

INDICE DE SELECCION DE CARACTERES REPRODUCTIVOS CON INFORMACION VARIABLE

M. Baselga, A. Blasco, J. Estany

Cátedra de Fisiogenética Animal. E.T.S.I.A. Universidad Politécnica de Valencia - España.

Introducción

Un objetivo importante de los programas de selección en el conejo de carne es la mejora de los caracteres reproductivos. Un esquema de producción muy aceptado hoy en día consiste en utilizar como hembras de producción, hembras cruzadas obtenidas al aparear hembras de una línea A con machos de otra línea B. Ambas líneas A y B se seleccionan intralínea para aumentar sus características reproductivas (MATHERON, 1982; OROZCO, 1974).

Los caracteres reproductivos suelen tener heredabilidades bajas (BASELGA et al, 1982) lo que plantea problemas para estimar con precisión el valor aditivo de los reproductores potenciales respecto a dichos caracteres. Dicha cuestión ha sido abordada por, POUJARDIEU y ROUVIER (1972) y por MATHERON y ROUVIER (1977) que proponen indexar a las hembras reproductoras de cada línea por los datos de tres camadas propias y del mismo número de camadas de hermanas completas y medio hermanas, así como con los datos de las camadas de la madre. La solución de los autores anteriores exige como constante para todas las hembras a indexar el número de camadas propias y de sus colaterales, el número de hermanas completas y el de medio hermanas, e igualmente, el número de camadas de las madres.

Sin embargo, aunque en la mayoría de los programas de selección se intenta mantener el equilibrio en las diversas fuentes de información para cada hembra, lo normal es que ello no sea posible y dentro del lapso de tiempo destinado a obtener información para indexar a las reproductoras es de esperar que según la hembra a indexar varíe el número de camadas propias, las de su madre, el número de hermanas completas y de medias hermanas, así como el número de camadas de cada una de éstas.

Por ello resultaría conveniente disponer de un método de selección flexible que fuera capaz de optimizar la información variable para cada individuo a efectos de estimar su valor aditivo respecto al objetivo de selección.

En lo que sigue vamos a desarrollar el cálculo de tal método, considerando que el carácter que se controla en las hembras reproductoras es único -número de nacidos totales, número de nacidos vivos o número de gazapos destetados, u otro distinto- y que de dicho carácter es del que deseamos estimar el valor aditivo para cada reproductor potencial.

Las fuentes de información se van a diferenciar en cuatro grupos:

- datos de un número variable de camadas del individuo a indexar
- datos de un número variable de hermanas completas del individuo que han realizado cada una de ellas un número de camadas propio.
- igual que en el apartado anterior, pero para medias hermanas paternas y maternas.
- datos de un número variable de camadas de la madre.

Nomenclatura

Por comodidad en la presentación de la nomenclatura supondremos por el carácter que medimos y que queremos mejorar es el tamaño de la ca

mada al destete.

- $\bar{P}_I$ , valor medio del tamaño de la camada al destete para  $n_i$  camadas realizadas por la hembra que pretendemos indexar.
- $\bar{P}_{FS}$ , valor medio del carácter correspondiente a todas las camadas realizadas por  $n_{FS}$  hermanas completas. Denominaremos  $n_i$  al número de camadas realizadas por la hermana completa, y

$$N = \sum_{i=1}^{n_{FS}} n_i \quad \text{El valor } \bar{P}_I \text{ no está incluido en } \bar{P}_{FS}.$$

- $\bar{P}_{HS}$ , valor medio del carácter correspondiente a todas las camadas realizadas por  $n_{HS}$  medias hermanas. Estas medias hermanas las consideraremos distribuidas en  $m$  grupos de hermanas completas, cada uno con  $m_i$  hembras, disponiéndose de cada una de ellas de información de  $m_{ij}$  camadas.

Llamaremos  $\alpha$  a la fracción de camadas de medias hermanas de padre y  $\beta$  a la de medias hermanas de madre ( $\alpha + \beta = 1$ ). Adicionalmente consideraremos que  $m_s$  son medias hermanas de padre,  $m_d$  de madre, y

$$M = \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{m_i} m_{ij} \quad \text{El valor } \bar{P}_I \text{ no está incluido en } \bar{P}_{HS}.$$

- $\bar{P}_M$ , valor medio del carácter de la madre de la hembra I, basado en  $n_M$  camadas.

Recalamos que  $n_{FS}, N, n_i, n_{HS}, m, m_i, m_{ij}, \alpha, \beta, m_s, m_d$  y  $M$  no son constantes sino variables en función de la hembra a indexar.

