

Cría y Mejoramiento Genético Animal

(segunda parte)

Traducción al castellano, por Gabriela Marisa Iglesias y María Pía Beker

Libro original: "*Textbook Animal Breeding and Genetics*"

Kor Oldenbroek and Liesbeth van der Waaij, 2015. Textbook Animal Breeding and Genetics for BSc students. Centre for Genetic Resources. The Netherlands and Animal Breeding and Genomics Centre, 2015. Groen Kennisnet: <https://wiki.groenkennisnet.nl/display/TAB/>

Material de lectura para la cátedra de Genética de Poblaciones y Mejoramiento Animal

Veterinaria -UNRN



WAGENINGEN
UNIVERSITY & RESEARCH

ÍNDICE DE CAPÍTULOS (2° PARTE, CAPÍTULOS 8 A 14)

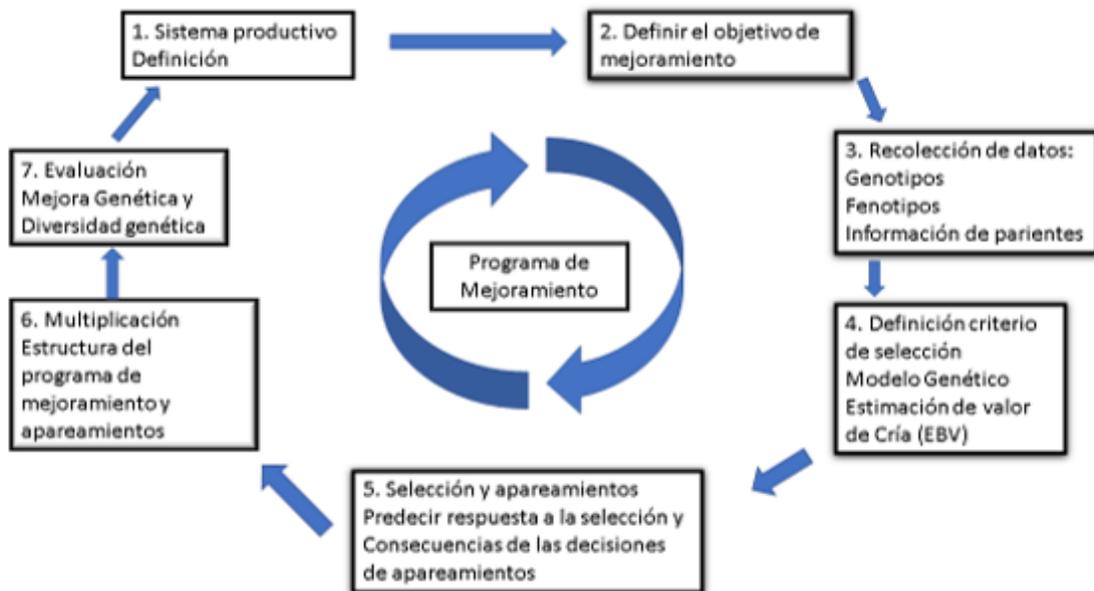
- **Capítulo 8:** Ranking de los animales
- **Capítulo 9:** La predicción de respuesta a la selección
- **Capítulo 10:** Selección y apareamiento
- **Capítulo 11.** Cruzamientos o exogamia
- **Capítulo 12:** La estructura de los programas de cría y mejoramiento genético
- **Capítulo 13:** Evaluación del programa de cría y mejoramiento genético
- **Capítulo 14:** Manteniendo la diversidad genética

