y 40257 ovejas), en 47 rebaños que integran el Núcleo Control Cárnico (NCC) de la raza. Los resultados obtenidos indicaron una conexión directa entre rebaños de 55,3% y conexiones indirectas a través del rebaño conector (CENSYRA) de 95,7%.

Para analizar el sistema de conexión entre rebaños de la raza, se empleó el método de la similitud genética (SG) entre rebaños. Veintinueve rebaños (61,7%) compartieron padres con algún otro rebaño; mientras que por SG vía abuelos paternos se encontraron catorce rebaños (28,6%), y por la SG vía abuelos maternos se observaron veintisiete rebaños (57,4%).

El análisis de la comparación de las medias de los coeficientes de determinación (CD), que mide el nivel de conexión de dos rebaños a través de ancestros comunes, fue estimado con la metodología del *Criterion of Admission to the Group of Connected Herds (CACO)*, determinó que la estimación de los CD depende fuertemente del valor de la heredabilidad y del número de crías controladas por semental. Para el principal criterio de selección en esta raza (el peso a los 75 días de edad) el promedio de la media de los contrastes de los CD fue de 0,73 (mayor al umbral a priori,  $CD=0,40$  que considera conectados dos rebaños), observándose por lo tanto el 100% de los rebaños conectados. Para la heredabilidad del peso a 75 días de edad (0,356), el promedio de los CD fue más que aceptable en sementales (0,62), lo cual da validez al sistema de conexión indirecta que sigue esta raza. Este resultado disminuyó a 0,42 cuando los sementales tenían menos de 30 crías controladas alcanzando hasta un CD de 0,92 para sementales con más de 150 crías controladas.

Para intentar mejorar el nivel de conexión, se agruparon los rebaños en grupos ("*clusters*") con semejantes condiciones ambientales mediante 20 descriptores (variables climatológicas, del sistema de manejo y productivas). Estos fueron seleccionados debido a que explicaron una mayor variabilidad de los datos (explicaron el 78,3% de la varianza total), dando como resultado la conformación de 4 grupos (*clusters* de rebaños) que fueron considerados como niveles ambientales (NA) estadísticamente diferentes.

La comparación de la eficacia del uso de los modelos de evaluación genética con grupos contemporáneos constituidos con los nuevos niveles ambientales (NA) y comparado con la de los modelos convencionales considerando el efecto rebaño (Re),

se llevó a cabo mediante simulación con la metodología CACO. La base de datos utilizada para este fin estuvo integrada por un archivo de pedigrí con 79839 animales y por 50503 controles del peso ajustado a 75 días de edad de corderos hijos de 1193 sementales y 31720 ovejas, registrados durante el periodo 2002 a 2011 en 23 rebaños pertenecientes a la NCC de la raza. Para el principal criterio de selección de la raza Merino (peso ajustado a los 75 días de edad), se observó un incremento en los valores del CD entre 2,3% a 14,9% cuando se utilizaron los NA en el modelo. Estos valores resultaron ser dependientes de la heredabilidad con incrementos comprendidos entre 4,1% y 24,9% cuando se utilizaron en la simulación diferentes valores de la heredabilidad (de bajos a altos). Los resultados sugieren que la definición de estos nuevos “clusters”, que agruparon rebaños con similares condiciones ambientales, es una atractiva posibilidad para aquellas poblaciones en sistemas de producción extensivos con limitadas conexiones entre rebaños, determinando una mejora en la fiabilidad de las evaluaciones genéticas a pesar del escaso uso de la inseminación artificial (I.A).

Aplicando las metodologías de máxima similitud restringida (REML) y de regresión aleatoria (RR) con un modelo animal, se compararon los valores de los componentes de varianza y la fiabilidad de los valores genéticos estimados (VGE) para los pesos a 45 días (P45) y 75 días (P75) de edad de los corderos, usando dos grupos contemporáneos (GC): Re vs NA. Se utilizó un sistema de validación cruzada para probar cuál de los dos modelos (Re y NA) se ajustaba mejor a las observaciones. El 80% de las observaciones elegidas aleatoriamente se utilizaron para ajustar el modelo. Con el modelo ajustado se realizó la predicción de los valores fenotípicos para el restante 20% de las observaciones. Este proceso fue repetido 10 veces y se obtuvieron las correlaciones de Pearson entre los valores observados y estimados en cada caso. Para el análisis REML, el conjunto de datos estuvo integrado por un pedigrí con 38024 animales, 4515 registros de pesos a los 45 días y 4507 registros de pesos a los 75 días en corderos hijos de 162 y 158 sementales, y 3042 y 2748 ovejas,

respectivamente. Para el análisis de RR, el conjunto de datos fue diferente para cada categoría de edad: 17846 de 2 a 44 días, 13265 de 45 a 60 días y 21723 de 61 a 110 días. Estos corderos nacieron en 19 rebaños que integran al NCC entre 2005 a 2013. Las estimaciones de la heredabilidad directa y materna para el P45 obtenidas con metodología REML, aumentaron de 0,13 a 0,15 y de 0,54 a 0,58, respectivamente, cuando fue incluido como GC en el modelo el NA vs Re. La covarianza genética entre los efectos directos y maternos cambió de -0,49 a -0,55. La heredabilidad directa del P75 también aumentó de 0,25 a 0,35 cuando fue utilizado como GC en el modelo el NA vs Re. Las estimaciones de la heredabilidad con modelos utilizando metodología de RR presentaron similares patrones, las heredabilidades directas de P45 y de P75 aumentaron 12,7% y 10,7%, respectivamente. Las fiabilidades de las estimaciones de los valores genéticos (VG) para P45 y P75 obtenidas con metodología REML se incrementaron un 32,7% y un 34,7%, respectivamente cuando se utilizó en el modelo el NA vs Re. También se observaron incrementos importantes cuando los VG fueron estimados con metodología de RR con el 10,8% y 3,5% para P45 y P75, respectivamente. Por lo tanto se puede concluir que los incrementos de las estimas de heredabilidad y de la fiabilidad de los VG del principal criterio de selección de la raza Merino obtenidos cuando se utilizan los NA como GC en los modelos de valoración genética pueden contribuir a mejorar la eficacia del Programa de Selección.

## ABSTRACT

In order to improve the reliability of the genetic evaluations, studies were performed for the identification and quantification of the level of connection between herds of Spanish Merino. This breed bases its exploitation on a extensive system and almost none use of artificial insemination (A.I). To ensure an adequate level of genetic connection among herds, required for reliable assessments of the breeding values (BV) of the animals in the selection scheme of the breed, an indirect connection system has been employed through the assessment of some young sires under test (prior evaluation by descent on his own herd). The best sires were transferred to an experimental herd, which is used as a "connector flock" for a second valuation under the same environmental conditions and on several occasions for its relationship with the rest of the males found in the original herds. This system has a clear disadvantage by requiring the use of proven sires on its own herd for connecting the herds and livestock campaigns causes a decrease in the genetic progress in relation to traditional connection systems. Data from the Asociación Nacional de Criadores de Ganado Merino (National Association of Spanish Merino Sheep Breeders), collected between the years 2000 to 2011, were used for this thesis. The original database consisted of 86773 weights registered at 75 days of age, with 110510 animals in the pedigree file (86879 lambs sons of 2011 sires and 40257 ewes) in 47 herds which constitute the Selection Nucleus (SN) of the breed. The results showed that 55.3% of the herds were directly connected and 95.7%, were indirectly connected through the connector herd (CENSYRA), suggesting the existence of a significant level of exchange of genetic material between herds. To analyse the system of connection of the breed, the genetic similarity (GS) between herds was estimated. Twenty-nine herds (61.7%) shared parents with at least another herd, whereas fourteen (28.6%) were found to have genetic similarities via paternal grandfathers and twenty seven (57.4%) via maternal

grandfathers. The comparison of the means of the coefficients of determination (CD), which measures the degree of connection of two herds through common ancestors, was done with the *Criterion of Admission to the Group of Connected Herds* (CACO) methodology. The estimated values of the CD strongly depended on the heritability of the trait and the number of controlled offspring per sire. The average CD of contrasts for the main selection criteria in this breed (75 day-weight) was 0.73 (greater than the threshold a priori,  $CD = 0.40$ ), recording 100% of the herds. For the heritability of weight at 75 days (0.356), the average CD was more than acceptable in sires (0.62). This result by itself validates the indirect connection system followed in the selection program of this breed. This average value dropped to 0.42 when sires had less than 30 offspring and it went to 0.92 for more than 150 descendants per sire.

To assess the possible improvement in the level of connection herds were clustered in similar environmental conditions, according to 20 descriptors or variables (climatic, production and managing systems), explaining the 78.3% of the total variance of the data, were used to group herds in four clusters which were considered as different environmental levels (EL). The efficacy of genetic evaluation models including these new EL as contemporary groups (CG) vs conventional models including herd effect (H) was studied using the CACO method. The database used for this purpose contained records on births and weights of 50503 lambs and a pedigree with records of 79839 animals issued from 31720 ewes mated to 1193 rams, registered from 2002 to 2011 in 23 farms which constitute the SN of the breed. For the main selection criteria presently being used in this breed (75 day-weight), values of CD increased between 2.3% and 14.9% when clusters were used in the model, and the same trend was observed when low, medium and high heritability were used in the simulations, increasing the values of these CD between 4.1% and 24.9%. These results suggest that grouping herds with similar environments is an attractive alternative to improve connections between herds in extensive production systems with a low level of connections due to the absence of artificial insemination.

The values of the variance components and the reliability of the estimated genetic values (EBV) for weights at 45 days (W45) and 75 days (W75) were estimated with animal models using restricted maximum likelihood (REML) and random regression (RR) methodologies. Results obtained with two contemporary groups (CG), H vs EL, were compared. A cross validation was used to test which of the two models (H and EL) fit better to the observations. Each model was fitted to 80.0% of the observations randomly chosen. With the fitted model the prediction of the phenotypes for the remaining 20.0% of the observations was performed. This process was repeated 10 times and Pearson correlations were obtained in each case between the observed and predicted values. For the REML analysis, the database contained a pedigree with 38024 animals, 4515 records of W45 and 4507 records of W75 from lamb sons of 162 and 158 rams and 3042 and 2748 ewes, respectively. For analysis RR, the data set were different for each age category: 17846 observations of 2-44 days, 13265 of 45-60 and 21723 of 61-110 days with. These lambs were born from 2005 to 2013 in 19 herds. The estimations of direct and maternal heritability obtained with REML for W45 increased from 0.13 to 0.15 and from 0.54 to 0.58, respectively, when using EL instead H contemporary groups. The genetic covariance between direct and maternal effects changed from -0.49 a -0.55. Direct heritability of W75 also increased from 0.25 to 0.35. The estimations of heritability obtained with RR models showed similar patterns, direct heritability of W45 and W75 increased 12.7% and 10.7%, respectively. Reliabilities of the estimated breeding values (EBV) for W45 and W75 obtained with REML increased 32.7% and 34.7%, respectively, when using EL contemporary groups. Lower increments were observed when EBVs were estimated with RR models with only 10.8% and 3.5% for W45 and W75, respectively. Using environmental level as contemporary groups might contribute to improve the effectiveness of the Selection Program of the Merino breed in Spain.



## INTRODUCCIÓN GENERAL

La actividad ganadera es un pilar fundamental para el desarrollo económico de los países en desarrollo e incluso de aquellas otras regiones en países desarrollados con un fuerte peso del sector agroganadero en su Producto Interno Bruto (FAO, 2010a).

Actualmente, con la creciente preocupación por el mantenimiento del medio ambiente y la lucha contra el cambio climático, se desea fomentar el desarrollo de rebaños mucho menos contaminantes que mantengan el equilibrio agroganadero. En este sentido las ganaderías ovinas de orientación cárnica presentan el valor añadido de sustentarse en sistemas productivos extensivos o semiextensivos (FAO, 2010b), y por lo tanto compatibles con el mantenimiento de un medio ambiente muchas veces singular, como podría ser la campiña Andaluza, o de algún valor ecológico como es la Dehesa, representativo del suroeste español y último representante existente del ecosistema del bosque mediterráneo. Desde el punto de vista económico contribuyen de forma insustituible al mantenimiento de la población rural en zonas deprimidas y con frecuencia en una clara tendencia al despoblamiento.

La ganadería en una economía globalizada donde la competencia del mercado manifiesta cada día una mayor agresividad, el mantenimiento de esta actividad económica exige un incremento de los niveles productivos y una disminución en los costos de su explotación (FAO, 2010b) que las haga competitiva al menos en los mercados locales. En España, la amplitud del área de distribución de ovinos de la raza Merino y su carácter fuertemente extensivo a lo largo de una amplia área geográfica, hacen que las diferencias ambientales a las que están sometidos los animales sean muy grandes, originando diversidad morfológica y en las tasas de crecimiento de los corderos (Serradilla et al., 2008; Magrama, 2011).

En razas ovinas de aptitud cárnica como la Merino en España emplean generalmente en su sistema de producción la monta natural, en que las conexiones

entre rebaños debida a los padres de referencia son muy escasas y las conexiones indirectas a partir de otros grados de parentesco son generalmente débiles. El uso de la inseminación artificial (I.A) es escasa, así como del movimiento de sementales entre rebaños, cuya medida no es factible debido al rechazo de los ganaderos en emplear carneros provenientes de otros rebaños, como medida de precaución sanitaria (Jiménez, 2002) o simplemente por razones culturales al ser una ganadería muy tradicional donde cada ganadero suele considerar que sus animales son los más "auténticos" de la raza.

Generalmente, es aceptado que el nivel de producción del rebaño es el reflejo del manejo, alimentación y de la atención que recibieron todos los animales del rebaño, y se tiene como consecuencia que el valor del efecto del rebaño representa un "nivel ambiental" que recibieron esos animales. La combinación de estos bajos niveles de conexión y una gran diversidad de condiciones ambientales y de manejo a las que son sometidos los rebaños, hace difícil definir los grupos contemporáneos (GC), generando que la estimación de los valores genéticos (EVG) obtenidos puedan ser poco fiables (Neser et al., 2008; Banks y Brown, 2009).

La cuantificación de los efectos ambientales se resolvió de forma bastante satisfactoria con el desarrollo de los modelos mixtos y el BLUP. La corrección del efecto fijo no genético incluido en el modelo animal posibilita la comparación de la estimación de la EVG de animales bajo diferentes condiciones ambientales, siempre que exista un adecuado nivel de conexión genética que permita la diferenciación de los efectos ambientales de los genéticos. Sin embargo, la comparación de la EVG de los animales que se encuentran en diferentes rebaños puede estar sesgada debido a las diferencias que puedan existir entre la EVG promedio de los rebaños (Kennedy y Trus, 1993; Lewis et al., 1999; Kuehn et al., 2007), o bien si las conexiones entre estos rebaños son insuficientes (Kuehn et al., 2008) para una diferenciación fiable. Por ello, la conexión entre rebaños es crítica para definir a los grupos de animales (grupo

contemporáneo, GC) que permita estimar los valores genéticos de los animales de forma fiable.

En la actualidad el grupo de Investigación Meragem (grupo AGR-158) está involucrado en la puesta a punto de metodologías estadístico-genéticas capaces de optimizar la información productiva obtenida en el Núcleo de Control Cárnico de la raza Merino y que permitan la valoración genética en situaciones de escasos registros genealógicos, en relación a los métodos de valoración clásica como el BLUP (Molina et al., 2007; 2008). Con este objetivo se enmarcan trabajos como el de Menéndez-Buxadera et al. (2003) donde se puso a punto la metodología de valoración genética mediante el modelo de Regresión Aleatoria (MRR) en la raza Merino Español. Molina et al. (2007) estimaron los parámetros genéticos para el peso del nacimiento y al destete en corderos Merino Español incluyendo los efectos genéticos directos y maternos, así como su correlación, indicando que existe un gran potencial para la selección y mejora genética en esta población. Los MRR muestran ventajas debido a que son más informativos y más precisos (Meyer, 2003; Meyer, 2005), proponiendo que debe estar considerado en el Programa de Mejora del Merino Español.

Para que dichas metodologías sean aplicables, es necesario un buen sistema de conexión genética entre los rebaños que permita una separación de los diferentes efectos que están actuando para determinar el fenotipo (Kennedy y Trus, 1993; Lewis et al., 1999).

Para evaluar el grado de conexión entre rebaños, se han propuesto diversos procedimientos, desde el clásico método gráfico de determinación del nivel de conexión (representando los caminos de conexiones entre los rebaños), o calcular un índice basado en el parentesco entre los animales o bien en la incidencia del nivel de conexión en la fiabilidad de la EVG. Para los índices basados en el parentesco, se ha utilizado el método de la similitud genética (Rekaya et al., 2003; Tarrés et al., 2009). Otros métodos desarrollados se basan en el análisis del nivel de fiabilidad de la EVG, destacando entre otros el índice de conexión (IC) (Foulley et al., 1992), la predicción

de la varianza del error (PVE) (Foulley et al., 1992; Kennedy y Trus, 1993) o la comparación del coeficiente de determinación (CD) (Laloë et al., 1996). Según Fouilloux et al. (2008), los CD combinan 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 animales a partir de la matriz de parentesco, en el cual un bajo valor del CD indica cierta confusión entre las diferencias ambientales y genéticas (Kennedy y Trus, 1993).

Un método efectivo para evaluar el grado de conexión entre rebaños con ambientes similares es el *Criterion of Admission to the Group of Connected Herds* (CACO), que ha sido adoptada en evaluaciones genéticas (IBOVAL) en razas francesas de bovinos de carne y caprinos de leche (Fouilloux et al., 2008). Esta metodología se ha utilizado para evaluar el grado de conexión genética en bovinos negros japoneses (Nakaoka et al., 2009) y Nelore brasileños (Pegolo et al., 2011). En España se llevó a cabo un estudio en explotaciones de bovinos de carne de la raza Bruna dels Pirineus, donde sus sistemas de producción basan el manejo reproductivo en la monta natural (Tarrés et al., 2010).

El incremento del nivel de conexión entre unidades productivas viene desarrollándose con notable éxito en aquellas razas en las que se usa la I.A (mediante la utilización de semen de machos conectores) y que viene utilizándose de forma rutinaria. No obstante hay razas, como es el caso del Merino, donde no se utiliza este sistema de fertilización de forma rutinaria, y en la que la implantación de un sistema de conexión mediante I.A y machos conectores va a contar con la oposición de la mayoría de los ganaderos que conforman el núcleo de control de la raza. A las razones económicas, de manejo que no es práctico en sistemas extensivos (debido a que requiere el recoger el ganado 3 a 4 veces para aplicar la I.A y resulta muy costoso), se unen otras sociológicas debido a la percepción de la baja eficacia de esta metodología

(baja fertilidad frente a la monta natural) o al simple rechazo de una técnica poco relacionada con los métodos tradicionales de explotación de la raza.

En este sentido en vacuno de leche se ha desarrollado un método para mejorar los niveles de conexión entre estos grupos de rebaños con entornos productivos semejantes (Weigel y Rekaya, 2000; Carvalheira, 2000; Vasconcelos et al., 2006), mediante la determinación de grupos de rebaños (“clusters”) con similares condiciones de manejo y sistemas de producción (Fikse et al., 2003). Weigel y Rekaya (2000) defendieron que el procedimiento de “Clusters” de rebaños bajo similares condiciones ambientales puede ser intuitivamente atractivo para definir nuevos grupos contemporáneos (GC). Bryant et al. (2005) propusieron llevar a cabo estudios que incluyeran variables o descriptores ambientales como el tamaño del hato, precipitación y la altitud.

En el caso de los ovinos de carne donde existe un mayor problema para conseguir niveles de conexión adecuados, no se ha realizado estudios orientados a utilizar variables climatológicas, del sistema de manejo y productivas para agrupar rebaños cuyo propósito sea mejorar el nivel de conexión entre GC y por consiguiente obtener una mayor precisión de las evaluaciones genéticas.

El proyecto de investigación de esta tesis se enmarcó en esta líneas de trabajo, pretendiendo la puesta a punto de éstas metodologías para la optimización productiva del Núcleo de Control Cárnico usando la información de la raza Merino.



## JUSTIFICACIÓN Y OBJETIVOS

La metodología BLUP proporciona unas estimas de los valores genéticos o de mejora de los animales, lo que permite a los ganaderos seleccionar a los mejores sementales para las futuras generaciones, y la comparación entre estos animales que se encuentran en diferentes rebaños puede no ser del todo precisa, debido a las diferencias que puedan existir entre los valores genéticos (VG) promedios de las rebaños o las condiciones ambientales muy diferentes, si las conexiones entre estos rebaños son insuficientes.

En sistemas productivos fuertemente extensivos, como es el caso de la raza Merino, las diferencias ambientales a las que son sometidos los animales son muy grandes, así como diversidad en su base genética de dichos rebaños. Todo ello justifica los esfuerzos para tener una buena conexión genética que permita discriminar los efectos genéticos de los ambientales. No obstante en la raza Merino la utilización de la I.A es testimonial y no se dan las condiciones económico-sociológicas para instaurar un sistema de conexión basado en la utilización de machos de referencia conectores.

Para intentar minimizar este problema en el Núcleo de Control Cárnico de la raza Merino se estableció una conexión indirecta apoyada en la estación de prueba (denominada oficialmente CENSYRA), que viene funcionando desde hace más de dos décadas. Esto permite realizar una conexión directa dentro de los propios rebaños (entre campañas o años ganaderos) y una conexión indirecta al reevaluarse los jóvenes sementales que fueron sometidos a prueba de descendencia en su propia explotación en un centro donde pueden valorarse machos procedentes de varios rebaños a la vez (bajo las mismas condiciones ambientales y con un mismo nivel genético de las hembras con las que se aparean).

No obstante, es importante la identificación y la cuantificación del nivel de conexión y en su caso una optimización de éste mediante la puesta a punto de tecnologías de agrupamiento (clustering) entre ganaderías en base a los efectos ambientales (como son los de tipo climatológicos, del sistema de manejo del rebaño y productivas), cuyas variables afectan a los animales que se explotan.