- $P_{ij}$ , número de gazapos destetados en la camada  $j$ , de la hermana completa  $i$ -ma.
- $P_{ijk}$ , número de gazapos destetados en la camada  $k$ -ma, de una media hermana de la hembra que vamos a indexar que es la  $i$ -ma hembra perteneciente al grupo  $i$ -mo de hermanas completas.
- $\bar{P}$ , media del número de destetados por camada en la generación de hembras que estamos indexando.
- $\bar{P}'$ , igual significado que  $\bar{P}$ , pero referido a la generación de las madres.
- $\hat{A}_I$ , estima del valor aditivo ( $A_I$ ) de la hembra que servirá como índice de selección.
- $\sigma_A^2$ , varianza aditiva del número de destetados por camada
- $\sigma_P^2$ , varianza fenotípica del número de destetados por camada
- $t_{FS}$ , coeficiente de correlación fenotípica entre los tamaños de camada al destete de hermanas completas
- $t_{HSS}$ , igual significado que el anterior pero referido a medias hermanas de padre
- $t_{HSD}$ , igual que el anterior pero referido a medias hermanas de madre
- $r$ , repetibilidad del tamaño de camada al destete.
- $t_{hm}$ , coeficiente de correlación fenotípico entre madre e hija.

#### Calculo del índice

De acuerdo con lo anterior la estima,  $\hat{A}_I$ , del valor de mejora de una hembra pretendemos realizarla a través de la siguiente expresión:

$$\hat{A}_I = b_1(\bar{P}_I - \bar{P}) + b_2(\bar{P}_{FS} - \bar{P}) + b_3(\bar{P}_{HS} - \bar{P}) + b_4(\bar{P}_M - \bar{P}')$$

Los coeficientes de dicha expresión,  $\vec{b}$  como vector fila, los podemos calcular de acuerdo con la siguiente fórmula de la teoría de los índices de selección, que integra información de diversos parientes (TURNER y YOUNG, 1969)  $\vec{b} = \vec{C} [P]^{-1}$  siendo  $[P]$  la matriz de varianzas-covarianzas entre los predictores,  $\bar{P}_I, \bar{P}_{FS}, \bar{P}_{HS}$  y  $\bar{P}_M$  y  $\vec{C}$  el vector fila de covarianzas entre  $A_I$ , valor aditivo de la hembra y los predictores.

Nuestro problema radica en calcular  $G$  y  $[P]$ , y si representamos por  $g_i$  la componente  $i$ -ma de  $\vec{C}$  podemos escribir,

$$g_1 = \text{COV} (A_I, \bar{P}_I) = \sigma_A^2$$

siendo  $\sigma_A^2$  la varianza aditiva del tamaño de la camada en el momento del destete

$$g_2 = \text{COV} (A_I, \bar{P}_{FS}) = 0,5 \times \sigma_A^2$$

$$g_3 = \text{COV} (A_I, \bar{P}_{HS}) = 0,25 \sigma_A^2$$

$$g_4 = \text{COV} (A_I, \bar{P}_M) = 0,5 \sigma_A^2$$

es decir

$$\vec{G} = \sigma_A^2 \begin{bmatrix} 1 & 0,5 & 0,25 & 0,5 \end{bmatrix}$$

Para el cálculo de [P] llamamos  $P_{ij}$  al elemento de dicha matriz situado en la fila i y la columna j. Es evidente que [P] es una matriz simétrica por lo que únicamente será necesario calcular el triángulo superior de la matriz. Así.

$$P_{11} = \text{VAR} (\bar{P}_I) = \frac{1}{n_I} \cdot \sigma_p^2 (1 + (n_I - 1) r)$$

$$P_{22} = \text{VAR} (\bar{P}_{FS}) = \text{VAR} \left( \frac{\sum_{i=1}^{n_{FS}} \sum_{j=1}^{n_i} P_{ij}}{N} \right) = \frac{1}{N^2} (N \sigma_p^2 + \sum_{i=1}^{n_{FS}} n_i (n_i - 1) r \sigma_p^2 + \sum_{i \neq j}^{n_{FS}} n_i n_j t_{FS} \sigma_p^2) =$$

$$= \frac{\sigma_p^2}{N^2} (N + r \sum_{i=1}^{n_{FS}} n_i (n_i - 1) + t_{FS} \sum_{i \neq j}^{n_{FS}} n_i n_j)$$

$$P_{33} = \text{VAR} (\bar{P}_{HS}) = \text{VAR} \left( \frac{\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{m_i} \sum_{k=1}^{m_{ij}} P_{ijk}}{M} \right) =$$