Capítulo 8: Ranking de los animales

Tabla de contenidos

- 1 Capítulo 8.1: Clasificación de los animales: una visión general de los métodos
- 1.1 Capítulo 8.1.1: La selección en masa
- 1.2 Capítulo 8.1.2: Modelo Animal
- 1.3 Capítulo 8.1.3: La selección genómica
- 2 Capítulo 8.2: Con más detalle: estimación del valor de cría
- 2.1 Capítulo 8.2.1: Las estadísticas básicas
- 3 Capítulo 8.3: Optimización de la información fenotípica
- 4 Capítulo 8.4: La precisión del valor genético: el concepto básico
- 5 Capítulo 8.5: estimación del valor genético: La selección en masa
- 5.1 Capítulo 8.5.1: Caso especial: observaciones repetidas en un solo animal
- 6 Capítulo 8.6: estimación del valor genético: el modelo animal
- 7 Capítulo 8.7: estimación del valor genético: la situación básica
- 7.1 Capítulo 8.7.1: estimación del valor genético: el ejemplo conejo en la selección en masa
- 7.2 Capítulo 8.7.2: Cría de estimación de valor: un ejemplo ovejas con información de los padres
- 8 Capítulo 8.8: Otros tipos de fuentes de información
- 9 Capítulo 8.9: Ejemplos de la estimación de los valores genéticos
- 10 Capítulo 8.10: Mejor Predicción Lineal imparcial
- 11 Capítulo 8.11: La precisión de los valores genéticos estimados
- 11.1 Capítulo 8.11.1: Efecto de información adicional sobre la precisión
- 12 Capítulo 8.12: Resumen de la estimación del valor de cría
- 13 Capítulo 8.13: Efectos del número de descendientes en la precisión
- 14 Capítulo 8.14: Ir más alto para EBV o más alta precisión?
- 14.1 Capítulo 8.14.1: prevalezca EBV y la precisión en un ejemplo ganado lácteos
- 15 Capítulo 8.15: La selección genómica
- 15.1 Capítulo 8.15.1: Principio de la selección genómica
- 15.2 Capítulo 8.15.2: Composición de la población de referencia
- 15.3 Capítulo 8.15.3: La precisión de la selección genómica
- 15.4 Capítulo 8.15.4: El tamaño de la población de referencia
- 16 Capítulo 8.16: Las cuestiones clave en la clasificación de los animales

En el capítulo anterior hemos visto cómo podemos modelar el fenotipo en componentes genéticos y ambientales. Ese capítulo fue bastante teórico, pero necesitamos esa teoría para continuar con nuestro programa de mejoramiento. Hemos recogido una gran cantidad de información sobre el rendimiento de los animales, de su pedigrí y de sus familiares, y ahora queremos saber qué animales son los mejores para ser utilizados en el mejoramiento. En otras palabras: ¿cómo podemos clasificar los animales para ser capaces de seleccionar el/los mejor/es? ¿Cómo sabemos que tienen el mejor potencial genético y por lo tanto tienen el valor de cría más alto? (mejor valor genético)? Tenemos observaciones sobre los fenotipos de los animales, pero el fenotipo no sólo está determinado por el potencial genético, sino también que está influenciado por el ambiente. Con el fin de clasificar los animales en función de su valor genético, tenemos que encontrar una manera de cuantificar el valor de cría, dada la información que tenemos: fenotipos y pedigrí (es decir, las relaciones genéticas entre animales). En este capítulo vamos a presentar diferentes técnicas para hacer precisamente eso: ranquear los animales en función del valor de cría estimado. También vamos a discutir cuál es la técnica más adecuada en cada situación, ya que cada técnica tiene sus propias ventajas, pero también desventajas. Hay dos razones principales por las que 'el mejoramiento es azar': en primer lugar, es necesario estimar el valor de cría, pero esto puede implicar imprecisión en su estimación. En segundo lugar, incluso si se conoce el valor de cría de un animal con 100% de precisión, para que sepa su verdadero valor genético, no se puede predecir qué mitad del potencial genético se transmite a cada uno de la progenie. ***Este factor siempre seguirá siendo un factor de inseguridad en las decisiones de mejoramiento ya que hasta ahora no es posible conocer los genotipos exactos de un espermatozoide y un ovocito antes de la concepción.***



Si nos fijamos en el diagrama de nuevo con las etapas involucradas en el círculo del programa de mejoramiento, entonces estamos todavía en el número 4 etapas: determinación de los criterios de selección. Después de haber desarrollado el modelo genético en el capítulo anterior consideraremos ahora la estimación de los valores de cría de los animales.

1. Capítulo 8.1: Clasificación de los animales: una visión general de los métodos

El reto en la cría selectiva es encontrar los mejores animales como los padres de la siguiente generación. Es imposible saber el verdadero potencial genético de los animales, pero podemos hacer una estimación de la misma. Este potencial genético estimado es también llamado *Estimated Breeding Value* (EBV), o lo que es lo mismo, valor de cría estimado. Obviamente, la estimación será más precisa si hay más o mejores indicadores disponibles del potencial genético. El EBV se expresa en relación al animal, por lo tanto, expresa una estimación de cuánto mejor que el promedio de la población es un animal.

Definiciones

EBV (Estimated Breeding Value) provee una estimación del potencial genético de un animal. Se expresa en relación a la media poblacional.