Los modelos utilizados para la estimación de valores genéticos (EVG) de explotaciones animales incluyen como efecto (en determinados casos como efectos fijos, y generalmente como aleatorios) los grupos contemporáneos (GC) que usualmente son una combinación rebaño-año-estación, que supone que cubren toda la gama de condiciones medio ambientales en las que se crían los animales. Una buena definición de estos grupos (cuanto más grandes mayor número de animales a comparar, pero mayor posibilidad de incluir diferencias ambientales entre dichos animales) es especialmente crítica en poblaciones de razas con explotaciones con bajo nivel económico donde el control productivo es muy limitado y por su carácter extensivo más caro y en aquellas otras poblaciones en las que por diferentes razones no existe un buen flujo genético entre las diferentes unidades productivas..

La combinación de bajos niveles de conexión y una gran diversidad de condiciones ambientales y de manejo a las que son sometidos los rebaños de razas como la Merino hace difícil una buena definición de los GC, generando que la predicción de la EVG obtenidos puedan ser poco fiables y como consecuencia un bajo progreso genético en el Programa de Selección. El procedimiento de “clusters” de rebaños bajo similares condiciones ambientales puede ser intuitivamente atractivo para definir nuevos GC, mejorando el nivel de conexiones desconocidas y por consiguiente la fiabilidad de las EVG de los animales.

Los estudios de esta tesis fueron encaminados a la identificación y cuantificación del sistema de conexión genética entre rebaños del núcleo de control cárnico apoyado en metodologías como la Similitud Genética (SG) y el “Criterion of Admission to the Group of Connected Herds” (CACO), optimizando, mediante el agrupamiento de

rebaños en función de su nivel ambiental, grupos (“clusters”) integrados a partir de los descriptores ambientales, y que a través de metodologías con modelos animales y con el método de máxima similitud restringida (REML) o con la utilización de modelos de regresión aleatoria (MRR), permitiesen comparar los componentes de varianza y la fiabilidad de la estimación de los valores genéticos (EVG) para características del peso a los 45 (peso al destete) y 75 días de edad (peso al final del cebo) en corderos Merino, utilizando dos tipos de grupos contemporáneos: los rebaños frente a los “clusters” de rebaños con niveles ambientales semejantes.

**Por lo tanto los objetivos que nos planteamos en esta Tesis Doctoral han sido:**

- **Evaluar el nivel de conexión entre rebaños de la raza Merino Español que se obtiene empleando como conexión indirecta *un rebaño conector* dentro del Núcleo Control Cárnico.**
- **Evaluar el nivel de conexión directa entre rebaños de la raza Merino Español, a partir del método de Similitud Genética (SG).**
- **Evaluar el grado de conexión genética entre rebaños y su repercusión sobre las fiabilidades de las valoraciones genéticas, empleando la comparación de los coeficientes de determinación (CD) entre rebaños utilizando la metodología CACO y simular las consecuencias del grado de conexión conseguida en la raza Merino sobre la precisión de las valoraciones genéticas de otros caracteres en función de su heredabilidad.**
- **Identificar los descriptores ambientales que permitan definir “clusteres” de rebaños del NCC de la raza Merino sometidas a condiciones ambientales, de manejo y de nivel productivo semejantes, producto de la aplicación de los análisis discriminante, factorial y cluster.**

- Comparar las estimas de los componentes de varianza y de la fiabilidad de la estimación de los valores genéticos para los pesos a 45 y 75 días de edad, obtenidos mediante un modelo animal utilizando metodologías REML y de regresión aleatoria, con dos tipos de grupos contemporáneos (rebaños frente a cluster de rebaños con niveles ambientales semejantes), para lo que se utilizó un sistema de validación cruzada.

## **CAPÍTULO 1. EVALUACIÓN DEL SISTEMA DE CONEXIÓN GENÉTICA INDIRECTA ENTRE REBAÑOS OVINOS DE LA RAZA MERINO**



## **1.1 Introducción**

El modelo animal del BLUP permite obtener estimaciones insesgadas de los valores genéticos para todos los animales de la población que cuentan con registros fenotípicos y de los animales relacionados con aquellos (Henderson, 1973). La introducción de efectos fijos no genéticos en el modelo posibilita la comparación de la estimación de los valores genéticos (EVG) de animales bajo diferentes condiciones ambientales. Sin embargo, la comparación de la EVG de los animales que se encuentran en diferentes rebaños pueden estar sesgados debido a las diferencias que puedan existir entre los valores genéticos (VG) promedio de los rebaños, más aún si las conexiones genéticas entre ellos son débiles (Kennedy y Trus, 1993; Lewis et al., 1999; Kuehn et al., 2007, 2008). La conexión entre rebaños (en general entre grupos contemporáneos) hacen que puedan estimarse sus VG con mayor precisión (Kuehn et al., 2008).

La amplia área de distribución geográfica de la raza Merino en España, y su carácter fuertemente extensivo, hacen que las diferencias ambientales a las que son sometidos los animales sean muy grandes, existiendo diferencias en el tamaño de los rebaños, en su manejo y en las condiciones ambientales físicas a lo que se añade una gran diversidad en su base genética. Es por ello que es especialmente crítico el tener una buena conexión genética que permita discriminar los efectos genéticos de los ambientales. Este justifica la necesidad de utilizar métodos que permitan evaluar el grado o nivel de conexión entre rebaños y definir qué ganaderías pueden ser evaluadas con un nivel de fiabilidad adecuado.

La inseminación artificial (I.A) en los ovinos Merino en España es de escaso uso, así como del movimiento de sementales entre los rebaños debido al rechazo de los ganaderos en emplear carneros provenientes de otros rebaños como medida de precaución sanitaria. Para superar este inconveniente, es necesario definir el nivel de

conexión entre los rebaños, como se ha llevado a cabo en explotaciones de otras especies que a menudo se encuentran aisladas genéticamente unas de otras (Kennedy y Trus, 1993).

El diseño de la conexión genética entre rebaños en el Núcleo Control Cárnico (NCC) en la raza Merino, desde los años 90 se realiza de forma indirecta mediante la valoración de algunos jóvenes reproductores en prueba (previamente valorados por la descendencia en su propia explotación). Los mejores sementales probados de cada rebaño son trasladados a un rebaño experimental (CENSYRA), que es el centro de referencia común (los machos seleccionados se encuentran bajo las mismas condiciones ambientales), actuando como “rebaño conector” para una segunda valoración de estos machos, que a su vez actuarían como machos conectores del resto de machos de su propia explotación (conectores indirectos de todos los rebaños por haberse valorado en las mismas condiciones ambientales y en muchas ocasiones por su parentesco con el resto de los machos que se encuentran en los rebaños originales). La valoración se realiza a través de los corderos nacidos que son productos del empadre aleatorio con 40 a 45 ovejas (Magrama, 2011).

En otras especies, como en bovinos que han sido criados en condiciones similares con una conexión genética baja entre los rebaños, se han empleado métodos para evaluar el grado de conexión entre rebaños (Kennedy y Trus, 1993). Se han propuesto diversos procedimientos, desde el clásico método gráfico de determinación del nivel de conexión (representando los caminos de conexiones entre los rebaños), o calcular un índice basado en el parentesco entre los animales, o bien basado en la incidencia del nivel de conexión en la fiabilidad de la EVG. Uno de los índices utilizados, que está basado en el parentesco, es el llamado método de la Similitud Genética (SG) (Rekaya et al., 2003; Tarrés et al., 2009), que cuantifica la proporción de la conexión entre rebaños teniendo en cuenta que un rebaño pertenece a un determinado grupo de rebaños si está conectado al menos a uno de los rebaños dentro del grupo, aún sin estar conectado con los demás.

Un método basado en la fiabilidad de la EVG, es la comparación del coeficiente de determinación (CD), que mide el grado de conexión de dos rebaños a través de los ancestros comunes. Laloë (1993) equipara la falta de conexión cuando se presenta un valor del CD nulo. Los CD combinan mejor la estructura de los datos y la cantidad de información (Laloë et al., 1996), proporcionando también un equilibrio entre 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. Se ha concluido que el CD es el mejor método para juzgar la fiabilidad de evaluaciones genéticas (Kuehn et al., 2007) optimizando los diseños de conexiones, especialmente cuando se debe tener en cuenta la matriz de relaciones genéticas entre animales (no solo el intercambio de los padres o abuelos entre rebaños) a través de la matriz de parentesco (Laloë y Phocas, 2003). Así, un bajo CD indicaría un cierto nivel de confusión entre las diferencias ambientales y genéticas (Kennedy y Trus, 1993).

Fouilloux y Laloë (2001) han propuesto métodos para calcular los CD y estimar los valores genéticos (VG). Esto implica la estimación de todas las matrices de varianza-covarianza que dan como resultado la estimación de las comparaciones de los CD entre los niveles genéticos de los rebaños. La metodología conocida como *Criterion of Admission to the Group of Connected Herds* (CACO) ha sido adoptada y utilizada 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).

En diversas razas de ganado de carne que emplean generalmente la monta natural, se presentan conexiones debidas a los padres por lo general débiles que requieren tener también en cuenta la conexión debida a los abuelos maternos y paternos (Fouilloux et al., 2008; Tarrés et al., 2009). En España, este método ha sido recientemente adaptado al modelo animal del BLUP y aplicado en evaluaciones de bovinos de carne de la raza Bruna dels Pirineus (Tarrés et al., 2010).

El objetivo de este estudio ha sido evaluar el nivel de conexión entre rebaños de la raza Merino en España, que basa su crianza en la monta natural con conexión

indirecta empleando un “rebaño conector” dentro del Núcleo Control Cárnico (NCC), a través del cálculo de la similitud genética (SG) y la comparación de los CD entre rebaños utilizando la metodología CACO, con la finalidad de agrupar rebaños (“clusters”) en función de su nivel de conexión.

## **1.2 Material y métodos**

### **1.2.1 Material Animal**

Para este estudio se utilizaron los datos de control de rendimiento del Programa de Mejora Genética de la Asociación Nacional de Criadores de Ganado Selecto de la Raza Merino. El conjunto de datos originales consistió en 86773 registros del peso a 75 días de edad, con un número total de animales en el pedigrí de 110510 (86879 corderos hijos de 2011 sementales y 40257 ovejas), que fueron registrados entre los años 2000 a 2011, en 47 rebaños que integran el Núcleo Control Cárnico (NCC). Los partos se produjeron durante todos los meses del año, aunque con menor frecuencia en los meses de verano (Magrama, 2011).

### **1.2.2 Métodos**

#### **1.2.2.1 Conexión a través del rebaño conector del Núcleo Control Cárnico**

Se consideró que existe conexión directa entre dos rebaños del Núcleo Control Cárnico (NCC), cuando ambos rebaños presentaron descendientes que compartieron al menos 4 o más sementales y con al menos 25 crías por cada semental entre ambos rebaños. Además se identificaron las conexiones indirectas a través de un "rebaño conector" que fue el CENSYRA, por ser una explotación representativa por el tamaño de rebaño, manejo, entorno ambiental y su influencia en la base genética con respecto a los rebaños que conforman el NCC.

#### **1.2.2.2 Similitud genética entre rebaños**

La similitud genética (SG) se define como la proporción de descendientes que comparten padres (comunes) en dos unidades de producción con respecto al número total de descendientes entre las dos unidades (Rekaya et al., 2003). Se calcula con la siguiente fórmula:

$$SG(i, j) = \frac{\sum_{r=1}^2 \sum_{k=1}^{C(i,j)} ND_{kr}}{\sum_{r=1}^2 \sum_{k=1}^{T(i,j)} ND_{kr}}$$

donde  $C(i,j)$  es el número de padres en común utilizados en las ganaderías  $i$  y  $j$ ,  $T(i, j)$  es el número total de padres utilizados en ambos rebaños, y  $ND_{kr}$  es el número de descendientes de los padres  $k$  en la explotación  $r$  ( $r = 1,2$ ).

De acuerdo con este método, este parámetro inicialmente se calculó a partir de todos los animales de 47 rebaños y, dependiendo del cálculo de la SG fuese vía padres, abuelos paternos y abuelos maternos, fue disminuyendo el número de observaciones. La base de datos de las crías estuvo conformada por 21253 registros de 156 carneros, permitiendo calcular la SG vía padres (SG\_p), que se genera cuando dos rebaños comparten mismos padres. El cálculo de la SG vía abuelos paternos (SG\_ap), fue a partir de la base de datos de 99 sementales con 15446 datos de sus crías, que fueron aquellos sementales con medios hermanos hijos del mismo semental en alguna otra explotación. Asimismo, la base de datos de 1721 ovejas con 19646 registros, permitió calcular la SG vía abuelos maternos (SG\_am), que tenían madres que eran medias hermanas (hijas del mismo semental) en alguna otra explotación.

Un alto valor de la SG entre los rebaños indica un fuerte lazo genético entre ellas y un alto nivel de conexión genética (Thorén et al., 2008). Dos rebaños se consideran conectadas si la SG es mayor que un umbral subjetivo establecido *a priori*  $\omega$ , que se ha fijado en 5% (Tarrés et al., 2009), considerando que un grupo de rebaños se encuentran conectadas si el grado de SG de cualquiera de los dos rebaños supera este umbral. Cualquier rebaño forma parte de un grupo o clúster si está conectado con al menos un rebaño en ese grupo, inclusive si no está conectado con el resto de los rebaños en el mismo grupo.

### **1.2.2.3 Método Criterion of Admission to the Group of Connected Herds (CACO)**

#### **1.2.2.3.1 Estimación de los contrastes de los CD**

Las conexiones entre los rebaños se determinaron por los promedios de los valores de los CD de las estimas de los valores genéticos siguiendo la metodología reportada por Fouilloux et al. (2008) y adaptado para el modelo animal por Tarrés et al. (2010). El procedimiento para establecer los grupos (“clusters”) de rebaños conectados es un proceso iterativo que pasa por tres pasos: en primer lugar se llevó a cabo la evaluación genética. En el segundo paso se compararon los CD entre los grupos de animales dentro de los rebaños. En la tercera etapa se calcularon las conexiones entre los rebaños que constituían los diferentes grupos. Los valores estimados de la comparación de los CD entre los rebaños se calcularon mediante la realización de 1000 repeticiones por método de re-muestreo, utilizando una heredabilidad estimada de 0,356 (que es la  $h^2$  del criterio de selección en esta raza: el peso ajustado a 75 días) utilizado para la evaluación genética en el programa de selección de la raza. Se consideraron además tres diferentes niveles de  $h^2$ : baja (0,10), media (0,25) y alta (0,40) que permitieron realizar un análisis de sensibilidad.

El modelo de evaluación genética fue un modelo animal unicaracter, que incluyó las variables de sexo (2 niveles), rebaño (47 niveles), mes de nacimiento (12 niveles), año de nacimiento (12 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. Los animales fueron evaluados para el peso ajustado a 75 días de edad.

Para la simulación de los VG ( $c',u$ ) de los animales, se utilizó el modelo animal incluyendo el pedigrí con todas las relaciones. Los animales fueron ordenados a partir de los más viejos a los más jóvenes. El valor genético directo del animal ( $c'u$ ) se calculó de acuerdo al estatus del padre y la madre. El rendimiento del desempeño probado de cada animal fue simulado usando su VG generalizado.

Cada rebaño fue clasificado de acuerdo a sus conexiones con todos los rebaños a través de la comparación de los VG de los animales o grupos de animales, evaluado por la comparación del CD correspondiente, definido como una combinación lineal de los valores genéticos ( $\mathbf{c}'\mathbf{u}$ ):

$$CD(\mathbf{c}'\mathbf{u}) = \frac{(\text{cov}(\mathbf{c}'\mathbf{u}, \mathbf{c}'\hat{\mathbf{u}}))^2}{\text{var}(\mathbf{c}'\mathbf{u})\text{var}(\mathbf{c}'\hat{\mathbf{u}})}$$

donde el CD del valor genético de un solo animal se obtiene mediante el uso del vector  $\mathbf{c}'\mathbf{u}$  que es el valor genético simulado y  $\hat{\mathbf{u}}$  es el valor genético estimado. Se obtienen el contraste del CD entre rebaños  $i$  y  $j$ , siguiendo el procedimiento de Fouilloux et al. (2008) mediante el uso de un vector  $\mathbf{c}'$  nulo excepto  $1/m_i$  o  $1/m_j$ , en la posición adecuada correspondiente a los animales del rebaño  $i$  y  $j$  respectivamente;  $m_i$  y  $m_j$  son el número de animales en el rebaño  $i$  y  $j$ , respectivamente (Tarrés et al., 2010).

Basándose en la comparación de todos los CD de los rebaños, éstos son clasificados según su grado de conexión con el resto de los rebaños. Se estableció una jerarquía entre los rebaños de acuerdo al promedio del valor del "*Criterion of Admission to the Group of Connected Herds*" (CACO), que oscila entre 0 y 1. El CACO 0, indica que el rebaño no está en absoluto conectado a otros rebaños, en tanto que un CACO=1 indica que el rebaño está completamente conectado a otros rebaños (Fouilloux y Laloë, 2002).

### **1.2.2.3.2 Selección de los grupos de rebaños conectados**

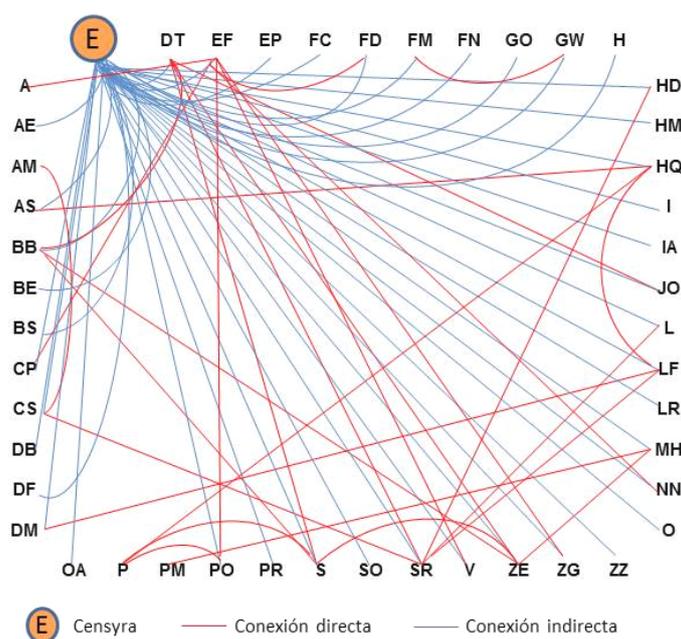
La selección de los grupos de rebaños conectados que constituyen los "clusters", se lleva a cabo con los siguientes pasos (siguiendo a Fouilloux et al., 2008): En el primer paso, cada rebaño está en un solo cluster  $\{h_1, h_2, \dots, h_n\}$ . En el segundo paso los dos rebaños con un valor mayor del CD comparado se agrupan (se dice  $h_1$  y  $h_2$ , se juntan), llegando a lo siguiente:  $\{h_1, h_2, \dots, h_n\}$ . En el tercer paso se calcula un

índice de similitud para cada rebaño, fuera de este primer cluster  $\{h1, h2\}$ , igual a su CD más bajo con el rebaño actual en el clúster. El rebaño con el índice de similitud más alto es añadido al “cluster”. Este índice de similitud se convierte en el CACO de este nuevo rebaño agrupado. El proceso se detiene cuando todos los rebaños están agrupados o cuando las comparaciones de los CD entre los rebaños agrupados y cada uno de los rebaños restantes son inferiores al valor  $\chi$  fijado a priori. Dos rebaños son considerados conectados si la comparación del CD es mayor del umbral 0,40 (utilizado en bovinos de carne) como en los trabajos de Fouilloux et al. (2008) y Tarrés et al. (2010). A continuación, los conjuntos de rebaños conectados fueron definidos por los promedios del método de aglomeración jerárquica (dendograma). Para el análisis de “clúster” se utilizó el software Statistica versión 8.0 para Windows (StatSoft Inc. 2008).

### 1.3. Resultados y discusión

#### 1.3.1 Conexión directa y conexión indirecta entre rebaños

La Figura 1 muestra una representación de las interrelaciones de conexión genética directa e indirecta a través del rebaño conector (CENSYRA, sigla E) con respecto a los diferentes rebaños que conforman al Núcleo Control Cárnico (NCC) en la raza Merino. Se observa que 26 rebaños presentan al menos una conexión directa con alguna otra explotación (55,3%). Asimismo, 45 rebaños (95,7%) mostraron una conexión indirecta a través del rebaño conector y solo 2 rebaños (4,3%) no se encontraron conectadas indirectamente. No obstante, se puede observar que estos dos rebaños están conectados de forma indirecta con otros rebaños, que a su vez se encuentran conectados con el rebaño conector (por lo que puede ser consideradas conectadas indirectamente).



**Figura 1.** Representación gráfica de las conexiones genéticas directas (líneas en color rojo) e indirectas (líneas en color azul) a través del rebaño conector (CENSYRA, sigla E) entre los 47 rebaños (siglas) del Núcleo Control Cárnico de la raza Merino.

Este primer análisis indica que siguiendo el criterio más clásico, la conexión indirecta a través del rebaño conector permite superar el inconveniente que supone la baja utilización de la I.A en la raza ovina Merino. No obstante hay que hacer notar que

con este método clásico no es posible identificar el grado o nivel de conexión que pueda existir entre los rebaños, por lo que es necesario aplicar otros criterios como la SG o el CACO.