$$= \frac{\sigma_p^2}{M^2} (M + r \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{m_i} m_{ij} (m_{ij} - 1) +$$

$$t_{FS} \sum_{i=1}^m \sum_{j \neq 1}^{m_i} m_{ij} m_{i1} + t_{HS} \sum_{i=1}^m \sum_{i \neq r}^{m_i} m_i \cdot m_r + t_{HS0} \sum_{i \neq r}^m \sum_{i \neq r} m_i \cdot m_r)$$

siendo,

$$m_i \cdot = \sum_{j=1}^{m_i} m_{ij}$$

$$P_{44} = \frac{\sigma_p^2}{n_M} (1 + (n_M - 1) r)$$

$$P_{12} = \text{COV} (\bar{P}_I, \bar{P}_{FS}) = t_{FI} \cdot \sigma_p^2$$

$$P_{13} = \text{COV} (\bar{P}_I, \bar{P}_{HS}) = (\alpha t_{HS_S} + \beta t_{HS_D}) \cdot \sigma_p^2$$

$$P_{14} = \text{COV} (\bar{P}_I, \bar{P}_M) = t_{MH} \cdot \sigma_p^2$$

$$P_{23} = \text{COV} (\bar{P}_{FS}, \bar{P}_{HS}) = P_{13}$$

$$P_{24} = \text{COV} (\bar{P}_{FS}, \bar{P}_M) = P_{14}$$

$$P_{34} = \text{COV} (\bar{P}_{HS}, \bar{P}_M) = \beta t_{MH} \cdot \sigma_p^2$$

Conocidos todos los elementos se puede estimar  $A_I$  y seguidamente realizar una selección truncada en base a los valores de mejora del conjunto de las hembras.

El haber intentado reunir en el índice toda la información del

carácter que fuese más relevante para valorar a una hembra nos exige, como contrapartida, el tener que calcular para cada hembra, separadamente, el vector  $\bar{b}$ . Esto exige invertir, por hembra, la matriz [P] de rango cuatro, lo que en principio es un inconveniente para aplicar el método, si bien las disponibilidades actuales de ordenadores lo hacen fácilmente superable. Concretamente en la cátedra de Fisiogenética Animal de la Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos tenemos programado el cálculo del anterior índice en lenguaje A.P.L. implementado sobre un ordenador de escritorio IBM 5110.

Eliminando  $P_1$ ,  $g_1$  y la primera fila y columna de [P] el método sirve para indexar machos. Próximamente publicaremos resultados de la aplicación del índice.

#### Bibliografía

- BASELGA, M.; BLASCO, A.; GARCIA, F. (1982). Parametros genéticos de caracteres económicos en poblaciones de conejos. En Actas del II Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Producción Ganadera. Madrid VI 471-480.
- MATHERON, G. (1982). Genetics and Selection of Litter Size in Rabbit. En Actas del II Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Producción Ganadera Madrid VI 481-498.
- MATHERON, G.; ROUVIER, R. (1977). Optimisation du Progrés Génétique sur la Prolificité chez le lapin. Ann. Génét. Sel. anim. 9 (3), 393-405
- OROZCO, F. (1974). Selection for Egg Production and Related Economic Traits. Actas del I Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Producción Ganadera. Madrid I 941-949.
- POUJARDIEU, B.; ROUVIER, R. (1972). Optimisation du plan d'accouplement dans la sélection combinée. Ann. Génét. Sele. anim 3, 509 - 519.
- TURNER, H.N.; YOUNG, S.S.Y (1969). Quantitative genetics in sheep breeding. Macmillan of Australia.

#### Resumen

Se desarrolla un método para estimar el valor aditivo de un carácter del que se disponen medidas repetidas en los individuos que pueden ser objeto de selección, de sus madres y de sus hermanas completas o medias hermanas. El interés del método radica en que se mantienen como variables el número de medidas repetidas de cada uno de los individuos que da información para el cálculo del índice, así como el número de dichos individuos.

El método tiene particular interés para indexar hembras de poblaciones que se quieren seleccionar por caracteres reproductivos en especies que paren camadas como el conejo. Se indica también como puede utilizarse el método para indexar machos.

#### Summary

A method for estimating the additive value of a trait disposing of repeated measurements of the individuals, that can be selected of their mothers and of their full- and half sisters is developed. The interest of the method lies in the fact that the number of repeated measurements on each individual furnishing information for the calculation of the index as well as the number of individuals are maintained like variables.

The method is specially interesting for indexing females in populations that are going to be selected for reproductive traits, above all in polytocous species such as the rabbit. The way of using this method for indexing males is also indicated.