1.1 Capítulo 8.1.1: La selección en masa

La forma más básica consiste en clasificar los animales según su fenotipo y seleccionar los mejores para el programa de mejoramiento. Este método también se conoce como “Selección en masa”, o *Mass Selection*, o selección en base a la propia performance. Por ejemplo, si interesa la cría de conejos grandes, entonces se clasifican y ordenan los animales en base al tamaño, y sólo se seleccionan como progenitores de la próxima generación a los más grandes. ¿Será exitosa esta estrategia? La respuesta a esto dependerá de una serie de cosas. ¿Quieres saber si estos animales más grandes de hecho eran los que tenían el mejor potencial genético? ¿Por qué los otros eran más pequeños? ¿Será que no fueron bien alimentados cuando eran pequeños? ¿O tienen los genes equivocados? La respuesta a todas estas cuestiones recae sobre la *heredabilidad*. Después de todo, es un indicador de la proporción de la variación fenotípica observada que es causada por variaciones genéticas entre animales. Una alta heredabilidad indica que un conejo pequeño es así lo más probable porque tiene un potencial genético para crecimiento menor que los conejos más grandes. Cuanto más informativo es el fenotipo sobre el genotipo del animal, más fácil es de identificar los mejores (genéticamente) animales, y, por lo tanto, mejor serán los resultados de la selección en masa. Además, un requisito importante es que las performances de los animales estén disponibles.

Definiciones

La selección en masa (Mass Selection) está basada en la clasificación de los animales y en la generación de un ranking de acuerdo a la propia performance. El éxito de este método depende de la heredabilidad del carácter a ser seleccionado.

1.2 Capítulo 8.1.2: Modelo Animal

Para caracteres de baja heredabilidad, la selección en masa no necesariamente se traduce en la selección de los animales genéticamente superiores. Además, si el fenotipo por alguna razón no está disponible para todos los animales, por ejemplo, producción de leche en los machos, la selección en masa no es suficiente, ya que no todos los animales cuentan con el registro del fenotipo. En esos casos, podemos utilizar los fenotipos de animales emparentados para estimar el valor genético del animal del cual no se posee registro o no se le puede medir. Esto es posible porque, como hemos visto en el capítulo sobre las relaciones genéticas, los animales emparentados comparten alelos. Y cuanto más emparentados, mayor es la proporción de alelos compartidos. Este modelo para la estimación de los valores genéticos, que hace uso de la información de animales emparentados se denomina **Modelo Animal**. Es esencial que su pedigrí sea preciso, de manera que todas las relaciones familiares se puedan establecer sin ningún tipo de error. Este método requiere de un número elevado de animales, para poder estimar con precisión los

valores de cría. Es necesario que los animales, o estén emparentados, o se mantengan bajo el mismo ambiente, de modo de poder descomponer los componentes genéticos y ambientales que afectan a un determinado fenotipo.

La estimación de los valores de cría mediante el Modelo Animal es muy útil en aquellos casos en los cuales no contamos con el registro fenotípico del animal, pero sí del de sus parientes, ya que con dicho modelo es posible estimar los valores de cría de animales sin fenotipo a partir del de los parientes. Incluso si el propio fenotipo está disponible, suma valor a la selección en masa, ya que se puede hacer uso de la información adicional sobre la performance de animales emparentados. Como resultado, el valor genético estimado es más preciso.

Definición

El Modelo Animal es un modelo genético estadístico que combina la información de fenotipos de animales emparentados para lograr un valor de cría más preciso.

Presenta importantes ventajas:

- *No necesariamente se necesita el registro fenotípico de cada animal para estimar su valor de cría*
- *Aun cuando se cuente con el registro del animal, la información extra obtenida de animales emparentados para aumentar la precisión del valor de cría.*

1.3 Capítulo 8.1.3: La selección genómica

Por último, si usted cuenta con los registros fenotípicos de un cierto número selecto de animales, y, además, cuenta con la información del genotipo de los mismos, por ejemplo, 60.000 marcadores SNP's, entonces se puede combinar esa información para estimar la relación entre el genoma y el fenotipo. La idea básica es que hay dos grupos de animales: un grupo selecto con fenotipos bien detallados, llamados *población de referencia*, y otro grupo grande sin registros fenotípicos, también llamado *la población*. Todos los animales de ambos grupos, la de referencia y la población, son genotipificados. En la población de referencia la asociación entre los marcadores moleculares y el fenotipo se puede estimar. Luego, esas asociaciones se combinan con los genotipos de los animales en la población para predecir su valor de cría. Este método se llama *Selección Genómica*.