### **1.3.2 Similitud Genética (SG) entre rebaños**

La SG añade información sobre el grado en que los padres en común se han utilizado dentro de una población, ya que también da información sobre el número de crías de cada semental conector (Rekaya et al., 2003). La Figura 2 presenta la clasificación de los rebaños ovinos de la raza Merino de acuerdo a las proporciones de las conexiones genéticas que se tiene con otros rebaños a través de tres vías (padres, abuelos paternos y abuelos maternos). Un alto valor de la SG entre los rebaños indica un fuerte lazo genético entre ellas y un alto nivel de conexión genética (Thorén et al., 2008); un ejemplo de esto se observa en 6 rebaños que mostraron al menos el 30% de SG, seguidos de otros 9 rebaños con al menos el 15% (Figura 2). La SG osciló entre 0,43% y 58,3%, con un promedio de 8,5%. De los 47 rebaños que tenían registros en la base de datos con crías, 29 rebaños (61,7%) compartían padres con algún otro rebaño. De las 72 comparaciones de las proporciones que se presentan entre los rebaños, se encontró que 39 de ellas tuvieron una SG > 5% (conexión directa) y 33 proporciones con una SG < 5%. Estos cálculos indican que más del 50% de los rebaños se encuentran bien conectados, existiendo otros rebaños con conexión débil, y ninguna totalmente desconectada.

De acuerdo a Kuehn et al. (2007), casi el 50% de las conexiones se encuentran por debajo de la proporción recomendada con el propósito de minimizar el sesgo de la EVG que está asociado con las diferencias de niveles genéticos y ambientales de los diferentes rebaños. Estos autores sugieren que al menos un tercio de las hembras reproductoras deben aparearse con sementales conectores para reducir el sesgo a niveles aceptables (entre un 30 a 35% del total de la progenie producida).



puede considerarse conectado a través del rebaño conector, obteniendo así un total de 30 rebaños bien conectados. Estos rebaños pueden identificarse por las siglas en color azul (Figura 2). Los bajos valores de la SG<sub>ap</sub> pueden indicar una limitada actividad en la compraventa de sementales de reemplazo entre los ganaderos. Quizá la diferencia de los valores entre la SG<sub>p</sub> y SG<sub>ap</sub> sea debida a que en los últimos años la tendencia de intercambio de sementales entre rebaños va en incremento con respecto a la compraventa de sementales. Estos resultados difieren a los del estudio de Tarrés et al. (2009), que encontraron que el 54,4% de las explotaciones en bovinos de carne Bruna dels Pirieus, tenía una SG<sub>ap</sub> promedio de 38,9%, considerado como un valor alto, explicando los autores que esto se deba quizá al hecho de que trabajaron con un reducido número de animales.

En la proporción de SG vía abuelos maternos (SG<sub>am</sub>), existieron 27 rebaños (57,4%) que tenían madres que eran medias hermanas en alguno otro rebaño. La SG<sub>am</sub> entre rebaños fue baja, oscilando los valores entre 0,3% y 14,7% con un promedio de 3,2%. De los 27 rebaños que se encontraron inicialmente conectados a partir de la SG<sub>p</sub>, sólo 4 rebaños tuvieron valores mayores al 5%, identificados por las siglas en color lila (Figura 2), indicando quizá una limitada actividad entre los ganaderos en la compraventa de hembras de reposición. Tarrés et al. (2009) encontraron una SG<sub>am</sub> promedio de 25,9%, siendo una proporción superior a lo encontrado en este estudio (3,2%). Estos autores mencionaron que la compraventa de animales para la reposición fue más activa y ligeramente superior al intercambio de toros entre las explotaciones. Finalmente se puede observar que solo 3 rebaños (siglas en color verde), mostraron proporciones de SG<sub>p</sub>, SG<sub>ap</sub> y SG<sub>am</sub> con valores superiores al 5% (Figura 2).

Por si sola la SG puede presentar ciertas limitaciones como medida de conexión genética entre rebaños, especialmente cuando exista un desequilibrio en la distribución de la progenie de padres y madres comunes entre rebaños.

### 1.3.3 CD de sementales Merino a través del método CACO y análisis de sensibilidad

La Tabla 1 presenta los valores de los CD obtenidos bajo diferentes escenarios con respecto a la heredabilidad (0,10, 0,25 y 0,40) y al número de crías por semental. Se observó que las estimaciones de los CD dependen fuertemente del valor de la heredabilidad y del número de crías por semental controlada, como fue observado también por Laloë y Phocas (2003), Kuehn et al. (2007) y Tarrés et al. (2010). El promedio del CD disminuyó desde su valor máximo (0,64) a su valor mínimo (0,44) con heredabilidad alta (0,40) y baja (0,10), respectivamente. Estos resultados coinciden con los estudios realizados por Kuehn et al. (2007), quienes encontraron que una alta heredabilidad está asociada con un bajo sesgo de las EVG. Para el caso de las madres, también el valor máximo del CD fue de 0,32, 0,26 y 0,18 con alta, moderada y baja heredabilidad, respectivamente. Tarrés et al. (2010) encontraron en las madres valores semejantes del CD en bovinos de carne Bruna dels Pirineus (0,26, 0,18 y 0,09 con heredabilidad alta, moderada y baja, respectivamente).

Excepto cuando la heredabilidad es alta, los sementales que presentaron menos de 30 descendientes tuvieron valores promedio por debajo 0,40. Se obtuvieron valores mínimos de 0 y valores máximos de 0,63, 0,78 y 0,85 en la heredabilidad baja, moderada y alta, respectivamente.

Los índices del CD en la heredabilidad baja, moderada y alta fueron en promedio suficientemente altos cuando los sementales tenían de 31 a 60 crías controladas (0,54, 0,71 y 0,78, respectivamente), estos resultados son semejantes a los obtenidos por Tarrés et al. (2010) quienes encontraron valores del CD de 0,48, 0,69 y 0,79 con heredabilidad baja, moderada y alta, respectivamente; aunque también llegaron a presentar valores mínimos por debajo del umbral establecido a priori (0, 0,25 y 0,33, respectivamente). Cuando los sementales tuvieron entre 91 a 120 crías controladas, se presentaron valores mínimos de los CD por encima del umbral (0,52, 0,70 y 0,78), y

con valores promedio altos de 0,83, 0,92 y 0,95) para las heredabilidades baja, moderada y alta, respectivamente. Considerando los promedios obtenidos de los CD, la fiabilidad mínima en el número de crías controladas de los carneros de la raza Merino es de 31 a 60 crías para características con heredabilidad baja y moderada, mientras que para una heredabilidad alta es hasta 30 crías, considerando que pueden presentarse carneros con valores mínimos de 0 para los tres escenarios (Tabla 1).

El análisis de sensibilidad a la variación en los valores de heredabilidad mostró que conforme aumentó el número de crías de los padres hubo un mayor número de sementales que alcanzaron valores con un  $CD \geq 0,40$ . Contrariamente, a un menor número de crías por semental menor es la posibilidad de tener machos con estos valores para las diferentes heredabilidades. Un total de 1 162 sementales (57,8%) mostraron un  $CD \geq 0,40$  cuando la heredabilidad era baja, mientras que 1 418 sementales (70,5%) lo hicieron cuando la heredabilidad fue moderada y 1 557 sementales (77,4%) lo fueron con una heredabilidad alta.

En la Tabla 2 se muestra el efecto del número de crías controladas por semental. Los valores de los CD tuvieron un rango de 0 a 0,85. Para la heredabilidad baja y moderada (0,10 y 0,25) el promedio de los valores estuvieron por arriba del umbral de fiabilidad (0,40) sólo cuando los sementales tuvieron más de 31 crías controladas, pero algunos sementales alcanzaron valores superiores a este umbral con menos de 31 crías controladas, con un valor máximo del CD de 0,63 y 0,78 para baja y mediana heredabilidad, respectivamente. Del mismo modo, algunos sementales presentaron valores del CD por debajo del umbral, inclusive para una heredabilidad alta. Estos resultados son similares a los obtenidos por Tarrés et al. (2010) quienes encontraron valores del CD de 0,48, 0,69 y 0,79 con baja, media y alta heredabilidad, respectivamente; aunque cabe mencionar que también hubo valores por debajo del umbral (0, 0,25 y 0,33 para baja, mediana y alta heredabilidad).

**Tabla 1.** Promedio de los coeficientes de determinación (CD) de las estimaciones de los valores genéticos de sementales de la raza Merino, bajo diferentes escenarios de heredabilidad: baja (0,10), moderada (0,25) y alta (0,40) y para el principal criterio de selección, peso a 75 días de edad, la  $h^2=0,356$ .

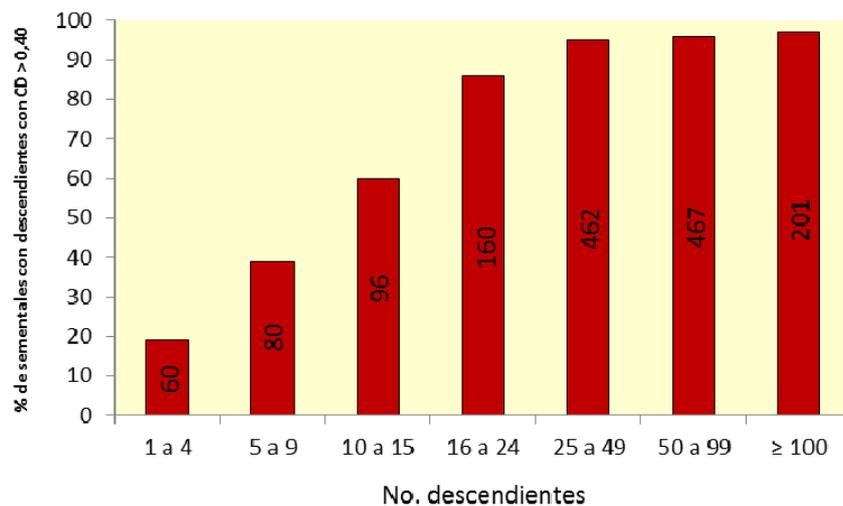
$h^2$	Valores CD	Número de crías por semental						Promedio CD	
		0-30	31-60	61-90	91-120	121-150	>150	Todos los sementales	Todas las madres
<b>0,10</b>	Promedio	0,26	0,54	0,64	0,72	0,75	0,80	0,44	0,18
	Desv. estándar	0,15	0,12	0,08	0,05	0,05	0,08	0,23	0,13
	Máximo	0,63	0,78	0,81	0,83	0,85	0,91	0,91	0,63
	Mínimo	0,0	0,0	0,30	0,52	0,62	0,41	0,0	0,0
<b>0,25</b>	Promedio	0,37	0,71	0,79	0,85	0,87	0,89	0,57	0,26
	Desv. estándar	0,19	0,12	0,07	0,035	0,04	0,08	0,25	0,16
	Máximo	0,78	0,87	0,90	0,92	0,93	0,96	0,96	0,73
	Mínimo	0,0	0,0	0,41	0,70	0,77	0,80	0,0	0,0
<b>0,40</b>	Promedio	0,43	0,78	0,85	0,90	0,91	0,92	0,64	0,32
	Desv. estándar	0,21	0,11	0,07	0,03	0,03	0,08	0,26	0,18
	Máximo	0,85	0,91	0,93	0,95	0,95	0,97	0,97	0,81
	Mínimo	0,0	0,0	0,44	0,78	0,81	0,86	0,0	0,0
<b>0,356</b>	Promedio	0,42	0,77	0,84	0,89	0,90	0,92	0,62	0,30
	Desv. estándar	0,26	0,11	0,07	0,03	0,03	0,07	0,26	0,18
	Máximo	0,83	0,90	0,92	0,94	0,95	0,97	0,97	0,79
	Mínimo	0,0	0,0	0,43	0,77	0,80	0,85	0,0	0,0
<b>No. reproductores</b>		983	558	234	106	53	77	2,011	40,257

Para la heredabilidad del peso a 75 días de edad (principal criterio de selección de la raza), el CD promedio fue de 0,62. Este resultado por sí mismo valida el sistema de conexión indirecta utilizado en esta raza (Tabla 1). Este valor medio se redujo a 0,42, cuando los sementales tenían menos de 30 crías controladas, y se incrementaron a 0,92 cuando tenían 150 o más crías controladas. Fouilloux y Laloë (2001) obtuvieron resultados similares en Francia con ganado de carne de la raza Salers para la característica de desarrolló muscular al destete con una heredabilidad similar, obteniendo valores de los CD que fueron de 0 a 0,99 con un valor promedio de 0,41. Independientemente del nivel de heredabilidad, cuando un semental presentó un aumento en el número de crías controladas, un mayor número de machos superaron el valor del umbral.

**Tabla 2.** Número y porcentaje de sementales de la raza Merino presentando valores del CD superiores a 0,40, con diferentes escenarios de heredabilidad estudiados.

h <sup>2</sup>		Número de descendencia por semental							Total
		1 a 4	5 a 9	10 a 15	16 a 24	25 a 49	50 a 99	≥100	
0,10	No. sementales	6	13	30	86	373	453	201	1162
	%	2,0	6,2	18,5	45,3	78,5	96,6	100	57,8
0,25	No. sementales	44	53	74	139	442	465	201	1418
	%	14,5	25,2	45,7	73,2	93,1	99,2	100	70,5
0,40	No. sementales	66	87	102	165	469	467	201	1557
	%	21,7	41,4	63,0	86,8	98,7	99,6	100	77,4
<b>No. sementales</b>		304	210	162	190	475	469	201	2011

Con el fin de tener más del 70% de los sementales con valores de los CD mayor que 0,40, el número de crías controladas por semental debe ser al menos de 25 para características con baja heredabilidad, y mayor a 16 crías para características con una heredabilidad media y alta. En el peso a 75 días de edad, debe ser al menos 16 crías controladas por semental en la raza Merino (Figura 3).



**Figura 3.** Número y porcentaje de sementales con un CD  $\geq 0,40$  de acuerdo al número de descendientes, con una  $h^2 = 0,356$ .

### 1.3.4 Contraste de los CD entre rebaños

La Tabla 3 presenta los valores de la media, desviación estándar y los valores máximo y mínimo resultantes de los promedios de los contrastes de los CD de los 47

rebaños para diferentes valores de heredabilidad, encontrándose resultados relativamente altos de 0,55, 0,68 y 0,75 para la heredabilidad baja, moderada y alta, respectivamente, todos ellos por encima del umbral (0,40), aunque en los casos de la heredabilidad baja y moderada el valor mínimo fue de 0,22 y 0,34, respectivamente. Asimismo, los resultados indicaron que con una heredabilidad baja, se observó que el promedio de los contrastes del CD entre los rebaños solo en 48 (14%) de las 1081 comparaciones fueron menores a 0,40, mientras que para el caso de una heredabilidad moderada solo un contraste estuvo por debajo de este valor; así para el caso de la heredabilidad alta, todos los contrastes estuvieron por encima de 0,40, traducido esto en que se consideran conectados el 100% de los rebaños. En Italia, se realizó un estudio utilizando el mismo método en ovejas de la raza Sarda para la característica de producción de la primera lactancia con empadres naturales controlados, encontrando que los contrastes de los CD tuvieron valores promedio de 0,51 con valores mínimos de 0 y máximos de 0,95, concluyendo que los CD son una medida fiable de precisión para medir la conexión entre rebaños (Salaris et al., 2010).

El promedio de rebaños conectados fue suficientemente alto con los tres niveles de heredabilidad; en un análisis semejante en bovinos de carne Bruna dels Pirineus, encontraron valores promedio de 0,31, 0,46 y 0,54 con una heredabilidad baja, moderada y alta, respectivamente (Tarrés et al., 2010).

**Tabla 3.** Valores promedio de los coeficientes de determinación (CD) comparados entre rebaños con diferentes niveles de heredabilidad ( $h^2$ ).

$h^2$	Promedio	Desviación típica	Máximo	Mínimo	% CD $\geq$ 0.40
<b>0,10</b>	0,55	0,13	0,87	0,22	86,0
<b>0,25</b>	0,68	0,12	0,93	0,34	98,3
<b>0,40</b>	0,75	0,10	0,95	0,41	100
<b>0,356</b>	0,71	0,10	0,94	0,40	100

En Francia Fouilloux et al., (2008) utilizando esta metodología CACO en vacunos de carne Charolais con reproducción a través del uso de la I.A., encontraron valores

promedio del CD de 0,67, con valores mínimos de 0,48 a máximos de 0,96 (para una  $h^2 = 0,25$ ). Estos resultados fueron semejantes con los obtenidos en nuestro estudio (valores del CD altos), con la diferencia que la raza Merino basa su reproducción en el empadre natural.

Pegolo et al. (2011) aplicaron la metodología CACO y usando un modelo animal para la característica del peso al destete a 210 días de edad ( $h^2 = 0,25$ ) en bovinos Nelore brasileño en condiciones extensivas, analizaron la evolución del nivel de conexión a través del tiempo (2 periodos de 5 años cada uno) incrementando el uso de la I.A en 47% entre el primer y segundo período, encontrando valores del CD de 0,77 y 0,80 para los primeros 5 años y últimos 5 años respectivamente, concluyendo que las estimaciones del CACO fueron relevantes como medida de conexión entre los rebaños. El valor fue inferior en nuestro estudio con el nivel de  $h^2=0,25$  con un CD promedio de 0,68; la diferencia quizá se deba al uso de la I.A. en los rebaños Nelore brasileños.

En el análisis del principal criterio de selección de la raza Merino (peso a los 75 días de edad,  $h^2=0,356$ ), se encontró que el promedio de la media de los contrastes de los CD fue de 0,71, con un valor mínimo de 0,40 y un valor máximo de 0,94 (Tabla 3), encontrándose el 100% de los rebaños conectados.

### **1.3.5 Rebaños conectados (“clusters” de conexión)**

El conjunto de rebaños conectados (grupos de rebaños con contrastes de CD mayores a 0,40) fueron analizados mediante el análisis de “cluster” (aglomeración jerárquica) para cada uno de los tres valores de heredabilidad.

Cuando la heredabilidad fue baja (0,10), se encontró un primer “cluster” que integró a 38 rebaños (representado dentro del ovalo grande, Figura 4 con sus respectivos niveles de conexión entre rebaños), un segundo cluster integró a 4 rebaños (dentro de

un óvalo pequeño) y 5 rebaños se encontraron desconectados o que no fueron incluidos en los dos “clusters” anteriores (dentro de un rectángulo).

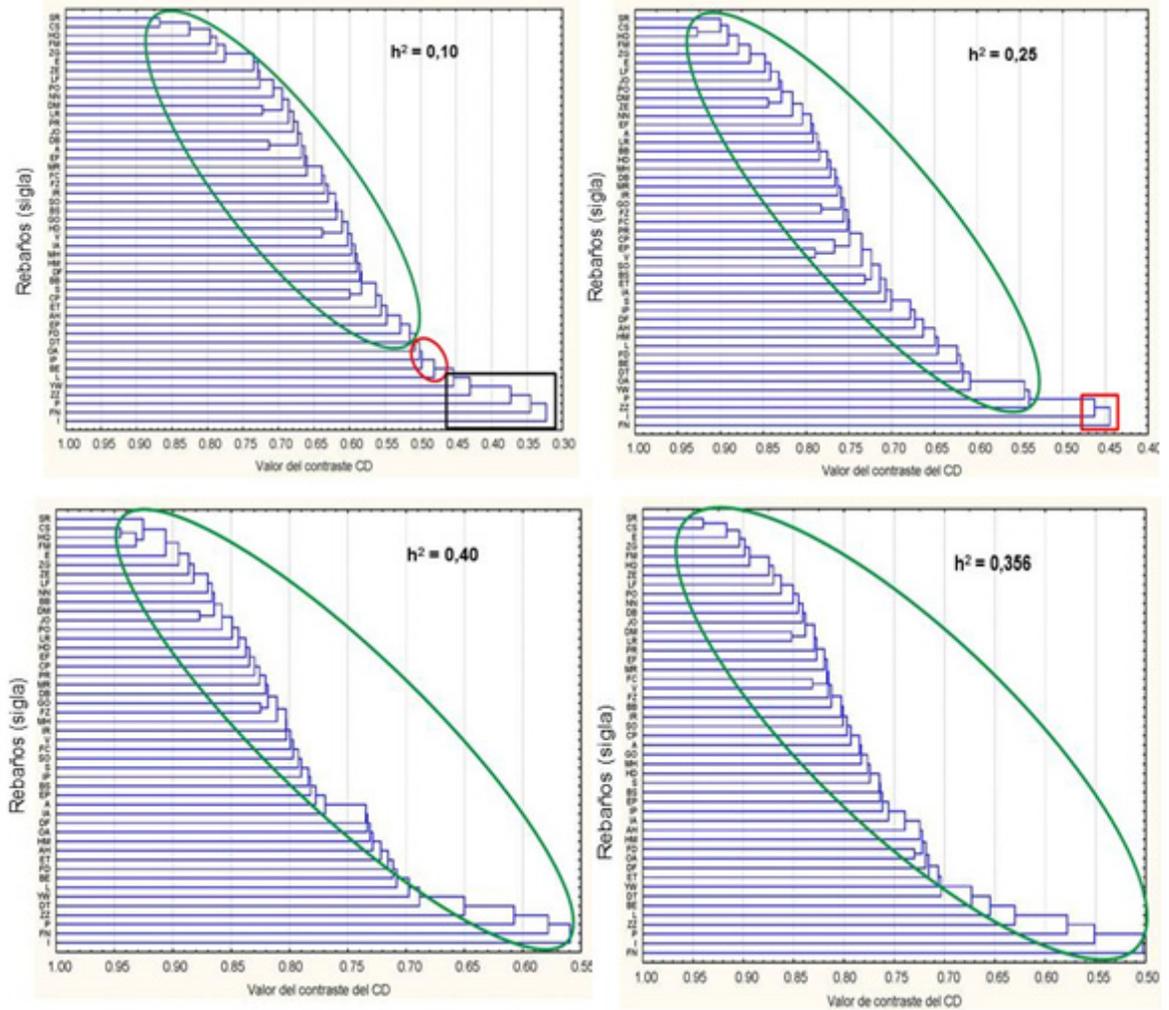
En el caso de heredabilidad moderada (0,25) se formó un solo cluster que integró a 45 rebaños (dentro del óvalo, Figura 4), y solo 2 rebaños estuvieron desconectados (dentro del rectángulo). Finalmente cuando la heredabilidad fue alta (0,40), todos los rebaños fueron integrados en un solo “cluster” (ningún rebaño desconectado).