La *Selección Genómica* es muy útil cuando es difícil o costoso medir los fenotipos. Por ejemplo, en ciertos rasgos relacionados con la salud en las que no desea enfermar al animal para poder medir el fenotipo (resistente o susceptible a la enfermedad). O también, para caracteres que requieran equipamiento costoso para medirlos, como una tomografía computarizada. La selección genómica también hace posible la selección de los animales sobre la base de un valor estimado de cría antes de que hayan alcanzado la edad para manifestar el fenotipo. Esto permite una (muy) selección temprana, lo que trae aparejados beneficios económicos, así como también como una ganancia genética más rápida, porque los futuros padres se pueden seleccionar a más temprana edad.

La desventaja de la Selección Genómica es que la población de referencia tiene que ser lo suficientemente grande como para que sea posible estimar con precisión la asociación entre genotipo y fenotipo. Además, requiere de actualizaciones (=nuevos animales necesitan ser añadidos) en forma regular debido a que las asociaciones estimadas entre los SNP's y los genes pueden perderse producto de recombinaciones y/o mutaciones.

Definición

La selección genómica implica hacer uso de la asociación estimada entre muchos SNP's y fenotipo para estimar el valor de la cría de los animales sin fenotipo, pero tipificados para los SNP's.

Esto es particularmente útil en el caso de:

1. Fenotipos que son muy difíciles o caros de medir
2. Cuando se quiere estimar el valor de cría de animales muy jóvenes, antes de que puedan producir un fenotipo.

2. Capítulo 8.2: Con más detalle: la estimación del valor de cría

De manera general, se han presentado varias formas de ordenar los animales, o establecer un ranking de los mismos. Es objetivo general de la cría y mejoramiento genético animal, estimar el valor de cría lo más preciso que sea posible. Una herramienta para la clasificación de los animales es el valor estimado de cría. Cuanto más precisa sea este valor, mejores van a ser los resultados esperados del mejoramiento.

A continuación, se van a ver tres métodos de estimación de los valores genéticos que se han descrito en la introducción en mayor detalle.

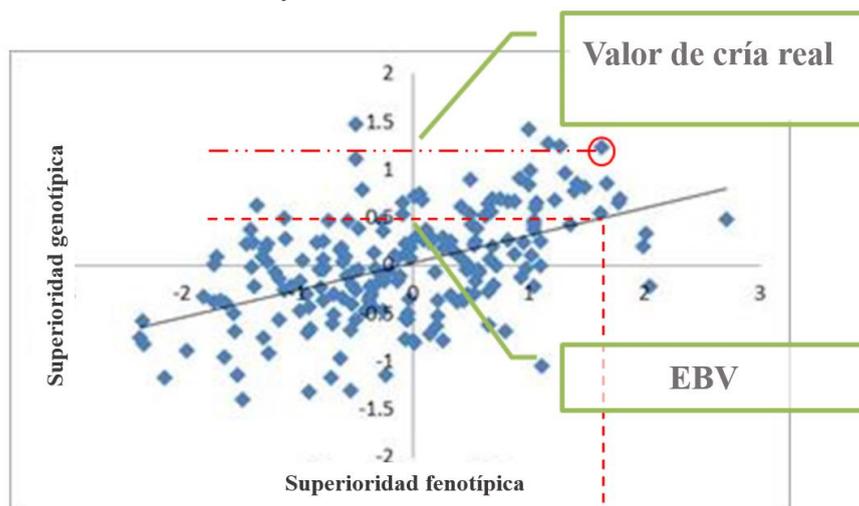


Figura 1: Relación entre la superioridad fenotípica y la superioridad genética de un grupo de animales. La línea de regresión indica la relación estimada entre los resultados de P y G, esto en el EBV (Valor de cría estimado, o *Estimated Breeding Value*). Para algunos animales este EBV refleja su verdadero valor de cría (G) mejor que para otros, se indica por la distancia entre el punto de datos del animal y la línea de regresión.

Pero primero tenemos que saber lo que realmente es un valor estimado de cría. ¿Cómo podemos llegar a obtener información sobre los fenotipos de los animales y sus relaciones genéticas (pedigrí) a una estimación del valor genético de los animales? En el mejoramiento de animales se utiliza el principio de regresión para lograrlo. En la figura 1 se puede ver este principio visualizado. Si hemos de trazar el verdadero valor de cría en el eje y contra de la superioridad fenotípica en el eje x, entonces podemos calcular una línea de regresión a través de los puntos de datos. En la vida real, lamentablemente, no podemos hacer un gráfico como este porque no sabemos los verdaderos valores de cría que no sabemos los verdaderos valores de cría. En su lugar, tratamos de encontrar el coeficiente de regresión que, en combinación con la superioridad fenotípica, sería el que mejor predice la superioridad genética o verdadero valor de cría (TBV, de *True Breeding Value*).

El arte de estimar el VC se basa en encontrar el método más apropiado para obtener el mejor coeficiente de regresión. Se destaca un punto crítico en la estimación del VC: es un coeficiente de regresión, pero puede suceder que animales con igual superioridad fenotípica no siempre tienen la misma superioridad genotípica.

Para algunos animales, como el animal se indica con un círculo en la figura, el VC real es muy

diferente al VC estimado, mientras que, para otros, hay mayor coincidencia. Parte de las diferencias que provocan que el estimado no sea un buen reflejo del real, es causada por el hecho de que el fenotipo puede ser influenciado de forma sustancial por el medio ambiente

Por lo tanto, paralelo a la búsqueda del mejor coeficiente de regresión, también es importante tratar de hacer que las superioridades fenotípicas se ajusten a la línea de regresión, tanto como sea posible. En el resto de este capítulo discutiremos algunas opciones para trabajar en estos dos problemas: predecir el mejor coeficiente de regresión, y hacer que la superioridad fenotípica se ajuste a la línea de regresión.

2.1. Capítulo 8.2.1: La estadística básica

En términos técnicos funciona de la siguiente manera: para poder estimar el valor de cría tenemos que re-organizar la fórmula para calcular el coeficiente de regresión (b):

$$b = \text{cov}(x, y) / \text{var}(x)$$

En la fórmula, b es el coeficiente de regresión, $\text{var}(x)$ = varianza de la superioridad fenotípica, $\text{cov}(x, y)$ = relación entre la superioridad fenotípica y el verdadero valor de cría: nuestros valores genéticos estimados. Así podemos reordenar nuestra fórmula a:

$$\text{Cov}(x, y) = b * \text{var}(x)$$

$$\text{var}(\text{EBV}) = b * \text{var}(\text{superioridad fenotípica})$$

Definición

El valor de cría verdadero representa el potencial genético de ese animal, ¿pero ¿cuál es ese valor? El valor de cría estimado perfecto sería igual al valor de cría real.

En el caso de un animal, podemos traducir esto a:

$$\text{EBV} = b * \text{superioridad fenotípica}$$

Cuanto mejor la superioridad fenotípica prediga el verdadero valor genético de los animales, la $\text{cov}(x, y)$ se parecerán más a la $\text{cov}(y, y)$, lo que equivale a $\text{var}(y)$ = varianza de los verdaderos valores de cría, pero al mismo tiempo, $\text{cov}(x, x)$, que es la varianza de las observaciones fenotípicas. En otras palabras: el coeficiente de regresión se aproximará más a 1.

Un último paso: en mejoramiento genético animal, estamos interesados en la identificación de los animales genéticamente superiores. Esto es más fácil si queremos expresar su EBV en relación con un animal promedio. Un valor de EBV positivo indicaría que el animal es mejor que el promedio. Esto es más fácil que dar el valor de EBV no ajustado. Por ejemplo, usted sabe que su animal tiene un EBV de 25, lo cual es bueno, pero no muy informativo si desconocemos el valor de los otros animales. Es mucho más informativo si se conoce la media de la población, por ejemplo 23, por lo que tu animal tiene una puntuación de +2 por encima del promedio. Por conveniencia, por lo tanto, el valor del EBV se expresa en relación a la media.

La superioridad fenotípica se puede calcular como:

$(P - P_{\text{pob}})$: La información fenotípica en el animal - el promedio de la población.

En consecuencia, el verdadero valor de cría verdadero (TBV) también se expresa como la superioridad genética: $(A - A_{\text{pob}})$: La información genotípica del animal - el promedio de la población. El EBV se calcula a partir de ahí. La fórmula se convierte entonces en:

$$\text{EBV} = b * (P - P_{\text{pob}})$$

Esta fórmula es la fórmula más básica para estimar el valor de cría de un animal: combina la superioridad fenotípica del animal y el coeficiente de regresión de la superioridad genética en la superioridad fenotípica.

Entonces:

3. Capítulo 8.3: Optimización de la información fenotípica

El fenotipo de los animales puede ser influenciado de forma sistemática mediante, por ejemplo, el (la gestión) del establecimiento donde se mantienen, o que hayan nacido en verano o invierno, o si son machos o hembras, etc. Para una comparación más justa de los animales basado en sus fenotipos es importante a tener en cuenta estas influencias sistemáticas y tenerlas en cuenta además a la hora de definir la superioridad fenotípica de un animal. Por ejemplo, si los machos en promedio, son 5 kg pesados que las hembras, después la corrección tendrá en cuenta este factor, y se restará al peso de los machos esos 5 kg, de modo que ambas categorías se puedan comparar

La superioridad fenotípica se puede mejorar si se corrigen los fenotipos por los efectos ambientales sistemáticos.

directamente en la ganancia de peso.