De acuerdo a los resultados antes citados se observa que cuanto mayor es la heredabilidad mayor es el agrupamiento y menor el número de rebaños que están desconectados. Para el principal criterio de selección en esta raza, todos los rebaños quedaron agrupados en un solo “cluster”, concluyendo que el sistema indirecto de conexión basado en el uso de un rebaño conector permite un agrupamiento total de la población analizada en un cluster de conexión (Figura 4), con valores de contraste del CD entre dos rebaños que van de 0,50 a 0,94. Es pertinente citar que los rebaños que se ubican en la parte superior se encuentran mejor conectadas con respecto al total de los rebaños estudiados, que aquellas rebaños ubicados en la parte inferior.

Estos resultados muestran que el sistema del rebaño conector proporciona suficiente nivel de conexión para asegurar que las valoraciones genéticas sean fiables, en sistemas de reproducción por monta natural utilizando el modelo animal para la característica del peso a los 75 días de edad en corderos de la raza Merino. A este hecho, además del sistema de conexión indirecta apoyada en un rebaño conector, puede estar contribuyendo la existencia de un alto nivel de intercambio de material genético entre los rebaños. Esto puede ser aplicado como un modelo a seguir en los núcleos de control cárnico en ovinos bajo sistemas de producción extensivos.

El Programa de mejora genética de la raza Merino debe considerar en futuras evaluaciones genéticas las EVG de los animales procedentes de rebaños conectados, mientras que las de aquellos animales que provengan de rebaños desconectados, pueden no ser fiables. Se recomienda tomar en cuenta la posibilidad de aumentar la conexión entre rebaños principalmente a través de la compraventa de animales

procedentes de rebaños bien conectados, sobre todo de aquellos que se encuentran débilmente conectados, reduciendo así el sesgo al estimar los VG de los animales, como ha sido recomendado por Kuehn et al. (2008).



**Figura 4.** Obtención de clusters de rebaños ovinos de la raza Merino utilizando metodología CACO, bajo los diferentes escenarios de heredabilidad estudiados (0,10, 0,25, 0,40 y 0,356).

## 1.4 Conclusiones parciales Capítulo 1

1. El uso de machos de referencia e I.A no es el único sistema que permite una conexión efectiva entre rebaños, aunque puede ser considerado el de elección por su sencillez en la mayoría de los casos.
2. El sistema de verificación del grado de conexión entre rebaños usado generalmente de forma rutinaria basado en el número de crías que determinados semental poseen es una simplificación que no asegura que dos unidades estén realmente desconectadas.
3. Los métodos que amplían la estimación del grado de conexión a otros niveles de parentesco, como es el caso del grado de similitud genética entre rebaños presentan el inconveniente de no tener en cuenta la posible existencia de heterogeneidad en la distribución de la progenie de los antecesores comunes en los diferentes rebaños, ni tener en cuenta el nivel de intercambio genético basado en otras vías como la de las hembras.
4. Ambos métodos no tienen en cuenta las consecuencias del grado de conexión sobre las precisiones de las estimaciones, siendo por lo tanto considerados como métodos de estimación del grado de conexión "a priori".
5. El análisis del grado de conexión en el NCC de la raza Merino con ambos métodos determina la existencia de un alto grado de conexión entre rebaños debido tanto al flujo genético entre determinadas explotaciones como al uso de un rebaño conector.
6. El método desarrollado por el INRA francés denominado CACO (*Criterion of Admission to the Group of Connected Herds*), permite cuantificar el grado de conexión entre rebaños sin asumir que es generado por un determinado grado de parentesco, incluyendo por lo tanto también el generado vía

intercambio de hembras o adquisición de hembras de reposición y otros grados de parentesco por la vía materna.

7. Además puede ser considerado un método "a posteriori" al cuantificar las consecuencias del mayor o menor grado de conexión sobre la fiabilidad de los valores genéticos, que depende entre otros parámetros de la heredabilidad del carácter y el grado de heterogeneidad de las condiciones ambientales a los que son sometidos los animales en los diferentes rebaños.
8. Es por lo tanto el método que recomendamos como método de cuantificación del grado de conexión para esquemas con cualquier tipo de estructura poblacional o limitaciones en el grado de conexión, así como para caracteres de cualquier nivel de heredabilidad. Con esta metodología sólo se consideraron desconectados 2 de los 47 rebaños de la raza Merino, confirmando el sistema de conexión basado en el uso de un rebaño conector seguido en el NCC de esta raza.



**CAPÍTULO 2. AGRUPACIÓN DE REBAÑOS CON SIMILARES  
CONDICIONES AMBIENTALES UTILIZANDO DIFERENTES  
DESCRIPTORES PARA MEJORAR EL NIVEL DE CONEXIÓN ENTRE  
GRUPOS CONTEMPORÁNEOS PARA EVALUACIONES GENÉTICAS  
EN LA RAZA MERINO**



## 2.1 Introducción

Los modelos utilizados para la estimación de valores genéticos (EVG) de las especies pecuarias incluyen entre sus efectos el de los grupos contemporáneos (GC) que usualmente son una combinación rebaño-año-estación, al agrupar a animales con semejantes condiciones ambientales dentro de toda la gama de condiciones medio ambientales en las que se crían los animales (Kennedy y Trus, 1993; Kuehn et al., 2007). Para estimar con mayor precisión los VG, debe considerarse además de los parámetros genéticos de la característica que se desea evaluar, cómo estos GC están definidos, y el nivel de conexión entre los mismos (Kuehn et al., 2007).

El Merino, principal raza de ovinos en España y principal tronco a nivel mundial, es explotado en España bajo un sistema extensivo, y dada su amplia difusión geográfica tiene un rango de condiciones ambientales mucho más grande que el resto de razas ovinas en España (Serradilla, 2008; Magrama, 2011). Por otra parte, dado el relativo gran tamaño de los rebaños en esta raza y su bajo nivel tecnológico, la inseminación artificial (I.A) es usualmente imposible aplicarla, y por consiguiente la utilización del sistema clásico de conexión mediante el uso de machos conectores es muy difícil de implementar (Jiménez, 2002). La combinación de estos bajos niveles de conexión y una gran diversidad de condiciones ambientales y de manejo a las que son sometidos los rebaños, hace difícil que los GC estén bien definidos y conectados, lo que hace que la EVG obtenidos puedan ser poco fiables (Neser et al., 2008; Banks y Brown, 2009) y como consecuencia obtener un bajo progreso genético en el programa de selección.

En bovinos productores de leche se ha podido incrementar el nivel de la conexión a través de un modelo basado en el agrupamiento de los rebaños en “clusters” con similares ambientes de producción (Carvalho, 2000). Weigel y Rekaya (2000) defendieron que el procedimiento de agrupamiento de rebaños puede ser intuitivamente atractivo para definir nuevos GC formados por grupos de rebaños bajo

similares condiciones ambientales, mejorando el nivel de las conexiones y por consiguiente la fiabilidad de las EVG de los animales.

Los efectos de los indicadores ambientales, adicionales o complementariamente al efecto del rebaño, como la media, varianza y la desviación estándar de características productivas han sido también evaluados con este mismo propósito (Vasconcelos et al., 2006). Otros indicadores que también se han estudiado en bovinos de leche son tamaño del hato, desviación estándar dentro de rebaño, proporción grasa-proteína, duración de la lactancia, intervalo entre partos, edad al primer parto, entre otras variables, evaluando su efectividad como descriptores ambientales y determinando si pueden o no ser significativamente relevantes en el agrupamiento de rebaños (niveles ambientales) e incluirse en los modelos dentro de las evaluaciones genéticas (Zwald et al., 2003a; Fikse et al., 2003; Naser et al., 2008).

De acuerdo a Fikse et al. (2003), los valores de una característica dada en cada cluster formado debe ser considerado como una característica diferente y todos estos deben ser analizados con un modelo multi-caracter. Bryant et al. (2005) propusieron que para llevar a cabo más estudios se deberían incluir otras variables ambientales como la precipitación y la altitud.

En el caso de los ovinos de carne, donde probablemente exista un mayor problema para conseguir niveles de conexión adecuados, no se ha descrito el uso de las variables climatológicas, de manejo y productivas que puedan agrupar rebaños con el propósito de mejorar el nivel de conexión entre rebaños y por consiguiente obtener mejores precisiones en las evaluaciones genéticas.

Uno de los métodos más efectivos para evaluar el grado de conexión entre rebaños en explotaciones con ambientes similares es el *Criterion of Admission to the Group of Connected Herds* (CACO), que ha sido adoptado y utilizado para determinar el grado de conexión de los rebaños en evaluaciones genéticas en razas francesas de bovinos de carne (IBOVAL) y caprinos de leche (Fouilloux et al., 2008). Esta metodología recientemente ha sido aplicada y puesta a prueba en España con la raza Merino,

siendo recogidos los resultados en el capítulo 1 de esta memoria de Tesis y en Osorio-Avalos et al., 2013.

El objetivo de este trabajo es poner a prueba con el uso de la metodología CACO, la eficacia de las variables de tipo climatológicas, de manejo y productivas para definir grupos (“clusters”) de rebaños bajo similares condiciones ambientales en el Núcleo Control Cárnico (NCC) de la raza Merino, con la finalidad de mejorar el nivel de las conexiones genéticas, y por lo tanto intentar aumentar la fiabilidad de la estimación de los valores genéticos (EVG) para el peso ajustado a 75 días de edad (principal criterio de selección de la raza) en corderos Merinos.

## **2.2 Material y métodos**

### **2.2.1 Material animal**

La base de datos estuvo integrada por 50503 controles de pesada de corderos a los 75 días de edad, con un pedigrí consistente en 79839 animales descendientes de 1193 sementales y 31720 ovejas, registrados durante el periodo 2002 a 2011 que correspondieron a 23 rebaños pertenecientes al Núcleo Control Cárnico (NCC), distribuidas en diferentes zonas de la geografía española (principalmente en el sudoeste español). Estos registros fueron proporcionados por la Asociación Nacional de Criadores de Ganado de la Raza Merino. Fueron registrados y calculados la fecha al nacimiento, el peso ajustado a 30 y 75 días de edad, la edad y el tamaño de la camada al parto en la oveja.

### **2.2.2 Variables**

Tres grupos de descriptores ambientales fueron registrados para cada rebaño: variables relacionadas con las condiciones climatológicas, el sistema de manejo y las características productivas. Estas variables se presentan en la Tabla 4.

#### **2.2.2.1 Variables climatológicas**

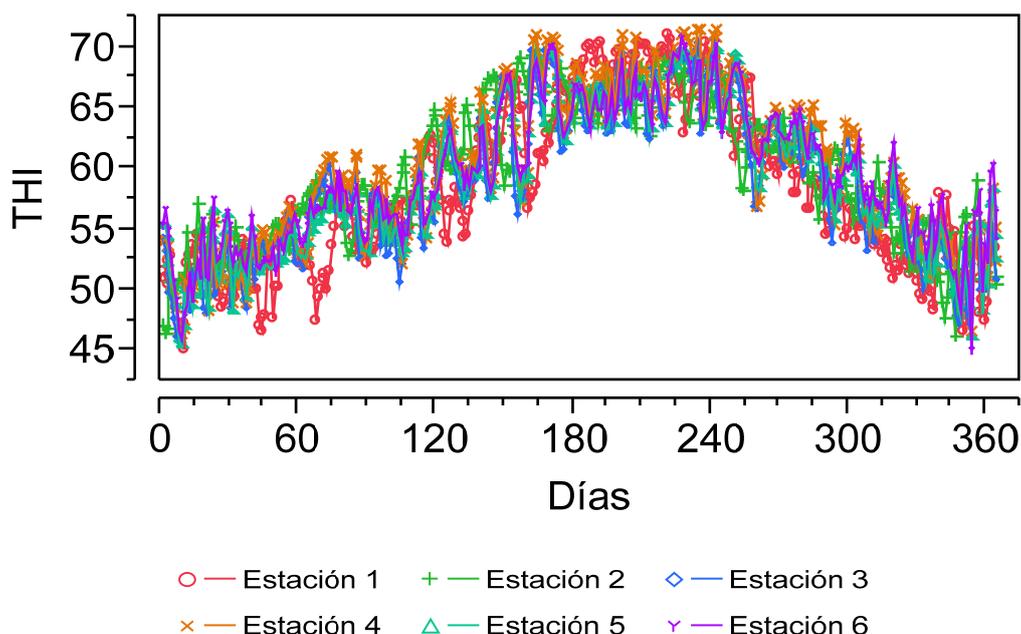
Los valores promedio de la temperatura, humedad relativa, velocidad del viento y la precipitación fueron integrados a partir de los datos históricos registrados en la misma fecha del día de prueba (pesada del cordero) durante el periodo analizado, en seis estaciones meteorológicas pertenecientes al Ministerio de Agricultura, Alimentación y Medio Ambiente (MAGRAMA, 2013).

**Tabla 4.** Descriptores ambientales (variables) registrados en los rebaños del Núcleo de Selección de ovinos Merino en España.

Grupo	Descriptores ambientales	Abreviatura
<b>I. Climatológicos</b>	Altitud	A
	Índice temperatura-humedad*	ITH
	Velocidad del viento	VV
	Precipitación	PR
<b>II. Manejo</b>	Sistema de producción	SP
	Superficie explotada para ganado	SEG
	Tipo de superficie explotada para ganado	TSEG
	Carga animal	CA
	Tamaño de rebaño	TR
	Días de estabulación parcial al año	DEPA
	Días de estabulación total al año	DETA
	Días de alimentación en pastoreo al año	DAPA
	Días de forraje en pesebre al año	DFPA
	Días de alimentación con concentrado al año	DACA
	Calidad de los pastos en primavera	CPP
	Calidad de los pastos en verano	CPV
	Calidad de los pastos en otoño	CPO
	Calidad de los pastos en invierno	CPI
	Nivel de suplementación al concentrado	NS
<b>III. Productivos</b>	Peso al nacimiento	PN
	Peso ajustado a 30 días de edad	PA_30
	Peso ajustado a 75 días de edad	PA_75
	Número de partos promedio por oveja	NPPO
	Edad promedio de la oveja	EPO
	Fertilidad	F
	Prolificidad	P

\* Calculado de acuerdo a Mader et al. (2002)

Para obtener la información de las variables climatológicas, se utilizaron las coordenadas de la ubicación geográfica de los rebaños, seleccionando aquellas estaciones localizadas más cercanamente y que tuvieran una altitud semejante a los rebaños que integraron el estudio. Se observó que entre una estación meteorológica y una explotación existía una distancia mínima de 2,6 km y una máxima de 34,5 km, con una distancia promedio de 26,1 km.



**Figura 5.** Cambios de los valores promedio diarios del índice temperatura – humedad (THI), valores registrados en las seis estaciones meteorológicas localizadas en las cercanías a los 23 rebaños ovinos Merino.

A partir de los registros de la temperatura ambiental y la humedad relativa, se calculó un índice de temperatura-humedad (THI), que está relacionado con el efecto del estrés térmico sobre los animales, con la fórmula propuesta por Mader et al. (2002):

$$THI = 0,8 \times Ta + \{HR * (Ta - 14,3) / 100\} + 46,3$$

donde, Ta es el promedio de la temperatura ambiental y HR es el promedio de la humedad relativa. La Figura 5 presenta los cambios a través del año de los valores promedio diarios del THI de las 6 estaciones meteorológicas. La Tabla 5 presenta los valores promedios anuales de las variables climatológicas registradas y la localización de las estaciones meteorológicas (altitud y distancia con respecto a los rebaños).

### 2.2.2.2 Variables relacionadas a los sistemas de producción y manejo

La información de las 15 variables relacionadas con el manejo productivo se obtuvo a partir de formularios cumplimentados mediante entrevista personal a los ganaderos.

**Tabla 5.** Altitud y localización de la estación meteorológica (distancia con respecto a los rebaños) y registros de los valores anuales promedio de temperatura, humedad relativa, velocidad del viento y el THI.

Rebaño	Distancia a la estación más cercana (km)	Altitud (msnm)	Estación	Temperatura promedio anual (°C)	Humedad relativa promedio anual (%)	Velocidad del viento promedio anual (km)	THI*
HD	2.59	578	1	15.01	63.08	1.49	58.23
BP	26.99	623					
MR	29.87	648					
LR	33.85	585					
BS	13.23	405	2	17.20	57.18	1.68	59.86
HQ	23.22	364					
LF	30.82	366					
DM	31.83	385					
PR	32.46	498					
A	32.53	667					
DT	28.53	431	3	16.41	62.52	1.49	59.39
FD	15.63	308					
EF	27.34	277					
JO	34.52	242					
S	32.67	256					
CS	34.73	333					
NN	20.99	419	4	16.68	59.22	2.22	58.80
ZG	23.45	458					
FM	32.33	294	5	15.71	51.72	1.81	58.83
SR	24.99	477					
E	25.80	184	6	16.63	65.29	1.58	59.57
DB	10.19	242					
GO	29.39	293					

\* Calculado de acuerdo a Mader et al. (2002).

Cada pregunta fue seleccionada por su importancia para generar la información sobre la productividad de la explotación, utilizando un procedimiento similar al empleado por Windig et al. (2005). Cada cuestionamiento tuvo un cierto número de niveles o clases que son presentadas en la Tabla 6.

**Tabla 6.** Variables<sup>a</sup> relacionadas a los sistemas de manejo y producción de los rebaños del NCC de la raza Merino, indicando el número de niveles, clases y número de rebaños.

Descriptor	No.	Unidad	No.	No.	No.	No.	No.	No.	No.	
Ambiental	Niveles		Clase	rebaños	Clase	rebaños	Clase	rebaños	Clase	rebaños
SP	2		Extensivo	20	Semiextensivo	3				
SEG	4	Hectárea	< 250-00	6	250-00 a <500-00	7	501-00 a <750-00	4	>751-00	6
TSEG	4		Pastos (P)	5	Dehesa <sup>b</sup> (D)	5	Pastos y dehesa (P y D)	9	P, D y sierra <sup>c</sup>	4
CA	3	Animales	< 2	8	> 2 a 4	11	> 4	4		
TR	4	Animales	< 500	4	501 a <1,000	7	1001 a <2,000	6	>2,001	6
DEPA	3	Días	< 60	12	61 a < 120	6	121 a 240	5		
DETA	3	Días	< 60	18	61 a < 120	4	121 a 240	1		
DAPA	4	Días	≤ 180	1	181 ≤ 240	7	241 ≤ 300	4	> 300	11
DFPA	4	Días	≤ 60	11	≥ 60 a 90	4	≥ 90 a 120	4	≥ 120	4
DACA	4	Días	≤ 30	5	≥ 30 a < 90	6	≥ 90 a < 150	11	≥ 150	1
CPP	3		Buena	3	Regular	10	Mala	10		
CPV	3		Buena	5	Regular	8	Mala	10		
CPO	3		Buena	2	Regular	10	Mala	11		
CPI	3		Buena	2	Regular	15	Mala	6		
NS	3		Bajo	3	Medio	9	Alto	11		

<sup>a</sup> Siglas de las variables en la Tabla 1.

<sup>b</sup> Dehesa: sistema silvo-pastoril localizado en su mayoría en la parte suroeste de la Península Ibérica. Es un pastizal con pasturas naturales cubierta por árboles de roble dispersos utilizados para la ganadería extensiva.

<sup>c</sup> Sierra: Montaña Mediterránea con arbustos (maquis).

### 2.2.2.3 Características productivas

Los estadísticos descriptivos de las características productivas registradas en los 23 rebaños del NCC dentro del periodo 2002 a 2011, se obtuvieron con el software estadístico SAS v. 9.2 (SAS Institute INC., 2007). Las variables o descriptores ambientales productivos fueron: peso al nacimiento (PN), peso ajustado a 30 días (PA\_30), peso ajustado a 75 días (PA\_75), número de partos promedio por oveja (NPPO), edad promedio de la oveja (EPO), fertilidad (P) y prolificidad (P). En la Tabla 7 se muestran los valores promedio, desviación típica, valor mínimo y máximo y el coeficiente de variación de estos descriptores de la población Merino analizada.

### 2.2.3 Análisis estadístico

El análisis de las variables anteriormente descritas se llevó a cabo en cuatro etapas independientes:

1) Con la información de las 26 variables o descriptores ambientales (Tabla 7), se realizó un análisis discriminante paso a paso realizado con el *Proc Stepdisc* del software estadístico SAS 9.2 (SAS Institute INC., 2007), con la finalidad de seleccionar un conjunto de variables que mostraran la mejor discriminación de los rebaños con el menor número posible de variables.

2) Para analizar las interrelaciones entre los descriptores y estimar su contribución sobre la varianza total, se realizó un análisis factorial usando el *Proc Factor* del software antes citado.

3) El agrupamiento de rebaños en nuevos grupos contemporáneos homogéneos (niveles ambientales) se realizó mediante el análisis de “clustering” jerárquico (*PROC CLUSTER*, SAS 9.2, 2007) utilizando las variables seleccionadas previamente estandarizadas (Tabla 4). Es oportuno citar que Inicialmente se obtuvieron 7 “clusters”. A continuación se realizó un análisis para confirmar si los agrupamientos entre los rebaños eran significativamente diferentes; para esto se consideró la característica del peso ajustado a 75 días como principal criterio de selección en esta raza (Sierra et al., 1998), aplicando un análisis GLM con un modelo que incluyó como efectos fijos: “clusters” (7 niveles), año – época de nacimiento (39 niveles), tipo de parto (2 niveles), sexo de la cría (2 niveles) y número de parto como una covariable cuadrática. Después de este análisis, los grupos que no fueron significativamente diferentes ( $P > 0.05$ ) fueron unidos, resultando finalmente 4 agrupamientos de rebaños (“clusters”), que fueron denominados N\_1, N\_2, N\_3 y N\_4.