El efecto de la corrección de la superioridad fenotípica de los efectos sistemáticos, da como resultado que este fenotipo “limpio” es el que mejor representa la superioridad genética. Así, los fenotipos limpios permiten una mejor predicción del coeficiente de regresión. Esto se ilustra en la

Para estimar los valores de cría de los animales tratamos de encontrar el mejor coeficiente de regresión y la información fenotípica más informativa para que nuestro EBV se acerque lo más posible al TBV.

Los EBV se expresan en relación con el animal promedio para simplificar la identificación de los animales genéticamente superiores.

figura 2. En la figura de la izquierda, la nube de puntos de datos indica los datos 'en bruto': los datos sin corrección por los efectos sistemáticos. Cuando se hace regresión con estos datos, el coeficiente de regresión sería 0,3. La figura de la derecha indica la situación después de la 'limpieza' de datos. El coeficiente de regresión ha aumentado, lo que indica que la información fenotípica se ha convertido en un mejor predictor del verdadero valor genético.

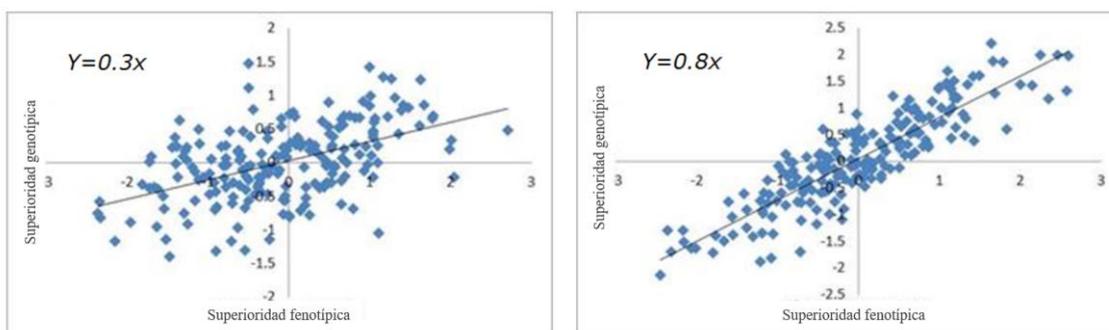


Figura 2: En la figura de la izquierda la superioridad fenotípica no corregida por influencias sistemáticas. En la figura de la derecha, los mismos valores, pero corregidos, lo que resulta en un mayor reflejo con la superioridad genética, y, por lo tanto, un coeficiente de regresión superior.

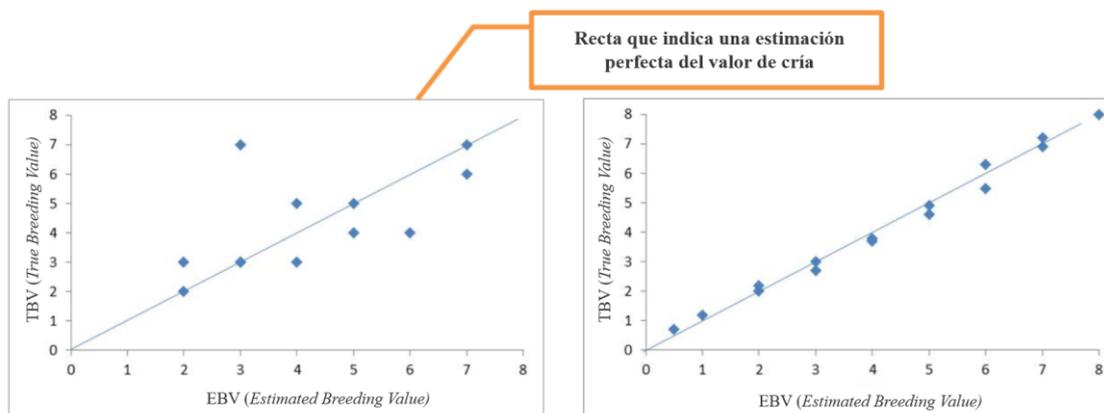
Entonces:

4. Capítulo 8.4: La precisión del valor genético: el concepto básico

Aún en casos en los que se obtiene un coeficiente de regresión elevado, hay animales que tienen un EBV que es mayor o menor que el TBV. Si fuésemos capaces de estimar el valor de cría con el 100% de precisión, entonces el EBV sería idéntico al TBV. Si trazamos el TBV contra el EBV, obtendríamos una línea perfecta. Cuantos menos puntos de datos se ubiquen sobre la línea, menos seguro es de que el EBV representa el verdadero valor de cría: las estimaciones no son exactas. Una medida para los puntos de datos que están en la línea, y por lo tanto la precisión del valor de cría estimado, es la correlación. Si la correlación entre TBV y EBV es igual a 1, se ha logrado realizar estimaciones perfectas. Cuanto más alejado de 1 (es decir, cuanto los puntos de datos forman una nube), menos preciso son los valores genéticos estimados.