4) Para comprobar si el nivel de conexión entre los grupos anteriormente definidos (4 niveles ambientales) es mayor que el nivel de conexión entre rebaños (23 niveles), se utilizó la metodología del CACO (Fouilloux et al., 2008), adaptado a un modelo animal (Tarrés et al., 2010).

**Tabla 7.** Estadística descriptiva de las características<sup>a</sup> productivas en los rebaños del NCC de la raza Merino en España.

Descriptor productivo	N	Valor promedio	Desviación estándar	Valor		Coeficiente de variación
				Mínima	Máxima	
<b>PN (kg)</b>	51,817	3,82	0,46	2,70	4,40	12,09
<b>PA_30 (kg)</b>	51,092	10,18	1,05	8,19	12,10	10,31
<b>PA_75 (kg)</b>	50,503	20,58	2,21	16,89	24,95	10,73
<b>NPPO</b>	31,720	1,98	0,86	1,00	4,20	43,25
<b>EPO (años)</b>	31,720	3,93	0,84	1,63	5,08	21,47
<b>F (%)</b>	31,720	86,35	7,58	66,86	98,00	8,78
<b>P (%)</b>	31,720	118,79	9,97	104,29	151,96	8,39

<sup>a</sup> Siglas de las variables en la Tabla 4.

Para la evaluación genética del peso ajustado a 75 días de edad se utilizó un modelo animal unicaracter, que incluyó como efectos fijos: el “cluster” (4 niveles ambientales) o en su caso el rebaño (23 niveles), el sexo de la cría (2 niveles), el mes de nacimiento (12 niveles), el año de nacimiento (12 niveles) y el tipo de parto (2 niveles), el número de parto como covariable cuadrática y como efectos aleatorios fueron utilizados el efecto directo genético del animal y el error residual. Con el fin de poner a prueba la sensibilidad del método para el nivel de heredabilidad de otros posibles pesos que pudiesen utilizarse como criterio de selección, el procedimiento fue repetido para otros tres valores: heredabilidad baja (0,10), media (0,25) y alta (0,40).

Cada rebaño fue clasificado de acuerdo al grado de conexión con el resto de los rebaños a través de la comparación de los VG de los animales o grupos de animales evaluado por los contrastes del coeficiente de determinación (CD) entre rebaños, definido por Fouilloux et al. (2008) como una combinación lineal de los valores genéticos simulados ( $c'u$ ) y estimados ( $c'\hat{u}$ ):

$$CD(c'u) = \frac{(\text{cov}(c'u, c'\hat{u}))^2}{\text{var}(c'u)\text{var}(c'\hat{u})}$$

donde  $u$  es el valor genético simulado,  $\hat{u}$  es el valor genético estimado y  $c'$  es un vector nulo excepto para  $1/m_i$ , y para un  $1/m_j$  en la posición adecuada correspondiente a los animales del rebaño  $i$  y  $j$ , respectivamente (Tarrés et al., 2010).

Se estableció una jerarquía entre los rebaños a partir de las medias de los valores CACO que van de 0 a 1. Los rebaños completamente desconectados tuvieron un CD = 0. Para considerar que un rebaño o un GC estaba o no bien conectado se usó el mismo umbral (CD > 0,40) recomendado por Fouilloux y Laloë (2002). Este mismo procedimiento fue utilizado para medir el grado de conexión entre los cuatro grupos ("clusters") de rebaños. De ahora en adelante, nos referiremos al "modelo rebaño" y al "modelo clúster", dependiendo de si se considera uno u otro tipo de agrupación de animales.

La metodología CACO, que es descrita completamente en Fouilloux et al. (2008), es un proceso iterativo que lleva tres pasos: El primero es la evaluación genética. En el segundo paso se comparan los CD entre los grupos de animales dentro de los rebaños, para finalmente en el tercer paso, calcularse las conexiones entre rebaños que constituyeron los diferentes agrupamientos. Los valores estimados de los CD de la comparación entre los rebaños fueron calculados mediante la realización de 1000 réplicas del método de re-muestreo.

## **2.3 Resultados y discusión**

El sistema de producción de la raza Merino ha seguido tradicionalmente un régimen extensivo, cuya alimentación es limitada y obtenida en pastoreo, con un nivel de suplementación limitado a determinadas épocas del año (principalmente invierno y verano) en aquellos animales en el último periodo de gestación y lactación (Magrama, 2011). A pesar de esto ha alcanzado niveles productivos suficientemente altos (Tabla 7) para ser competitiva en su zona tradicional de explotación. Su carácter extensivo, con bajo nivel tecnológico y de instalaciones en esta raza, dificulta y encarece grandemente el uso de la inseminación artificial (I.A), lo que obstaculiza en gran medida la conexión genética entre rebaños.

### **2.3.1 Análisis discriminante, factorial y cluster**

Los resultados del análisis discriminante, permitieron descartar para los siguientes análisis a 6 descriptores ambientales: sistema de producción (SP), calidad de los pastos en primavera (CPP), verano (CPV), otoño (CPO) e invierno (CPI), y el número de partos (NPPO), al no presentar una contribución significativa ( $P > 0.05$ ). Finalmente fueron considerados 20 descriptores ambientales para el análisis factorial, resultando en 7 vectores que explicaron el 78,3% de la varianza total de los datos (Tabla 8). En vacuno lechero usando diferentes descriptores ambientales, se encontraron similares porcentajes que explicaron la varianza total entre rebaños (Weigel y Rekaya, 2000; Zwald et al., 2003b).

De acuerdo a los resultados encontrados, los descriptores ambientales que presentaron una mayor contribución fueron las variables de manejo: la superficie explotada destinada al ganado (SEG), el tamaño de rebaño (TR), los días de estabulación total al año (DETA) y el total de días de alimentación con concentrado por año (DACA), representando el 18,4% de la varianza total.

**Tabla 8.** Autovalores y porcentaje de la varianza explicada obtenida en el análisis factorial para los 20 descriptores ambientales registrados en los rebaños del NCC de la raza Merino en España.

<b>Factor</b>	<b>Autovalor</b>	<b>% de la varianza explicada</b>	<b>% acumulado de la varianza explicada</b>	<b>Descriptores ambientales correlacionados</b>
1	3,69	18,44	18,44	SEG, TR, DETA, DACA
2	2,89	14,44	32,88	ITH, PR, A
3	2,13	10,63	43,51	VV, TSEG, DFPA
4	1,94	9,72	53,24	PN, PA_30, PA_75
5	1,89	9,45	62,69	DEPA, DAPA, CA
6	1,69	8,46	71,14	P, EPO
7	1,43	7,13	78,27	NS

Las variables de manejo pueden ser consideradas útiles para la definición de los ambientes de producción. La carga animal (CA), días de estabulación parcial al año (DEPA) y días de alimentación en pastoreo al año (DAPA) representaron el 9,5% de la varianza total. Estas últimas también fueron considerados en bovinos de carne de la raza Bonsmara en Sudáfrica por Naser et al. (2008), quienes analizaron diferentes descriptores ambientales de tipo climatológico, de manejo y productivas, encontrando que las variables de manejo son una buena alternativa para agrupar rebaños (“clusters”) en función de su grado de semejanza de las condiciones productivas y medio ambientales. En tanto que en otros estudios, Windig et al. (2005) y Vasconcelos et al. (2006) encontraron en bovinos de leche que las variables con mayor contribución a la varianza total fueron aquellas de tipo productivo (10,3% y hasta 64,3%, respectivamente).

Con respecto a las variables climatológicas, se encontró que el índice de temperatura-humedad (THI), la precipitación (PR) y la altitud (A) representaron el 14,4% de la varianza total (Tabla 5). Naser et al. (2008) encontraron en bovinos de carne en Sudáfrica que tan solo la precipitación representó el 10% de la varianza total, en tanto que en nuestro trabajo esta variable representó el 4,8%. Zwald et al., (2003a) indicaron que solamente la precipitación no podría ser una variable útil para la definición de los ambientes de producción. La variable del THI entre los rebaños de la

raza Merino representó el 5,4% de la varianza total, en tanto que Zwald et al. (2003a) encontraron en vacunos de leche de diferentes países, que dentro de las variables climatológicas analizadas, solo la temperatura representó una correlación genética entre rebaños de 0,84 en ambientes extremos.

Los descriptores ambientales productivos que presentaron mayor importancia en este estudio fueron el peso al nacimiento (PN), peso ajustado a los 30 días de edad (PA\_30) y peso ajustado a los 75 días de edad (PA\_75), representando el 9,7% de la varianza total. En vacunos de carne Bonsmara en Sudáfrica, las variables productivas no fueron mayores al 5% de la varianza total (Neser et al., 2008).

Windig et al. (2005) encontraron que la producción de leche, contenido de proteína y grasa y el número de servicios pueden ser variables con gran contribución a la varianza total en bovinos de leche (10,3%); también en vacunos de leche encontraron hasta un 64,3% de la varianza total, estas diferencias quizá sean debidas a que en este último estudio se incluyeron observaciones obtenidas en diferentes países (Zwald et al., 2003a).

En la Figura 6 puede observarse el dendograma obtenido a partir del procedimiento "cluster". El resultado del análisis de "clustering" en este estudio, que consideró de forma integral a los 20 descriptores ambientales de los rebaños, determinó la existencia de 4 grupos homogéneos en cuanto a sus niveles ambientales-productivos (N\_1, N\_2, N\_3 y N\_4). El cluster N\_1, estuvo conformado por 6 rebaños de la provincia de Badajoz (JO, DB, S, E, CS, DT) con 16461 observaciones. Los rebaños del cluster N\_2, incluyeron explotaciones de las provincias de Córdoba (LR, BP, HD, MR), Cáceres (FD, SR) y Badajoz (FM, EF) con 22480 observaciones. El cluster N\_3 muestra 6 rebaños ubicados en su mayoría en la provincia de Badajoz (HQ, BS, A, DM, LF) y una en Cáceres (ZG) con 8141 observaciones, y el cluster N\_4 estuvo integrado por aquellos rebaños con mayor diferencia con respecto a los demás rebaños, ubicados en las provincias de Badajoz (GO, PR) y Cáceres (NN) con 3421

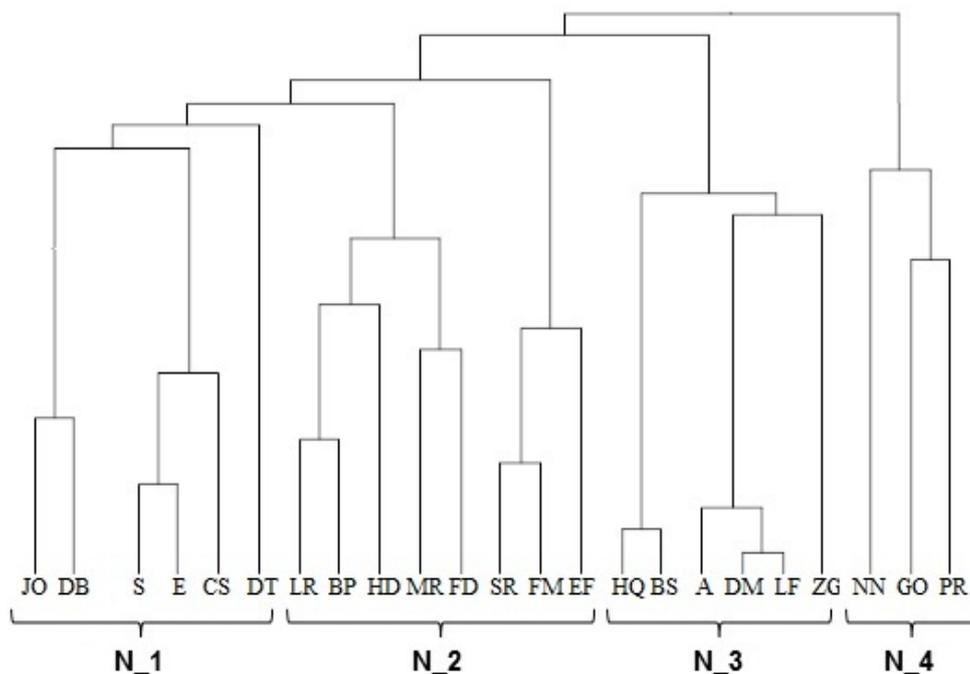
observaciones. Los resultados indican con ello condiciones ambientales diferentes, aun siendo de la misma región y provincia (Figura 6).

Weigel y Rekaya (2000) mencionan que el procedimiento cluster puede ser intuitivamente más atractivo para definir los niveles ambientales ayudando a mejorar las conexiones y emplearse para predecir el mérito genético de los animales para cada ambiente o sistema de manejo. Un nivel ambiental (“cluster”) puede mostrar de forma más completa el manejo, alimentación y la atención que recibieron todos los animales del rebaño, además de incluir algunas condiciones climatológicas, como ha sido previamente recomendado por varios autores (Ibañez et al., 1996; Boyazoglu y Nardone, 2003, Naser et al., 2008), permitiendo una mejor caracterización de las diferencias con respecto a la forma de manejo los animales (alimentación, salud, condiciones sanitarias).

La correlación de Pearson entre las clasificaciones de las EVG de los animales obtenidos con los rebaños y los modelos que incluyeron el efecto “cluster”, llegó a ser en promedio del 0,70. Este valor moderado es consistente con el hecho que el modelo que consideró al efecto rebaño, incluiría varias rebaños que se encontrarían muy desconectadas con las demás, implicando que las EVG de los animales en estos rebaños fueran estimadas con relación al promedio de las EVG de su propio rebaño (grupo contemporáneo), en lugar de una relación con los promedios de las EVG de toda la población.

Un estudio llevado a cabo en vacunos lecheros en Nueva Zelanda (Bryant et al., 2005) determinó también un moderado grado de re-clasificación para los rendimientos de leche, grasa y proteína (con una correlación por arriba de 0,80). Sin embargo, el objetivo de este último fue analizar la heterogeneidad ambiental que experimenta la población de los bovinos estudiados, en lugar de evaluar la posibilidad de agrupar rebaños con similares condiciones ambientales para mejorar las conexiones entre rebaños y consecuentemente, la fiabilidad de las EVG, indicando en este sentido que

los ambientes en Nueva Zelanda no fueron lo suficientemente diversos para justificar esquemas de mejora genética separados para los diferentes ambientes.



**Figura 6.** Clusters jerárquico obtenido (dendograma) del análisis de cluster a partir de los descriptores ambientales presentados en la Tabla 5, representando el agrupamiento de rebaños del NCC de la raza Merino.

### 2.3.2 Comparación de los niveles de conexión entre rebaños con el modelo cluster y modelo rebaño

La Tabla 9 presenta la comparación de los valores de los CD promedio de los “cluster” anteriormente definidos, calculados bajo tres diferentes niveles de heredabilidad: bajo (0,10), moderado (0,25) y alto (0,40), obtenidos con el modelo “cluster” (niveles ambientales) y con el modelo rebaño.

Como puede observarse, se encontró en todos los casos un incremento de los valores de los CD obtenidos cuando en el modelo se consideró el efecto “cluster” con respecto a los obtenidos con el modelo rebaño. Se observa también que estos incrementos fueron mayores cuando menor era el nivel de heredabilidad. Así, el análisis con una heredabilidad baja ( $h^2 = 0,10$ ) mostró incremento en los valores del

CD entre 9,1% a 24,9% utilizando el modelo cluster frente al modelo rebaño. En menor grado, el análisis con una heredabilidad moderada ( $h^2 = 0,25$ ) mostró que los valores del CD se incrementaron entre el 5,5% y el 14,2%; y cuando la heredabilidad fue alta ( $h^2 = 0,40$ ) los valores del CD se incrementaron entre el 4,1% al 11,9%. Para el principal criterio de selección en el esquema de la raza Merino (peso ajustado a los 75 días de edad;  $h^2 = 0,356$ ), se observó un incremento en los valores del CD entre 2,3% y el 15,0%.

**Tabla 9.** Comparación de los promedios de los valores de los coeficientes de determinación (CD) de pares de clusters de los rebaños del NCC de la raza Merino en España, obtenido con el modelo cluster y el modelo rebaño, bajo tres niveles de heredabilidades.

$h^2$	Contraste	CD promedio		Incremento CD	
		Efecto nivel ambiental	Efecto rebaño	Valor	%
<b>0,10</b>	N_1 – N_2	0,81	0,63	0,15	23,3
	N_1 – N_3	0,83	0,67	0,15	23,0
	N_1 – N_4	0,63	0,57	0,05	9,1
	N_2 – N_3	0,86	0,69	0,17	24,9
	N_2 – N_4	0,73	0,62	0,12	18,7
	N_3 – N_4	0,80	0,70	0,10	13,7
<b>0,25</b>	N_1 – N_2	0,88	0,77	0,10	13,2
	N_1 – N_3	0,89	0,79	0,10	13,2
	N_1 – N_4	0,76	0,72	0,04	5,5
	N_2 – N_3	0,92	0,80	0,11	14,2
	N_2 – N_4	0,82	0,75	0,07	9,1
	N_3 – N_4	0,87	0,82	0,05	5,6
<b>0,40</b>	N_1 – N_2	0,91	0,83	0,09	10,5
	N_1 – N_3	0,92	0,83	0,09	10,8
	N_1 – N_4	0,81	0,78	0,03	4,1
	N_2 – N_3	0,94	0,84	0,99	11,9
	N_2 – N_4	0,88	0,81	0,08	9,0
	N_2 – N_4	0,91	0,86	0,05	6,0
<b>Promedio</b>		0,81	0,75	0,14	12,5

Los mayores promedios de los CDs de las estimaciones de los valores genéticos obtenidos con el modelo clúster son la consecuencia de tener un mayor número de familias en cada grupo suficientemente bien conectado con los de otros grupos y por lo tanto de una mejor estimación de los componentes ambientales (en comparación con

el componente genético) de las diferencias entre la media de los clusters (Windig et al. (2005). Esto determina una mejora en la fiabilidad de las evaluaciones genéticas como ha sido citado van Bebber et al. (1997) y Weigel y Rekaya (2000).

## **2.4 Conclusiones parciales Capítulo 2**

1. Diversos descriptores ambientales (climatológicos, de manejo y productivos) contribuyeron en la raza Merino a la varianza total de los caracteres de crecimiento analizados, permitiendo su utilización mediante el procedimiento de “cluster” crear grupos de rebaños en función de su grado de semejanza en las condiciones productivas y medio ambientales a las que son sometidos sus animales.
2. Los descriptores ambientales que presentaron una mayor contribución fueron las variables de manejo, como la superficie explotada destinada al ganado (SEG), el tamaño de rebaño (TR), los días de estabulación total al año (DETA) y el total de días de alimentación con concentrado por año (DACA), representando el 18,4% de la varianza total.
3. Las conexiones entre estos rebaños de acuerdo a los valores del Coeficiente de Determinación (CD) de la metodología Cluster, se mostraron incrementadas cuando se empleó en el modelo animal el efecto nivel ambiental (“clusters”) frente al efecto rebaño para definir los grupos de contemporáneos.
4. La eficacia de este procedimiento para mejorar el grado de conectividad e incrementar la precisión de las valoraciones se ha mostrado dependiente también del escenario de heredabilidad simulado, esperando un incremento mayor para aquellos caracteres con heredabilidades más bajas.
5. Este método de “clusters” de rebaños en ambientes homogéneos, puede ser implementado y aplicado para otras razas o poblaciones donde existan graves problemas de conexión entre sus unidades productivas.



**CAPÍTULO 3. VALIDACIÓN DE LA ESTIMACIÓN DE LOS  
PARÁMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS DE  
CRECIMIENTO EN CORDEROS MERINO ESPAÑOL USANDO  
METODOLOGÍAS REML Y REGRESIÓN ALEATORIA CON DOS  
TIPOS DE GRUPOS CONTEMPORÁNEOS**



### 3.1 Introducción

Generalmente los planes de mejoramiento genético se realizan suponiendo que cada raza es criada bajo un sistema más o menos homogéneo de producción; sin embargo, existen claras evidencias que muchas razas son explotadas bajo diversas condiciones ambientales (Fikse et al., 2003). En sistema de producción de rumiantes altamente extensivos es esencial tener en cuenta las diferencias ambientales, estructurales y socioeconómicas existentes en la población a la hora de realizar el diseño del programa de mejora (FAO, 2010a). [Intentando satisfacer esta necesidad, para la estimación de los valores genéticos \(VG\)](#), en los modelos mixtos se ha incluido como efecto fijo al rebaño-año-estación como grupo contemporáneo (GC), (Kuehn et al., 2007). Una definición efectiva del GC requiere de rebaños que se encuentren genéticamente conectados. Sin embargo las conexiones entre rebaños son muy deficientes en sistemas extensivos donde hay un alto reemplazo de animales dentro de rebaño o los movimientos de animales entre rebaños no son realizados de forma rutinaria y la inseminación artificial (I.A) es escasa o no es utilizada. En España, la fiabilidad de las estimas de los VG de los animales son bajas o muy bajas en más del 85% en razas ovinas cárnicas, debido a los bajos niveles de conexiones entre los rebaños, principalmente por el escaso o nulo empleo de la I.A (Serradilla, 2014).

Diseñar un procedimiento de bajo costo y fácil de implementar para mejorar la fiabilidad de las estimas de los VG puede tener un beneficio económico muy importante (FAO, 2010b). Uno de estos procedimientos es el empleo de descriptores ambientales, basados en los valores de las variables climatológicas y productivas, para agrupar rebaños con semejantes condiciones en sus sistemas de manejo y de producción y constituir un GC para las evaluaciones genéticas (Fikse et al., 2003). El nivel de conexión entre estos grupos (que de ahora en adelante nombraremos niveles ambientales, NA) mejorarán las conexiones existentes entre los GC en relación a los

existentes entre los rebaños y, por ende, la precisión de las estimas. Este enfoque se ha utilizado para mejorar los niveles de conexión en el ganado bovino lechero (Carvalho, 2000; Weigel y Rekaya, 2000; Vasconcelos et al., 2006) y recientemente en los ovinos en el desarrollo de esta tesis (capítulo 2; Osorio-Avalos et al., 2015).

Los criterios de selección frecuentemente utilizados en la mejora del ovino de carne son los pesos al destete (45 días en el ovino Merino –P45) y posdestete (75 días en esta misma raza –P75) presenta una heredabilidad generalmente de mediana magnitud (Safari et al., 2005). A pesar de este buen nivel de varianza genética aditiva, la fiabilidad de las estimas de los VG para estas características puede ser limitada si no se establece un sistema que corrija los limitados niveles de conexión entre los GC de razas como el Merino (Osorio-Avalos et al., 2013).

El objetivo de este estudio fue validar y comparar los valores de los componentes de la varianza y la fiabilidad de las EVG de las características de los pesos P45 y P75 con dos tipos de grupos contemporáneos (GC): el efecto rebaño (RE) y los niveles ambientales (NA), utilizando para ello un modelo animal con dos tipos de metodologías para la estima de los parámetros: máxima verosimilitud restringida (REML) y regresión aleatoria (RR).

## **3.2 Material y métodos**

En el capítulo previo (Osorio-Avalos et al., 2015), se utilizaron 20 variables climatológicas, de manejo y productivas como descriptores ambientales para llevar a cabo un análisis de agrupamiento de las ganaderías, definiendo cuatro grupos de rebaños o NA. Estos fueron utilizados como nuevos GC en los modelos para la estima de los valores genéticos (EVG).

### **3.2.1 Material animal**

En el primer capítulo de esta Tesis (Osorio-Avalos et al., 2013) se determinó que a pesar de las dificultades con las que se encuentra esta raza en relación a la conexión entre rebaños, la utilización de un rebaño conector permite obtener niveles aceptables de conexión. No obstante este sistema tiene como inconveniente, que es necesario volver a someter a valoración en el rebaño conector a determinados machos jóvenes una vez han sido probados por la descendencia en sus respectivos rebaños. Esto determina una conexión indirecta del 95,7% de los rebaños (Osorio-Avalos et al., 2013) pero que ocasiona cierto retraso en el progreso genético de la raza.

Para este estudio se utilizaron los datos consistentes en 86773 registros del peso a 75 días de edad, con un número total de animales del pedigrí de 110510 (86879 corderos hijos de 2011 sementales y 40257 ovejas) que integran el Núcleo Control Cárnico (NCC) de la raza. Los datos de corderos con un solo peso y aquellos pesos fuera de un rango de  $\pm 3$  desviaciones estándar a partir de la media fueron eliminados. Después de esta depuración, el conjunto de datos incluyó 70635 pesadas de 17993 corderos hijos de 402 carneros y 9614 ovejas. Se obtuvieron los pesos P45 y P75 por interpolación de los dos pesajes registrados con un máximo de siete días antes y después de la edad de referencia. En esta nueva base de datos de pesos también fueron eliminados aquellos fuera de un rango de  $\pm 3$  desviaciones estándar alrededor

de la media, quedando disponibles para el análisis 4515 pesos tipificados para P45 y 4507 para P75 en corderos hijos de 162 y 158 carneros y 3042 y 2748 ovejas, respectivamente. Estos corderos nacieron desde enero de 2005 hasta octubre de 2013 en 19 rebaños.

### 3.2.2 Análisis estadístico

Se utilizó un modelo lineal general (GLM), el cual incluyó como efectos fijos la edad del cordero (45 y 75 días), la combinación del tamaño de la camada y el sexo de la cría (4 niveles) y el grupo contemporáneo (GC) que fue definido por la combinación del año y el período bimestral de nacimiento y el rebaño (RE), con 93 niveles, o bien el nivel ambiental (NA) con 67 niveles. Todos los efectos fueron significativos, los cuales fueron utilizados e incluidos a posteriori en los modelos para la estimación de los componentes de la varianza.

#### 3.2.2.1 Modelo animal univariado

Las estimaciones de los componentes de varianza por metodología REML para los pesos de referencia fueron realizadas siguiendo el mismo modelo genético utilizado en las valoraciones genéticas de rutina en el Núcleo de Selección de la raza. Así en el caso del P45 el modelo fue:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3pm + e$$

donde  $y$  es el vector de las observaciones de P45;  $b$  es el vector de los efectos fijos anteriormente descritos (GLM);  $a$ ,  $m$  y  $pm$  son los efectos aleatorios directo, materno, y ambiente permanente, (3256 niveles);  $e$  es el vector de los residuales;  $X$ ,  $Z_1$ ,  $Z_2$  y  $Z_3$  son las matrices de incidencia relacionando las observaciones para  $b$ ,  $a$ ,  $m$  y  $pm$ , respectivamente.

La distribución de los efectos aleatorios fue:

$$[a'm'c'e'y]' \sim N\{[0' 0'0'0' (Xb)']',$$

$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ pm \\ e \\ y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 & AZ_1'\sigma_a^2 \\ A\sigma_{am} & \sigma_m^2 & 0 & 0 & AZ_2'\sigma_m^2 \\ 0 & 0 & I_{pm}\sigma_{pm}^2 & 0 & Z_3'\sigma_{pm}^2 \\ 0 & 0 & 0 & I_n\sigma_e^2 & I_n\sigma_e^2 \\ Z_1A\sigma_a^2 & Z_2A\sigma_m^2 & Z_3\sigma_{pm}^2 & I_n\sigma_e^2 & V \end{bmatrix}$$

donde

$$V = Z_1AZ_1'\sigma_a^2 + Z_2AZ_2'\sigma_m^2 + (Z_1AZ_2' + Z_2AZ_1')\sigma_{am} + Z_3Z_3'\sigma_{pm}^2 + I\sigma_e^2$$

y  $\sigma_a^2$  es la varianza del efecto aditivo,  $\sigma_m^2$  es la varianza del efecto aditivo materno,  $\sigma_{pm}^2$  es la varianza del efecto del ambiente permanente,  $\sigma_{am}$  es la covarianza entre los efectos aditivo y materno,  $\sigma_e^2$  es la varianza del efecto residual,  $A$  es la matriz de la relación genética aditiva y  $I$  es la matriz de identidad.

Para la estimación de los parámetros genéticos de la característica P75 se utilizó el mismo modelo excluyendo el efecto materno. Todos los ancestros conocidos de los corderos bajo estudio fueron incluidos en el archivo de pedigrí (38024 animales).

Se utilizó un sistema de validación cruzada para comprobar el nivel de ajuste de los modelos con ambas definiciones de GC (RE y NA). Así se obtuvieron de forma aleatoria 10 set de datos que contenían un 80% de los datos tipificados globales cada uno. Se estimaron los componentes de la varianza con cada modelo con cada uno de los set de datos, así como con la base de datos que incluía el 100% de los datos disponibles después de la depuración. Con el 20% de datos no utilizados para la estima de los componentes se obtuvieron los valores fenotípicos predichos por cada modelo y se compararon con los valores fenotípicos reales de cada cordero. La comparación de los modelos para cada tipo de GC se realizó estimando las correlaciones de Pearson entre los citados valores observados y estimados. Adicionalmente los valores promedio de las 10 repeticiones de la validación cruzada para cada uno de los dos modelos fueron comparados dentro de cada uno de los

cuatro niveles ambientales ("cluster"), calculando la significación estadística de "r" mediante la transformación de la prueba de Fisher "z" de las diferencias entre ambas correlaciones.

### 3.2.2.2 Modelos de Regresión aleatoria.

El modelo utilizado para el análisis de regresión aleatoria (RRM) fue:

$$y = \text{fixed}_i + \sum_{r=0}^3 \Phi_r b_l + \sum_{r=0}^x \Phi_r \lambda_{a_j} + \sum_{r=0}^x \Phi_r \gamma_{m_j} + \sum_{r=0}^x \Phi_r P_p + \sum_{r=0}^x \Phi_r Q_q + R; \text{ age}$$

donde  $y$  es el dato  $n^{\text{th}}$  del peso del cordero; **fixed<sub>i</sub>** incluyó los efectos fijos de la edad de la madre al parto con 10 niveles (de 1 a 10 y más años); tipo de parto con dos niveles (uno y más que un cordero); sexo del cordero; GC con dos opciones: rebaño\_día prueba con 361 niveles (que desde ahora llamaremos RDP) y nivel ambiental\_día prueba con 36 niveles (que llamaremos desde ahora NADP). El cambio de la curva del peso con la edad del cordero fue modelada con una covariable fija (**b<sub>l</sub>**) de un polinomio de Legendre ( $\Phi_r$ ) de tercer orden (que fue el mayor orden que alcanzó la convergencia). Los efectos aleatorios directo y materno del cordero es  $\lambda_{a_j}$  y  $\gamma_{m_j}$ , respectivamente. **P<sub>p</sub>** y **Q<sub>q</sub>** representan los efectos aleatorios del ambiente permanente debido a la repetición de los mismos datos directo y materno, respectivamente. Diferentes órdenes del polinomios de Legendre ( $\Phi_r$ ) se utilizaron para el modelo de regresión aleatoria, que fueron probados para encontrar el modelo que mejor se ajustó a las observaciones. Se consideraron dos tipos de varianza residual aleatoria (**R**): homogéneo y heterogéneo, que fueron diferentes para cada categoría de edad (al nacimiento, de 2 a 44 días, de 45 a 60 días y de 61-110 días con 17846, 13265 y 21723 observaciones, respectivamente).

En primer lugar se utilizó un polinomio de legendre de primer orden ( $r=1$ ) para todos los efectos aleatorios y con el grupo contemporáneo RDP, resultando que el modelo no llegó a la convergencia cuando la covarianza entre los efectos directos ( $a$ ) y

maternos (m) fueron incluidos. Por lo tanto, este componente fue excluido en todas las pruebas siguientes.

La distribución esperada de las observaciones con este modelo  $r=1$  fue:

$$y \sim N [0, (\sigma_y^2 = (G_a = \Phi_i * [A \otimes K_a] * \Phi_i') + (G_m = \Phi_i * [A \otimes K_m] * \Phi_i') + (P = \Phi_i * [I_p \otimes K_p] * \Phi_i') + (W = \Phi_i * [I_w \otimes K_w] * \Phi_i') + (R = \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 \\ \sigma_{e2}^2 \\ \sigma_{e3}^2 \\ \sigma_{e4}^2 \end{bmatrix} \otimes I_n))] ]$$

donde,  $y$  es el vector de observaciones;  $A$  es el numerador de la matriz de relaciones genéticas;  $I_p$ ,  $I_w$  y  $I_n$  es la matriz de identidad conectando las variables dependientes con los efectos indicados por los subíndices;  $\sigma_x^2$  representando los componentes de varianza para estos mismos efectos y  $\otimes$  es el producto de Kronecker. La matriz  $K_x = \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{as} \\ \sigma_{sa} & \sigma_s^2 \end{bmatrix}$  tiene los componentes de (co)varianza para el intercepto ( $\sigma_i^2$ ), la pendiente ( $\sigma_s^2$ ) y la covarianza entre ambos ( $\sigma_{as}$ ) para los efectos genéticos directo ( $x=a$ ) y materno ( $x=m$ ) y para los efectos permanentes individual ( $x=p$ ) y materno ( $x=w$ ).  $R$  es el vector de la varianza residual heterogénea compuesta de las varianzas residuales  $\sigma_{ei}^2$  para cada una de las cuatro clases de edad.

Los componentes de varianza para el peso de cualquier día  $l^{th}$  de edad y el componente de covarianza entre dos edades  $l_1$  y  $l_2$  se obtuvieron siguiendo a Jamrozik y Schaeffer (1997):

$$\sigma_{xl}^2 = \Phi_l K_x \Phi_l'$$

$$\sigma_{xl_1, l_2} = \Phi_{l_1} K_x \Phi_{l_2}'$$

Con los elementos anteriormente definidos, se estimaron la heredabilidad y las correlaciones entre todas las edades para los efectos genéticos incluidos en el modelo. Los valores genéticos aditivos para cada  $j^{th}$  y edad  $l^{th}$  se estimaron con:

$$VG_I^j = \sum_{k=0}^{k_x} \Phi_k a_j^k$$

Para la estimación de los componentes de varianza y la predicción de los valores genéticos, fue empleado el software ASREML (Gilmour et al., 2009).

**Tabla 10.** Orden de los polinomios de Legendre de los efectos aleatorios y el tipo de varianza residual considerados en los modelos de regresión aleatoria (RR) utilizados para los pesos registrados en corderos Merino y sus valores de los estadísticos de ajuste de estos modelos.

Modelo	Orden de polinomios de Legendre de los efectos aleatorios					Residuos	P <sup>1</sup>	Criterio de Información <sup>2</sup>		
	Directo	Materno	Ambiente perm directo	Ambiente perm. materno				LogL	AIC	BIC
0	1	1	1	1	Homogéneos	13	-	17146	17276	
1	1	1	1	1	Heterogéneos	16	8560	9462	9670	
2	1	No	1	1	Heterogéneos	13	4715	9482	9612	
3	2	No	1	1	Heterogéneos	16	4728	3460	3668	
4	2	No	1	2	Heterogéneos	19	1714	3396	3526	
							1685			

<sup>1</sup> P es el número de parámetros estimados en el modelo.

<sup>2</sup> AIC: Criterio de Información Akaike; BIC: Criterio de Información Bayesiano

Se emplearon cuatro modelos diferentes con polinomios de Legendre de primer y segundo orden, los cuales fueron probados incluyendo o no los efectos directos maternos (Tabla 10). Se utilizaron los Criterios de Información de Akaike (AIC) y Bayesiano (BIC) para encontrar el modelo que mejor se ajustara a los datos (Foulley y Robert Granie 2002):

$$AIC = -2 \log L + 2p \quad \text{y} \quad BIC = -2 \log L + p \log(N-x)$$

donde  $\log L$  es el logaritmo de la probabilidad máxima de cada modelo,  $p$  es el número de componentes de (co)varianza estimada,  $N$  es el número de observaciones y  $x$  es el número de efectos fijos ( $N-x$  son los grados de libertad del residual). Un mayor valor de  $\log L$  y a un menor criterio de información AIC y BIC están relacionados con el mejor ajuste del modelo. Estos criterios se aplicaron primero en todos los modelos con el RDP como GC, resultando el cuarto modelo el que mejor ajustó; por lo tanto, este modelo fue utilizado con el NADP como GC.

De la misma forma que para la metodología REML, se utilizó un sistema de validación cruzada para comparar los dos grupos contemporáneos (RDP y NADP). Así se obtuvieron 10 subconjuntos de datos formados por un 80% de los pesos del día en control seleccionados de forma aleatoria, siguiendo una metodología semejante a la descrita para obtener las correlaciones entre los valores fenotípicos reales y estimados con cada uno de los modelos ensayados seguida con la metodología REML. En el caso de la RR también es posible la estimación del peso fenotípico del 20% de los datos eliminados en cada subconjunto utilizado en el procedimiento de validación cruzada al contar con varios pesos por cordero.

### 3.3 Resultados y discusión

La estadística descriptiva de los registros de la edad, pesos y ganancia diaria de peso de los corderos nacidos de 2002 a 2011 en el núcleo de selección de la raza Merino Español se presentan en la Tabla 11.

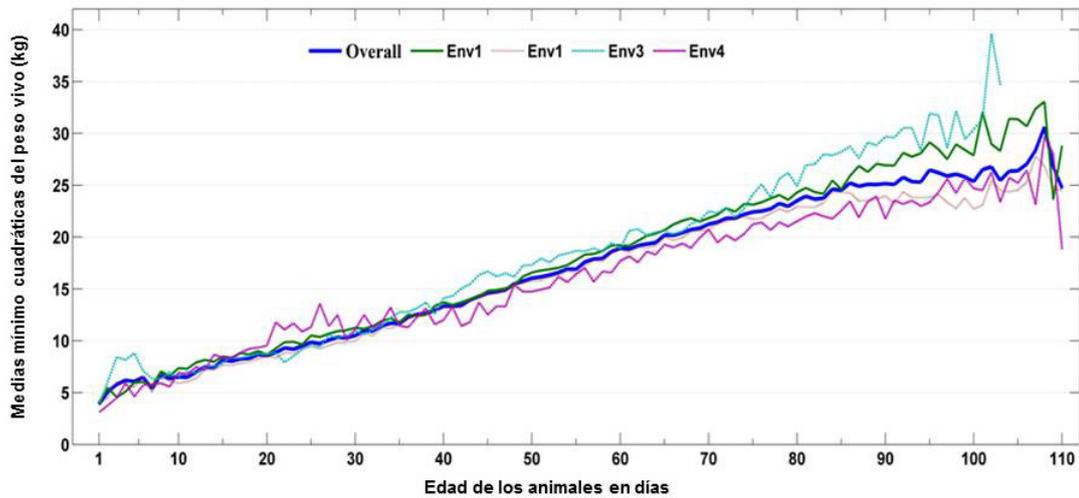
**Tabla 11.** Estadística descriptiva de los registros de la edad, pesos y ganancia diaria de peso de los corderos nacidos de 2002 a 2011 en el Núcleo de Selección de la raza Merino Español.

Concepto	N	Media <sup>1</sup> ± ES	Rango	CV, %
Peso al nacimiento	4,515	3,94±0,01	1,45 a 6,08	23,9
Peso corporal primer control	4,515	12,08±0,03	8,10 a 16,20	33,5
Edad primer control	4,515	35,02±0,11	1 a 99	28,7
Peso corporal segundo control	4,515	17,44±0,04	12,20 a 21,30	27,9
Edad Segundo control	4,515	55,44±0,11	12 a 109	19,5
Peso corporal tercer control	4,507	21,93±0,04	16,40 a 27,50	25,1
Edad tercer control	4,507	72,05±0,12	18 a 117	16,7
Peso corporal a 45 días	4,515	14,73±0,02	7,40 a 29,60	22,6
Peso corporal a 75 días	4,507	22,52±0,03	9,20 a 37,20	19,3
GDP <sup>2</sup> del nacimiento a 45 días	4,515	0,25±0,06	-0,03 a 0,52	24,02
GDP <sup>2</sup> de 45 a 75 días	4,507	0,24±0,06	-0,04 a 0,54	25,68

<sup>1</sup>El peso corporal está expresado en kilogramos y la edad está en días.

<sup>2</sup>GDP: ganancia diaria de peso

Las curvas mostradas en la Figura 7, representan las medias mínimo cuadráticas ajustadas del peso corporal a lo largo de la edad, tanto para la población global como para los animales controlados para cada uno de los niveles ambientales definidos. El crecimiento es básicamente lineal confirmando lo encontrado anteriormente en esta raza por Molina et al. (2007), a excepción de la última parte de las curvas, debido probablemente al menor número de datos registrados para esas edades. No se observaron grandes diferencias entre los NA en la forma de la curva de crecimiento.



**Figura 7.** Curvas de las medias mínimo cuadráticas del peso corporal ajustado a lo largo de la edad de los corderos de la población global (promedio) y de cada uno de los niveles ambientales (Env) del Núcleo de Selección de la raza Merino Español.

### 3.3.1 Estimación de los parámetros genéticos y valores genéticos con modelo animal utilizando metodología REML univariado.

El promedio de las correlaciones entre los valores del fenotipo observados y los valores fenotípicos estimados obtenidos para el P45 y P75 con cada una de las 10 repeticiones de la validación cruzada de los modelos REML animal univariado, se muestran en la Tabla 12. Las correlaciones obtenidas con las diferentes repeticiones de cada modelo fueron bastante homogéneas y de una elevada magnitud (oscilando entre 0,597 y 0,628 para P45 y 0,823 a 0,825 en P75). Las correlaciones obtenidas teniendo como GC los NA fueron un 4,6% (para P45) y un 5,1% (para P75) más altos que los obtenidos con el modelo que tenía el GC de RE; sin embargo, las diferencias de estas series de correlaciones fueron solo estadísticamente significativas para P75. La correlación entre los valores fenotípicos estimados con ambos modelos fue del 99%.

Utilizando la base de datos completa, las correlaciones de los modelos con el GC de NA fueron en promedio 4,4% y 4,9% más altos con respecto a los modelos con el GC de RE para el P45 y P75, respectivamente (Tabla 12).

**Tabla 12.** Coeficientes de correlación de Pearson entre el conjunto total de observaciones de los pesos en los corderos de la raza Merino (P45 y P75) y las predicciones correspondientes obtenidas con el modelo animal con metodología REML con ambos tipos de GC en cada una de las diez repeticiones de validación cruzada.

Repetición de la validación cruzada	P45		%	P75		%
	Grupo contemporáneo <sup>1</sup>			Grupo contemporáneo <sup>1</sup>		
	RE	NA	incremento	H	EL	incremento
1	0,599	0,624	4,2	0,825	0,865	4,9
2	0,602	0,628	4,3	0,825	0,865	4,8
3	0,600	0,626	4,3	0,825	0,865	4,9
4	0,598	0,624	4,3	0,823	0,863	4,9
5	0,598	0,624	4,3	0,823	0,863	4,9
6	0,599	0,625	4,4	0,823	0,863	4,9
7	0,601	0,627	4,4	0,826	0,865	4,7
8	0,597	0,623	4,4	0,825	0,865	4,9
9	0,599	0,626	4,5	0,825	0,864	4,8
10	0,597	0,623	4,4	0,824	0,864	4,8
<b>100% datos</b>	0,593	0,620	4,4	0,822	0,863	4,9

<sup>1</sup>Grupo contemporáneo de los animales incluidos en el modelo animal con metodología REML: RE: rebaño-años-periodo de dos meses de nacimiento; NA: nivel ambiental-año-periodo de dos meses de nacimiento.