Esto se ilustra en la figura 3. A la izquierda, se ve una nube de puntos: algunos EBV se parecen al verdadero valor de cría, pero otras, están muy alejadas del verdadero valor genético. La correlación entre el EBV y TBV en esta figura es de 0,76, el EBV no representa el TBV para todos los animales. Por ejemplo, hay dos animales con un EBV de 4, mientras que sus verdaderos valores genéticos son diferentes: 3 y 5. En la vida real no se puede crear un gráfico como en esta figura, ya que no sabemos el verdadero valor genético. Pero, lo que podemos hacer, es estimar la precisión del valor de cría estimado: la correlación entre la información fenotípica y el verdadero valor de cría. Entonces, ¿cuánto se parecen el EBV con el verdadero valor de cría?

Figura 3: parcelas de TBV en EBV con la línea de regresión perfecta si EBV = TBV. A la izquierda es un



ejemplo de EBV inexacta, indicada por la nube de puntos de datos con correlación entre EBV y TBV de 0,76. A la derecha el EBV se estiman con mucha más precisión y son casi en línea con el TBV, resultando en una correlación entre el EBV y TBV de 0,98.

Entonces:

La precisión de la estimación del valor de la cría representa la correlación entre el EBV y la verdadera superioridad genética. Adopta valores entre 0 (inexacto) y 1 (100% exacto).

5. Capítulo 8.5: estimación del valor genético: La selección en masa

La forma más sencilla y básica de obtener el valor de cría, es ranquear u ordenar los animales en base a la propia performance. A esto se lo conoce también como Selección en Masa. Si trazáramos el *fenotipo* (valor de cría real + influencia ambiental) en el eje x, y el *genotipo* (valor real de cría) en el eje y, entonces el coeficiente de regresión entre los dos es:

$$\text{Heredabilidad } (\text{cov}(x, y) = \text{cov}(P, G) = \text{cov}(G + E, G) = \text{cov}(G, G) + \text{cov}(G, E) = \text{var}(G) + 0$$

por lo que:

$$b = \text{cov}(X, Y) / \text{var}(X) = \text{var}(G) / \text{var}(P) = h^2.$$

Así, que, si conocemos la superioridad fenotípica y la heredabilidad, ¡estamos listos para estimar

los valores de cría!

$$\mathbf{EBV}_{\text{Selección en masa}} = h^2 (P - P_{\bar{x}})$$

Donde P representa el propio rendimiento y $P_{\bar{x}}$ el rendimiento promedio de la población. Por ejemplo, si tenemos en cuenta los conejos y el rasgo bajo selección es el peso corporal a los 3 meses de edad, lo que necesitamos para empezar a grabar el peso corporal a esa edad. El conejo promedio en nuestra población pesa 2,0 kg. Si tenemos un conejo de 2,3 kg, su superioridad fenotípica sería $(2,3-2,0) = 0,3$ kg. Asumamos que la heredabilidad de este rasgo en esta población es de 0,2. A continuación, el EBV para el peso corporal para este conejo es $0,2 * 0,3 = 0,06$ kg. Tenga en cuenta que la unidad de la EBV es igual a la unidad del fenotipo, en este caso kg de peso corporal.

Continuando con el ejemplo con los conejos. Aunque se suponía que todos los conejos habían sido pesados a los 3 meses de edad, no siempre fue así. Por vacaciones y fines de semana, algunos animales se pesaron un poco más jóvenes, y otros, un poco más viejos. Como imaginarás, que esto ha influido en la heredabilidad, porque hay variación debida a la edad, que, a su vez, aumenta la variación del error, y, por lo tanto, disminuye la heredabilidad.

Recuerden, cuanto más cercano a 1 (uno) sea la heredabilidad, el fenotipo mejor representará la superioridad genética subyacente. Con modificaciones en el manejo, se decidió pesar a todos los animales exactamente a los 3 meses de edad, y la heredabilidad aumentó de 0,3 a 0,4. En consecuencia, podemos aumentar nuestra capacidad de predecir la superioridad genética subyacente del animal. El EBV aumentó a $0,4*0,3 = 0,12$ kg.