La estimación de los parámetros genéticos para P45 y P75 con RE y NA en el modelo animal con metodología REML y el porcentaje de variación de las estimaciones de RE a NA, se presentan en la Tabla 13. Se observaron incrementos del 11,9% y 8,4% en los componentes genéticos aditivo directo y materno para el P45 respectivamente, cuando fueron estimados con el modelo con NA en relación al modelo con RE. La varianza residual de este modelo fue un 1,5% inferior y, por consiguiente, la heredabilidad directa y materna fueron mayores cuando se utilizó como CG el NA. También se obtuvieron estimaciones superiores con el modelo con NA para los efectos permanentes directos y maternos (11,7% y 39,4%, respectivamente) y de la covarianza directa materna (11,7%). Estos incrementos de los valores estimados para todos los componentes con el modelo que incluía los NA frente al modelo con RE fueron aún mayores para el P75. Por ejemplo, el incremento en la varianza aditiva directa fue del 45,1% y la varianza residual disminuyó 9,1%, originando un incremento de la heredabilidad directa del 39,0%.

**Tabla 13.** Parámetros genéticos (errores estándar de algunos de ellos) para los P45 y P75 en corderos, obtenidos con modelos con metodología REML, con ambos tipos de GC y los porcentajes de variación entre ambas estimaciones.

P45	Parámetro <sup>2</sup>	Grupo contemporáneo <sup>1</sup>		% Variación RE/NA
		RE	NA	
<b>Componentes de varianza</b>	$\sigma_a^2$	1,28	1,43	11,9
	$\sigma_m^2$	0,54	0,58	8,4
	$\sigma_{am}$	-0,49	-0,55	11,7
	$\sigma_{apm}$	0,14	0,19	39,4
	$\sigma_{residual}^2$	8,89	8,75	-1,5
<b>Ratios</b>	$h_a^2$	0,13±0,04	0,15±0,05	11,5
	$h_m^2$	0,06±0,03	0,06±0,03	7,3
	Ram	-0,60±0,09	-0,61±0,09	1,55
	Apm	0,02±0,01	0,02±0,01	35,7
<b>Porcentaje fiabilidad de la EVG</b>	Directo	0,11	0,15	32,7
	Materno	0,03	0,04	14,7
<b>P75</b>				
<b>Componentes de varianza</b>	$\sigma_a^2$	2,69	3,90	45,1
	$\sigma_{residual}^2$	8,02	7,29	-9,1
<b>Ratios</b>	$h_a^2$	0,25±0,06	0,35±0,09	39,0
<b>Porcentaje fiabilidad de la EVG</b>	Directo	0,31	0,42	34,7

<sup>1</sup> Grupos contemporáneos de animales incluidos en el modelo animal con metodología REML: RE: rebaño-año-periodo de dos meses de nacimiento; NA: nivel ambiental-año –periodo de dos meses de nacimiento

<sup>2</sup> a: directo, m: materno, p: permanente, R: covarianza, A: ambiental.

Todas las estimaciones de los parámetros genéticos aquí obtenidos, están dentro de la gama de valores publicados para la especie (Safari et al., 2005). Molina et al. (2007) reportaron en la misma raza estimaciones similares de las varianzas aditiva directa y materna y covarianza, a los encontrados en este trabajo. También mostraron que la varianza genética aditiva del peso aumentó con la edad del animal, que coincide con el aumento de los componentes de varianzas entre P45 y P75 encontrados en este estudio. No existen resultados publicados sobre el uso de descriptores ambientales para formar cluster de rebaños con la finalidad de definir GC en ovinos. Esta filosofía de trabajo ha determinado también en caracteres lecheros de

vacuno (Zwald et al., 2001 y Fikse et al., 2003) una reducción de la varianza residual y un incremento de las estimaciones de la varianza genética y la heredabilidad. Zwald et al. (2003b) realizaron un estudio con características de producción de bovinos lecheros en diferentes países, utilizando “clusters” de rebaños en función de 7 niveles ambientales, encontrando diferencias de heredabilidad y correlaciones genéticas (altas y bajas) entre los diferentes ambientes de producción en todo el mundo.

La fiabilidad de los efectos genéticos directos estimados de los P45 y P75, se incrementaron un 32,0 y 34,7% respectivamente, cuando el NA fue utilizado como GC. En el caso de los efectos maternos la fiabilidad también se incrementó un 14,7% para el P45 (Tabla 13). Con respecto a la heredabilidad directa, Menéndez-Buxadera et al. (2003) aplicando un modelo animal con metodología REML incluyendo el efecto rebaño como GC, reportaron valores mayores para la heredabilidad directa y materna en el peso de los corderos de esta raza a 30 y 60 días de edad, y un menor valor de la heredabilidad directa para el P75 al encontrado en este estudio.

Siguiendo la clásica fórmula de respuesta a la selección (Falconer y Trudy, 1996), los incrementos de la heredabilidad y la fiabilidad de las EVG generaron un incremento en la respuesta prevista a la selección del 32,7% para el P45 y 39,9% para el P75 cuando se seleccionaron por los valores genéticos directos, independientemente de la intensidad de selección aplicada. En este mismo sentido, en el caso de los efectos maternos nuestros resultados estiman un incremento en la respuesta del 11,5% para el P45.

### **3.3.2 Estimación de los parámetros genéticos y valores genéticos con metodología del RRM**

La Tabla 10 presenta la comparación de los criterios de información de los 4 modelos para los análisis de los datos del día de prueba para los pesos registrados para cada cordero en el Núcleo de Selección de la raza. La comparación de los

modelos 0 y 1 indican que al considerar una varianza residual heterogénea mejoró el ajuste. El modelo también ajustó mejor cuando el efecto materno fue excluido (modelo 2 al 4). Finalmente, un polinomio de Legendre de segundo orden para el modelo de regresión aleatoria (RRM) de efectos directos y de ambiente permanente materno generó el mejor modelo (modelo 4). Este modelo dio origen a la mayor varianza genética aditiva directa y la mayor heredabilidad. Un resultado similar fue publicado por Lewis y Brotherstone (2002), quienes observaron que el mejor modelo que describió el crecimiento de corderos Suffolk incluyó el efecto directo y el efecto permanente materno.

Con las dos versiones del cuarto modelo, uno incluyendo el rebaño (RETD) y el otro incluyendo los niveles ambientales (NATD) como grupos contemporáneos (GC), se calcularon las correlaciones entre los valores observados y los esperados. La Tabla 14 presenta los valores de estas correlaciones obtenidas con el 80% de las observaciones utilizadas para ajustar los modelos en cada una de las diez validaciones y las correlaciones obtenidas con el 20% de las observaciones restantes que fueron utilizadas para someter a prueba el valor predictivo de los modelos.

Se puede observar que las correlaciones obtenidas con esta metodología son sensiblemente más altas que las conseguidas con el modelo REML univariado para los pesos tipificados. Esto se puede deber a una combinación de varios hechos: (1) las propias propiedades de la metodología de RRM que hacen que las fiabilidades sean superiores a los modelos tradicionales al incluir las covarianzas entre los diferentes pesos de cada animal (Meyer, 2005), (2) el crecimiento básicamente lineal en el rango de edades analizados, que hacen que la estimación de uno de los pesos sea posible con alta fiabilidad si se cuentan con otros dos puntos, (3) el hecho de que se haya contado con una gran mayoría de corderos con 3 a 4 controles, lo que hace que al eliminar aleatoriamente el 20% de los controles, prácticamente todos los corderos siguieron manteniendo 3 pesos, más que suficiente para realizar una buena estimación del dato faltante.

**Tabla 14.** Coeficientes de correlación de Pearson entre los registros del día de prueba de los pesos de corderos Merino y la predicción correspondiente obtenida con el modelo nº 4 de RRM con ambos tipos de GC en cada una de las diez repeticiones realizadas para la validación cruzada y correlaciones entre la predicción obtenida con los modelos con RETD y NATD.

Repetición de la validación cruzada	Con 80% registros utilizados para el ajuste del modelo <sup>1</sup>			Con 20% registros no utilizados para el ajuste del modelo <sup>1</sup>		
	Grupo contemporáneo <sup>2</sup>		Predicciones	Grupo contemporáneo <sup>2</sup>		Predicciones
	RETD	NATD	RETD – NATD	RETD	NATD	RETD – NATD
1	0,971	0,972	0,999	0,950	0,950	0,999
2	0,968	0,969	0,999	0,950	0,950	0,999
3	0,969	0,970	0,999	0,950	0,950	0,999
4	0,970	0,971	0,999	0,949	0,949	0,999
5	0,969	0,971	0,999	0,951	0,951	0,999
6	0,969	0,970	0,999	0,950	0,950	0,999
7	0,970	0,971	0,999	0,949	0,949	0,999
8	0,990	0,991	0,999	0,948	0,948	0,999
9	0,990	0,991	0,999	0,948	0,948	0,999
10	0,970	0,971	0,999	0,948	0,948	0,999
<b>Promedio</b>	0,974	0,975	0,999	0,949	0,949	0,999

<sup>1</sup>Cada validación cruzada se llevó a cabo eligiendo al azar el 80% de las observaciones para ajustar el modelo y el 20% restante para validarlo.

<sup>2</sup>Los grupos contemporáneos de los animales incluidos en los modelos con metodología de regresión aleatoria (RR) fueron: RETD: rebaño-día de prueba; NATD: nivel ambiental-día de prueba.

### ***3.4 Conclusiones parciales capítulo 3***

1. La agrupación de rebaños en grupos de homogeneidad en función de las condiciones ambientales a las que se ven sometidos los animales para conformar los grupos de contemporáneos, al ser incluidos como efectos fijos en los modelos utilizados para estimar los componentes de varianza y los valores genéticos, aumentaron las estimaciones de heredabilidad y la fiabilidad de los valores genéticos aditivos de los principales criterios de selección de la raza Merino Español (pesos de los corderos al destete y sacrificio).
2. Este incremento fue mucho más patente en el caso de la metodología REML univariada que cuando se utilizó regresión aleatoria, Esta última metodología manifestó un poder predictivo sensiblemente superior al BLUP y obtener valores genéticos más fiables.
3. Con ambas metodologías la correlación entre los valores genéticos estimados utilizando ambas definiciones de grupos de contemporáneos (basadas en los rebaños y en los grupos de homogeneidad) fueron muy elevados (superiores al 95%) por lo que la utilización de uno u otro GC no debe acarrear fuertes cambios en los ranking de los animales por su EBV.
4. El incremento de la heredabilidad y la fiabilidad de los valores genéticos estimados permite estimar un incremento de la respuesta a la selección prevista para los pesos a 45 y 75 días de edad en corderos Merino cuando se selecciona por los valores genéticos directos, independientemente de la intensidad de selección aplicada.
5. Así mismo se espera un incremento de la respuesta a la selección en base al componente materno para el peso al destete.



## CAPÍTULO 4. DISCUSIÓN GENERAL

En razas ovinas de aptitud cárnica como la Merino en España se emplea generalmente en su sistema de producción la monta natural, en que las conexiones entre rebaños debida a los padres de referencia son muy escasas y las conexiones indirectas a partir de otros grados de parentesco son generalmente débiles. El uso de la inseminación artificial (I.A) es escasa, así como del movimiento de sementales entre los rebaños que es rechazado por los ganaderos como medida de precaución sanitaria. La distribución de la raza Merino, a lo largo de una amplia área geográfica y el carácter fuertemente extensivo de su sistema de producción hacen que las diferencias ambientales a las que están sometidos los animales sean muy grandes, existiendo diferencias en el tamaño de los rebaños, en su manejo y en las condiciones ambientales a las que los animales son sometidas, así como diversidad en su base genética. Es por ello que es especialmente crítico tener una buena conexión genética que permita discriminar los efectos genéticos de los ambientales. El diseño de la conexión genética entre rebaños en el Núcleo Control Cárnico (NCC) en la raza Merino, se realiza desde los años 90 de forma indirecta mediante la valoración en un único rebaño de algunos jóvenes reproductores en prueba (previamente valorados por la descendencia en su propia explotación). Los mejores sementales probados de cada rebaño son trasladados a un rebaño experimental (CENSYRA) actuando como “rebaño conector” para una segunda valoración de estos machos, que a su vez actuarían como machos conectores del resto de machos de su propia explotación. La valoración se realiza a través de los corderos nacidos que son productos del empadre aleatorio con 40 a 45 ovejas (Magrama, 2011).

Los resultados encontrados indicaron que el sistema de conexión de rebaños dentro del Núcleo Control Cárnico de la raza Merino Español da lugar a un alto grado de conexión. Se observó que casi el 100% de los rebaños se encontraron conectados indirectamente a través del rebaño conector, sin poder identificar el grado o nivel de conexión existente entre los rebaños. Utilizando un coeficiente de similitud genética

(SG) obtuvimos las proporciones de las conexiones genéticas que existen entre los rebaños a través de las vías padres, abuelos paternos y abuelos maternos. El 62% de los rebaños comparten padres con algún otro, indicando un buen nivel de conexión genética, como ha sido encontrado usando el método de SG en bovinos de carne de la raza Bruna dels Pirineus (59%) bajo la crianza con monta natural (Tarrés et al., 2009). La SG vía padres ha sido aceptable, debido a que en los últimos años se está haciendo el esfuerzo por aumentar el comercio de carneros jóvenes. Pero de acuerdo a Kuehn et al. (2007) estos valores se encuentran por debajo de la proporción recomendada para minimizar el riesgo de estimar los valores genéticos (EVG) de los animales de forma poco fiable, que está asociado con la existencia de diferencias en los niveles genéticos y ambientales de los diferentes rebaños. La SG por sí sola, presenta ciertas limitaciones como una medida de conexión genética entre rebaños, especialmente cuando la distribución de la progenie de padres y madres comunes entre rebaños no es homogénea.

A través de la metodología del "*Criterion of Admission to the Group of Connected Herds*" (CACO), se encontró que las estimaciones de los CD depende fuertemente del valor de la heredabilidad y al número de crías controladas por semental, como fue demostrado en otros estudios (Laloë y Phocas, 2003; Kuehn et al., 2007 y Tarrés et al., 2010). Considerando al promedio obtenido de los CD, la fiabilidad mínima en el número de crías controladas de los carneros de la raza Merino es de 31 a 60 crías para características con baja y moderada heredabilidad, en tanto que para el principal criterio de selección utilizado en la evaluación genética de rutina dentro del Programa de Mejora Genética en la raza Merino (pesada a 75 días de edad,  $h^2=0,356$ ) fue considerablemente menor cuando los sementales presentaron menos de 30 descendientes (con un CD promedio de 0,42), y cuando tenían un número superior de crías controladas alcanzó hasta un CD de 0,92 para sementales con más de 150 crías controladas, dado que actualmente el promedio de hembras que se ponen con un semental es de alrededor de 40, con fertilidad del 80% y prolificidad de 1,20, se tiene

un promedio de 38 corderos controlados por semental por empadre; es por ello que según nuestros resultados sería suficiente para tener una buena conexión para el carácter peso a los 45 y el peso a los 75 días de edad, estando en función de la  $h^2$  observada en este estudio.

Asimismo, se observó que para el principal criterio de selección de la raza (peso a los 75 días) presentó un CD promedio más que aceptable en sementales (0,62), lo cual apoya la validez al sistema de conexión indirecta que sigue esta raza. Estos valores fueron muy semejantes a los encontrados en un estudio de bovinos de carne en Francia (Fouilloux y Laloë, 2001).

En la raza Merino el promedio de rebaños conectados fue lo suficientemente alto para conseguir valores de CD con un modelo animal con un rango de heredabilidad que iba de baja a alta, semejantes a los encontrados en bovinos de carne de raza *Bruna dels Pirineus* en España (Tarrés et al., 2010). Asimismo, un estudio de la conexión entre rebaños en bovinos Charolais con reproducción a través del uso de la I.A, en Francia estimó valores promedio del CD de 0,67 (valores mínimos de 0,48 a máximos de 0,96, con  $h^2$  de mediana magnitud= 0,25). Estos valores de CDE fueron también semejantes a los encontrados en nuestro estudio, con la diferencia que la raza Merino basa su reproducción en el empadre natural.

Para el principal criterio de selección de la raza Merino, se observó que el promedio de la media de los contrastes de los CD fue de 0,71, encontrándose el 100% de los rebaños conectados (por arriba del umbral, 0,40). Debido a estos resultados, las estimaciones del CACO fueron relevantes como medida de conexión entre los rebaños, como así lo han expuesto Pégolo et al. (2011). Siguiendo esta metodología adaptada a un modelo animal por Tarrés et al., (2010) se evaluó el grado de conexión del NCC de la raza Merino. En primer lugar se observó que se formaron diferentes grupos de conexión en función de los diferentes niveles de heredabilidad considerados. Cuando la heredabilidad fue baja, se encontraron 2 grupos de rebaños conectados con 5 rebaños desconectados; en el escenario de heredabilidad

moderada, se formó un solo grupo de conexión con sólo 2 rebaños desconectados, y finalmente, cuando la heredabilidad fue alta, todos los rebaños estaban perfectamente conectados. Un estudio con ovinos de las razas Targhee y Suffolk, analizaron la característica del peso al destete a los 60 días de edad ( $h^2 = 0,25$ ), obteniendo un agrupamiento jerárquico en el que todos los rebaños Targhee se encontraron conectados. Mientras que en los rebaños Suffolk, se integraron dos diferentes grupos en el que las conexiones fueron altas dentro de cada grupo, pero entre ambos grupos era cercano a cero, concluyendo que el riesgo de sesgo fue minimizado cuando compararon las EVG entre los rebaños Targhee; sin embargo, se debía tener cierta precaución cuando se comparasen los VG entre los rebaños Suffolk entre los dos grupos conformados (Kuehn et al., 2009). Esto debe ser considerado en el Programa de Selección de la raza Merino en España si se estiman los VG para características diferentes al criterio principal de selección, en particular si la heredabilidad es baja (como podría ser el caso de las prolificidad o la supervivencia al destete, con  $h^2$  menores a 0,10).

No obstante, el sistema de conexión de esta raza basado en el centro de conexión, exige la reevaluación periódica de machos después de haberse sometido a prueba de descendencia en su propia explotación, lo cual conlleva coste económico y en tiempo, así como un cierto retraso en el progreso genético de la raza.

Para ver la posibilidad de mejorar el nivel de conexión entre los grupos de manejo (grupos de contemporáneos), se ensayó una estrategia de agrupamiento de los rebaños según sus niveles ambientales (climáticos, manejo, alimentación y productivos), siguiendo el modelo de “clusters” de rebaños en función de determinados descriptores ambientales puesto a punto en vacuno de leche (Zwald et al., 2001 y Fikse et al., 2003) con la finalidad de reducir la varianza residual e incrementar las estimaciones de la varianza genética y la heredabilidad de la producción de leche en el ganado lechero. Un nivel ambiental puede mostrar de forma más completa la similitud en el manejo, alimentación y la atención que recibieron todos los animales del rebaño,

incluyendo algunas condiciones climatológicas, permitiendo una mejor caracterización de las diferencias entre rebaños con respecto a la forma de manejo los animales (alimentación, salud, condiciones sanitarias, etc.), como ha sido recomendado por Ibañez et al. (1996), Boyazoglu y Nardone (2003), y Naser et al. (2008).

Los efectos de los indicadores ambientales, adicionales o complementariamente al efecto del rebaño, como la media, varianza y la desviación estándar de características productivas han sido también evaluados como descriptores ambientales (Vasconcelos et al., 2006). Otros indicadores que también se han estudiado en vacunos de leche son tamaño del hato, desviación estándar dentro de rebaño, proporción grasa-proteína, duración de la lactancia, intervalo entre partos y edad al primer parto, evaluando su efectividad como descriptores ambientales y determinando ser significativamente relevantes en el agrupamiento de rebaños (niveles ambientales) e incluirse en los modelos dentro de las evaluaciones genéticas (Zwald et al., 2003a; Fikse et al., 2003; Naser et al., 2008).

En este estudio a partir del análisis discriminante, fueron seleccionados 20 descriptores ambientales (4 variables climatológicas, 10 de manejo y 6 productivas). Estos 20 descriptores ambientales fueron considerados para el análisis factorial, resultando en 7 vectores que explicaron el 78,3% de la varianza total de las condiciones ambientales entre los rebaños de la raza Merino.

Las variables que contribuyeron en mayor proporción a este porcentaje fueron las variables de manejo, que son una buena alternativa y útiles para la definición de los ambientes de producción para definir grupos de rebaños ("clusters") en función de su grado de semejanza en las condiciones productivas y medio ambientales, como ha sido descrito en ganado lechero por Weigel y Rekaya (2000) y Zwald et al. (2003b). En este mismo sentido Naser et al. (2008), en vacunos de carne, describen que el uso de grupos de rebaños permitió realizar valoraciones genéticas con un mayor grado de fiabilidad.

En otros estudios, Windig et al. (2005) y Vasconcelos et al. (2006) encontraron en vacunos de leche que las variables con mayor contribución a la varianza total fueron aquellas de tipo productivo, en tanto que en nuestro estudio los descriptores de tipo productivos no dejaron de ser importantes, pero fue el grupo de variables que contribuyeron en menor medida a la varianza total (9,7%).

Los descriptores climatológicos (altitud, THI, precipitación, y velocidad del viento) representaron el 14,4% de la varianza total. Nesar et al. (2008) encontraron en vacunos de carne en Sudáfrica que tan solo la precipitación representó el 10% de la varianza total, pero Zwald et al. (2003a) concluyen que con solo la precipitación no podría ser una variable útil para la definición de los ambientes de producción.

Con la información integral de los 20 descriptores ambientales, el procedimiento “cluster” construyó un dendograma, diferenciando 4 grupos con niveles ambientales estadísticamente diferentes, aún en rebaños siendo de la misma región y provincia. Es de mencionar que en otro estudio con bovinos de leche, encontraron que los ambientes en Nueva Zelanda no fueron lo suficientemente diferentes para justificar por separado esquemas de mejora genética para diferentes ambientes (Bryant et al., 2005).

Empleando la metodología CACO se encontró un incremento de los valores obtenidos de los coeficientes de determinación (CD) cuando fue considerado el efecto cluster (niveles ambientales) con respecto al efecto rebaño dentro del modelo animal (incrementos entre 9,1% a 24,9%, 5,5% a 14,2% y 4,1% al 11,9%, para heredabilidades baja, media y alta respectivamente). Para el principal criterio de selección en el esquema de la raza Merino (peso ajustado a los 75 días de edad), se observó un incremento en los valores del CD entre 2,3% a 14,9%. Según Windig et al. (2005), los mayores promedios de los CD de las estimaciones de los VG obtenidos con el modelo “clúster” son la consecuencia de tener un mayor número de familias en cada grupo suficientemente bien conectado con los de otros grupos y, por lo tanto de una mejor estimación de los componentes ambientales (en comparación con el

componente genético) de las diferencias entre la media de los “clusters”. Esto determina una mejora en la fiabilidad de las evaluaciones genéticas como ha sido demostrado por van Bebber et al. (1997) y Weigel y Rekaya (2000).

No existe publicación de resultados sobre el uso de descriptores ambientales para formar “cluster” de rebaños con la finalidad de definir GC en ovinos.

En la comparación de la estimación de los valores de los componentes de la varianza entre ambos GC (niveles ambientales (NA) vs rebaños (RE)) con metodología REML, se encontraron incrementos del 11,9% y 8,4% en los componentes genéticos aditivo directo y materno para el P45 respectivamente, cuando estos fueron estimados con el modelo NA. La varianza residual de este modelo fue inferior y por lo tanto, la heredabilidad directa y materna fueron mayores. También se obtuvieron estimaciones superiores con los modelos con NA para los efectos permanentes directos y maternos, así como de la covarianza directa materna. Estos incrementos de los valores estimados para todos los componentes fueron aún mayores con el modelo NA vs modelo RE para el P75, en el caso de la varianza aditiva directa incrementó 45,1% y la varianza residual disminuyó 9.1%, resultando un incremento de la heredabilidad directa.

Las estimaciones de los parámetros genéticos aquí obtenidos, están dentro de la gama de valores publicados para la especie (Safari et al., 2005). Molina et al. (2007) encontraron en la misma raza estimaciones similares de las varianzas aditiva directa y materna y la covarianza, a los encontrados en este trabajo.

Para la fiabilidad de los efectos genéticos directos estimados de P45 y P75 se observó un incremento del 32,0 al 34,7%, respectivamente cuando el NA fue utilizado como GC, en tanto que la fiabilidad del efecto materno también incrementó un 14,7% para el P45. Con respecto a la heredabilidad directa, Menéndez-Buxadera et al. (2003) aplicando un modelo animal con metodología REML usando el efecto rebaño como GC, reportando valores mayores para la heredabilidad directa y materna para el peso

de los corderos en esta raza a 30 y 60 días de edad y un menor valor de la heredabilidad directa para el P75 al encontrado en este estudio.

Los incrementos de la heredabilidad y la fiabilidad de las EVG se estima que generen un incremento en la respuesta prevista a la selección del 32,7% para el P45 y 39,9% para el P75 cuando se seleccionaron por los valores genéticos directos, independientemente de la intensidad de selección aplicada. En este mismo sentido, en el caso de los efectos maternos nuestros resultados estiman un incremento en la respuesta del 11,5% para el P45.

La comparación entre los GC considerados en los modelos de RR, indicaron importantes incrementos de la varianza genética aditiva directa y la heredabilidad, con valores de 24,2 y 12,7%, y de 23,7 y 10,7%, para las características de los pesos a 45 y 75 días de edad respectivamente, cuando fue considerado en el modelo NATD (rebaños) vs RETD (niveles ambientales). Asimismo, la fiabilidad de las estimas de los efectos genéticos directos para el P45 y P75, incrementaron con el modelo que incluyó a los NATD como GC (10,8 y 3,5%, respectivamente). Al comparar las estimaciones de las correlaciones obtenidas de los modelos con RETD y NATD, se observó que las estimaciones obtenidas con el modelo RETD fueron mayores para las correlaciones de la edad de 1 año con todas las demás edades. A partir de los 15 días de edad, las correlaciones obtenidas con este modelo comenzaron a ser más pequeñas que las obtenidas con el modelo de NATD. Esto indica que el principal criterio de selección de la raza (P75), utilizando NATD como GC en el modelo de RR para las evaluaciones genéticas, generaría una mejor respuesta indirecta en todos los pesos anteriores.

De acuerdo a los resultados encontrados en este estudio, se observó que el uso de los “clusters” como GC para las valoraciones genéticas empleando metodología REM presenta una importante ventaja, debido a que la fiabilidad de los efectos genéticos directos estimados para P45 y P75 mostró unos incrementos del 32,0% y el 34,7%, respectivamente; mientras que al utilizarse RRM se observaron incrementos menores del 10,8 y el 3,5%, respectivamente.



## **CAPÍTULO 5. CONCLUSIONES GENERALES DE LA TESIS**

1. El sistema de verificación del grado de conexión entre rebaños usado generalmente de forma rutinaria basado en la número de crías que determinados semental poseen, así como aquellos como el del grado de similitud genética consideramos que son una simplificación que no pueden asegurar que una unidad esté realmente desconectada.
2. El método CACO (*Criterion of Admission to the Group of Connected Herds*), permite cuantificar el grado de conexión entre rebaños sin asumir que es generado por un parentesco vía padre o abuelo, incluyendo por lo tanto también el generado vía hembras. Además puede ser considerado un método "a posteriori" al cuantificar las consecuencias del mayor o menor grado de conexión sobre la fiabilidad de los valores genéticos.
3. Es por lo tanto el método que recomendamos como método de cuantificación del grado de conexión para esquemas con cualquier tipo de estructura poblacional o limitaciones en el grado de conexión, así como para caracteres de cualquier nivel de heredabilidad.
4. Aunque puede ser considerado el de elección por su sencillez en la mayoría de los casos, el uso de machos de referencia e inseminación artificial no es el único sistema que permite una conexión efectiva entre rebaños. El método utilizado en el Núcleo Control Cárnico de la raza Merino ha mostrado, siguiendo la metodología CACO, un nivel de conexión más que adecuado tanto para caracteres de baja como de media y alta heredabilidad.
5. La utilización de un procedimiento de agrupamiento de las unidades productivas del Núcleo Control Cárnico en función del grado de homogeneidad en relación a diversos descriptores ambientales (climatológicas, de manejo y productivas) a los que están sometidos los animales, ha contribuido al incremento del grado de conexión entre grupos de contemporáneos.
6. Este incremento en el grado de conexión (y del incremento concomitante de la precisión de las valoraciones genéticas) será más patente en aquellos caracteres de baja heredabilidad.
7. Así al ser incluidos estos grupos de homogeneidad en la definición de los grupos de contemporáneos de los modelos de estimación de parámetros y valoración genética aumentaron las estimaciones de heredabilidad y la

fiabilidad de los valores genéticos de los principales criterios de selección de la raza Merino Español (pesos de los corderos al destete y sacrificio).

8. Este incremento fue mucho más patente en el caso de la metodología REML univariada que cuando se utilizó la regresión aleatoria, si bien esta última metodología manifestó un poder predictivo sensiblemente superior al BLUP.
9. El incremento de la heredabilidad y la fiabilidad de los valores genéticos estimados permite esperar un incremento de la respuesta a la selección prevista para los pesos a 45 y 75 días de edad en corderos Merino cuando se selecciona por los valores genéticos directos, independientemente de la intensidad de selección aplicada. Así mismo se espera un incremento de la respuesta a la selección en base al componente materno para el peso al destete.
10. Las metodologías planteadas en este estudio consideramos que pueden contribuir a mejorar la eficiencia del Programa de Selección de la raza Merino Español, y podría ser aplicado para otras razas criadas bajo condiciones ambientales y de manejo que hagan difícil tener suficientes conexiones genéticas entre rebaños.



## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Albuquerque, L.G., Meyer, K., 2001. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. *J. Anim. Sci.* 79, 2776– 2789.
- Banks, R.G., Brown, D.L., 2009. Genetic Improvement in the australasian Merino management of a diverse gene pool for changing markets. *Animal Genetic Resource Information.* 45, 29-36.
- Boyazoglu, J., Nardone, A., 2003. The relationship between environment and animal production. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 11, 57-64.
- Bryant, J.R., Lopez-Villalobos, N., Pryce, J.E., Holmes, C.W., 2005. Genetic evaluation of multi-breed dairy sires in five environmental clusters within New Zealand. 56th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. Uppsala, Sweden, 321.
- Carvalho, J., 2000. Predição de parâmetros genéticos para a produção diária de leite em gado Holstein, Pardo Suíço e Modicana no sudeste Siciliano. X Congresso de Zootecnia. Vale de Santarém (Portugal), 2-4 November (2000). Copyright CITA-A, Santarém, Portugal.
- Dickerson, G.E., 1978. Animal size and efficiency: basic concepts. *Anim. Prod.* 27:3, 367- 379.
- Falconer, D.S., Trudy, F.C.M., 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. Burnt Mill, England.
- Fikse, W.F., Rekaya, R., Weigel, K.A., 2003. Assessment of environmental descriptors for studying genotype by environment interaction. *Livest Prod. Sci.* 82, 223-231.
- 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.
- Fischer, T.M., Van der Werf, J.H.J., Banks, R.G., Ball, A.J., 2004. Description of lamb growth using random regression on field data, *Livest. Prod. Sci.* 89, 175–185.
- Fouilloux, M.N., Laloë D., 2002. Evolution de la methode d'appréciation de la connexion entre troupeaux. Synthèse pratique de la note IBOVAL n° 28. version 2 du 22 mai.

- 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.
- Foulley, J.L., Hanocq E., Boichard, D., 1992. A criterion for measuring the degree of connectedness in linear models of genetic evaluation, *Genet. Sel. Evol.* 24, 315-330.
- Foulley, J. L., Robert-Granié, C., 2002. Basic tools for the statistical analysis of longitudinal data via mixed model. Course Notes. Montpellier (France), August 19-23 (2002).
- Gilmour, A.R., Cullis, B.R., Welham, S.J., Thompson, R., 2000. ASREML Reference Manual. NSW Agric. Biom. Bull. NSW Agriculture, Locked Bag, Orange, NSW 2800, Australia.
- Groeneveld, E., Kovac, M., Mielenz, N., 2008. VCE User's Guide and Reference Manual Version 6.0. Inst. Farm Animal Gen., Neustadt, Germany.
- Henderson, C.N., 1973. Sire evaluation and genetic trends. In Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium in Honour of Dr. Jay L. Lush 10-41. Amer. Soc. Animal Sci. -Amer. Dairy Sci. Assn. -Poultry Sci. Assn., Champaign, Ill.
- Ibañez, M.A., Carabafio, M.J., Foulley, J.L., Alenda, R., 1996. Heterogeneity of herd-period phenotypic variances in the Spanish Holstein-Friesian cattle: Sources of heterogeneity and genetic evaluation. *Livest. Prod. Sci.* 78, 195–214.
- Jamrozik, J., Schaeffer, L.R., 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for production of first lactation. *J. Dairy Sci.* 80, 762–770.
- Jiménez, H.M.A., 2002. Determinación de la estrategia de valoración más adecuada para la optimización del esquema de selección de la raza ovina Ile de France. Tesis Doctoral. Universidad Politécnica de Madrid.
- Kennedy, B.W., Trus, D., 1993. Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. *J Anim Sci.* 71, 2341-2352.
- Kuehn, L.A., Lewis, R.M., Notter, D., 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.
- Kuehn, L.A., Lewis, R.M., Notter, D.R., 2009. Connectedness in Targhee and Suffolk flocks participating in the United States National Sheep Improvement Program. *J. Anim. Sci.* 87, 507–515.
- Laloë, D., 1993. Precision and information in linear-models of genetic evaluation. *Genet. Sel. Evol.* 25, 557–576.
- Laloë D., Phocas, F., Ménéssier, F., 1996. Considerations on measures of precision and connectedness in mixed linear models of genetic evaluation. *Genet. Sel. Evol.* 28, 359–378.
- Laloë, D., Phocas, F., 2003. A proposal of criteria of robustness analysis in genetic evaluation. *Livest. Prod. Sci.* 80, 241–256.
- Lewis, R.M., Brotherstone, S., 2002. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques, *Anim. Sci.*, 74, 63-70.
- Lewis, R.M., Crump, R.E., Simm, G., Thompson, R., 1999. Assessing connectedness in across-flock genetic evaluations. *Proc. Brit. Soc. Anim. Sci.* 121.
- Mader, T.L., Holt, S.M., Hahn, G.L., Davis, M.S., Spiers, D.E., 2002. Feeding strategies for managing heat load in feedlot cattle, *J. Anim. Sci.* 80, 2373-2382.
- Magrama, 2011. Programa de Mejora de la raza ovina Merina, Grupo MERAGEM. Ministerio de Agricultura, Alimentación y Medio Ambiente. <https://aplicaciones.magrama.es/arca-webapp/descarga/fichero.html?nombre=0Programa%20Mejora%20Raza%20Merina.%20Definitivo..pdf&contentType=application/pdf>.
- Manso, T., Mantecón, R., Castro, T., Iason, G.R., 1998. Effect of intake level during milk-feeding period and protein content in the post-weaning diet on performance and body composition in growing lambs. *Anim. Sci.*, 67, 513-521.
- Menéndez-Buxadera, A., Serradilla, J.M., Valera, M., Molina, A., 2003. Estimación de Parámetros Genéticos del peso vivo en los primeros 75 días de edad en ovino Merino Español. X Jornadas sobre Producción Animal. Zaragoza (Spain), 27 July-1 August (2003). Copyright AIDA, Zaragoza, España.

- Meyer, K., 2003. Random regression models for analyses of longitudinal data in animal breeding. In: Proceedings 54<sup>th</sup> Session of the International Statistical Institute, 54., Berlin. Proceedings. ISI 2003b. CD-ROM.
- Meyer, K., 2005. Estimates of genetic covariance functions for growth of Angus cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v.122, 73 – 85.
- Ministerio de Agricultura, Alimentación y Medio Ambiente (MAGRAMA), 2013. <http://eportal.magrama.gob.es/websiar/SeleccionParametrosMap.aspx?dst=1>. Consultation: October 18, 2013.
- Molina A., Menéndez-Buxadera, A., Valera M., Serradilla, J.M., 2007. Regression model of growth during the first three months of age in Spanish Merino sheep. *J. Anim. Sci.* 85 – 11, 2830-2839.
- Molina, A., Serradilla, J.M., Barajas, F., Valera, M., Medina, C., 2008. Desarrollo de la metodología de regresión aleatoria en la raza Merina: II. Estimación de la función de parámetros genéticos. FEAGAS, 2008: 87-91.
- Nakaoka, H., Gaillard, C. Fujinaka, K., Watanabe, N., Ito, M., Kawada, K., Ibi, T., Sasae, Y., Sasaki, Y., 2009. The use of link provider data to improve national genetic evaluation across weakly connected subpopulations, *J. Anim. Sci.* 87, 62-71.
- Neser, F.W.C., Erasmus, G.J., Scholtz, M.M., 2008. The use of a cluster analysis in across herd genetic evaluation for beef cattle. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 38 (1), 51-57.
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), 2010a. Situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura. Comisión de Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura. Roma, Italia. <http://www.fao.org/docrep/012/a1250s/a1250s00.htm>. Consultation: October 26, 2014.
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), 2010b. Estrategias de mejora genética para la gestión sostenible de los recursos zoogenéticos. Comisión de Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura. Roma, Italia. <http://www.fao.org/docrep/012/i1103s/i1103s.pdf>. Consultation: October 26, 2014.
- Osorio-Avalos, J., Menéndez-Buxadera, A., Serradilla, J.M., Molina, A., 2015. Use of descriptors to define clusters of herds under similar environmental conditions to improve the level of connection among contemporary groups of mutton type merino sheep under an extensive production system. *Lives. Sci.*, 176, 54-60.

- Osorio-Avalos, J., Serradilla, J.M., Molina, A., 2013. Genetic connections among herds in a selection nucleus of mutton type Merino sheep in Spain: A case of indirect connections through a connector herd in an extensive production system. *Small Rum. Res.*, 114, 56-63.
- Pegolo, N.T., Laloë, D., de Oliveira, H.N., Lobo, R.B., Fouilloux, M.N., 2011. Trends of the genetic connectedness measures among Nelore beef cattle herds *J. Anim. Breed. Genet.* ISSN 0931-2668.
- Rekaya, R., Weigel, K.A., Gianola, D., 2003. Bayesian estimation of parameters of a structural model for genetic covariances between milk yield in five regions of the United States. *J. Dairy Sci.* 86, 1837-1844.
- Safari, E., Fogarty, N.M., Gilmour, A.R., 2005. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livest. prod. syst.* 92, 271–289.
- Salaris, S., Casu, S., Usai, M.G., Fresi, P., Carta, A., 2010. Evaluating the connectedness of a dairy sheep selected population with low rates of artificial insemination and controlled natural mating. 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany, pp 132.
- SAS Institute Inc., 2007. SAS 9.2 Help and Documentation, Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Schenkel, F.S., Miller, S.P., Jamrozik, J., Wilto, J.W., 2002. Two-step and random regression analyses of weight gain of station-tested beef bulls. *J. Anim. Sci.*, 80, 1497-1507.
- Serradilla, J.M., 2008. Objetivos, organización y factores limitantes de los programas de selección de las razas autóctonas en España, ITEA-Información Técnica Económica Agraria. Vol. 104 (2), 186-242.
- Serradilla, J.M., (ed.), 2014. Situación actual de los programas de mejora genética en España. 17 Reunión Nacional de Mejora Genética Animal, Bellaterra, Barcelona (Spain), 5-6 June, 2014. Copyright AIDA, Bellaterra, Spain.
- Sierra, A., Delgado, J., Molina, A., Rodero, A., Barajas, F., 1998. Genetic parameters of weight and growth traits in the Spanish Merino Sheep. 5th World Merino Conference, 29th-31st March 1998, Christchurch, New Zealand.
- StatSoft, Inc., 2008. Statistica (data analysis software system), versión 8.0. [www.statsoft.com](http://www.statsoft.com).

- Tarrés, J., Fina, M., Piedrafita, J., 2009. Medida de la conexión entre explotaciones de bovinos de carne de la raza Bruna dels Pirineus. XIII Jornadas de Producción Animal, Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario (AIDA). 12-13 Mayo, Zaragoza, España.
- Tarrés, J., Fina, M., Piedrafita, J., 2010. Connectedness among herds of beef cattle bred under natural service. *Genet. Sel. Evol.* 42, 1-9.
- Thorén, E.H., Jorjani, H., Philipsson, J., 2008. Connectedness among five European sport horse populations. *Livest. Prod. Sci.* 80, 241–256.
- van Bebber, J., Reinsch, N., Junge, W., Kalm, E., 1997. Accounting for herd, year and season effects in genetic evaluations of dairy cattle: a review. *Liv. Prod. Sci.* 5:1, 19 I-203.
- Vasconcelos, J., Santos, F., Barroso, R., Martins, A., Ferreira, A., Carvalheira, J., 2006. Effects of clustering dairy herds for Genetics evaluations using different descriptors to define similarities between production environments. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brasil.
- Weigel, K.A., Rekaya, R., 2000. A Multiple-Trait Herd Cluster Model for International Dairy Sire Evaluation. *J. Dairy Sci.* 88, 815-821.
- Windig, J.J., Calus, P.L., Veerkamp, R.F., 2005. Influence of Herd Environment on Health and Fertility and Their Relationship with Milk Production. *J. Dairy Sci.* 88, 335-347.
- Zwald, N.R., Weigel, K.A., Fikse, W.F., Rekaya, R., 2003a. Identification of factors that cause genotype by environment interaction between herds of Holstein cattle in seventeen countries. *J. Dairy Sci.* 86, 1009-1018.
- Zwald, N.R., Weigel, K.A., Fikse, W.F., Rekaya, R., 2003b. Application of a multiple-trait herd cluster model for genetic evaluation of dairy sires from seventeen countries. *J. Dairy Sci.* 86, 376-382.
- Zwald, N.R., Weigel, K.A., Fikse, W.F., Rekaya, R., 2001. Characterization of dairy production systems in countries that participate in the international bull evaluation service. *J. Dairy Sci.* 84, 2530-2534.

## **PUBLICACIONES A QUE HA DADO LUGAR ESTA TESIS**

### ***PUBLICACIONES EN REVISTAS IMPACTADAS***

1. Osorio-Avalos, J., Serradilla, J.M., Molina, A., 2013. Genetic connections among herds in a selection nucleus of mutton type Merino sheep in Spain: A case of indirect connections through a connector herd in an extensive production system. *Small Rum. Res.*, 114, 56-63.

2. Osorio-Avalos, J., Menéndez-Buxadera, A., Serradilla, J.M., Molina, A., 2015. Use of descriptors to define clusters of herds under similar environmental conditions to improve the level of connection among contemporary groups of mutton type merino sheep under an extensive production system. *Lives. Sci.*, 176, 54-60.

3. Osorio-Avalos, J., Menéndez-Buxadera, A., Serradilla, J.M., Molina, A. Comparisson of genetic parameters of weight traits using reml and random regression methodology with two contemporary criteria in spanish merino lambs. Sometido al *Journal of Animal Breeding and Genetics*

### ***PUBLICACIÓN EN OTRO TIPO DE DOCUMENTOS***

4. Osorio J., Serradilla J.M., Barajas F., Medina C. Calero R., Molina A. Evaluación del sistema de conexión apoyada en estación del núcleo control cárnico de la raza Merino Español. Libro de Actas de la XVI Reunión de Mejora Genética Animal. 31 de mayo al 2 de junio de 2012. Ciutadella, Menorca, España.