Entonces:

El EBV usando datos de propia performance se puede calcular como:

$$\mathbf{EBV}_{\text{Selección en masa}} = h^2 (P - P_{\bar{x}})$$

5.1 Capítulo 8.5.1: Caso especial: observaciones repetidas sobre un solo animal

Para algunos caracteres, con el tiempo, se recogerá más de un registro de rendimiento propio por animal. Por ejemplo, puede tener un registro del tamaño de la primera camada, pero cuando la segunda camada nace, obtenemos información adicional sobre el rendimiento de la madre, y también con los datos de la tercera camada, y tal vez, incluso la cuarta camada. Como el tamaño de la camada es heredable, es de esperar que el tamaño de camada en múltiples partos de una hembra se parezca más entre sí, que si se comparan con el de otras hembras.

El registro único incluye influencias genéticas y ambientales. En la segunda camada, la genética, por supuesto, es la misma, pero el ambiente puede ser diferente. Nuevamente, en la tercera camada, tiene la misma genética, pero tal vez, algo cambió en el ambiente. Así que cuantas más camadas tengas, mejor deberías ser capaz de estimar el potencial genético de la hembra. La correlación entre un registro y los registros posteriores es la *repetibilidad*. Cuanto más parecidos son los registros posteriores, mayor es la correlación (máx. = 1).

La disponibilidad de más registros en un animal permite una mejor indicación de la superioridad fenotípica. Se puede imaginar que los registros de un animal en parte están influenciados por el ambiente que es específico para ese registro, el llamado ambiente temporal, y también por un ambiente que es similar en todos los registros, el llamado ambiente permanente. El entorno temporal es diferente cada vez, así que el efecto es mayor en un registro que en el otro. Tomando el promedio de los diferentes registros, se corrige luego el fenotipo por el factor ambiente temporal. El fenotipo basado en este promedio de rendimiento representa por lo tanto una representación de la superioridad fenotípica como se indica en la figura 2.

Cuanto mejor podamos expresar la superioridad fenotípica y cuanto mayor sea la repetibilidad, mejor deberíamos poder estimar el valor de cría. De hecho, este es el caso. Los registros repetidos permiten una mejor estimación del coeficiente de regresión. En el caso de un solo registro, el

coeficiente de regresión es h^2 , pero si hay varios registros se convierte en:

$$b_{\text{selección en masa, múltiples registros}} = \frac{n \cdot h^2}{1 + r(n-1)}$$

donde n es el número de registros repetidos, y r es la correlación entre los registros posteriores: la repetibilidad. Si la repetibilidad es de 0,5 y tenemos 2 registros, entonces el coeficiente de regresión aumenta de h^2 a $2h^2/1,5 = 1,33 h^2$. El valor de las observaciones repetidas depende de la repetibilidad y del número de registros disponibles. Cuanto menor sea la repetibilidad, más se verán influenciadas las observaciones repetidas por diferentes factores, y más valor tiene la toma de múltiples registros, y la reestimación del valor de cría vez que un nuevo registro de rendimiento propio esté disponible.

Entonces:

La repetibilidad es la correlación entre los registros posteriores: cuanto más se parezcan, mayor será la repetibilidad (máx. =1). Las observaciones repetidas sobre la propia performance se suman a la estimación del coeficiente de regresión. Cuanto más bajo sea la repetibilidad, más valioso es el registro de numerosas observaciones.

6. Capítulo 8.6: estimación del valor genético: el Modelo Animal

A pesar de que la selección en masa es una manera directa de clasificar los animales candidatos de mejoramiento, no siempre es la forma más precisa. Por ejemplo, si todo lo que tenemos son datos de la propia performance ¿cómo podríamos ser capaces de seleccionar los animales sin estos datos? ¿Cómo podemos seleccionar toros de ganado lechero para mejorar la producción de leche? O ¿cómo podemos seleccionar animales para la calidad de la carne? La calidad de la carne sólo puede medirse después del sacrificio y, por supuesto, no pueden ser usados más estos animales. Afortunadamente, existe una solución para eso: usamos la información fenotípica recopilada de animales emparentados y la usamos para estimar valor de cría de animales sin fenotipo. El éxito dependerá de cuanto su genética se parece a la de los animales performance propia: su relación genética aditiva.

Por supuesto, para poder estimar el valor de cría sin fenotipo, su relación genética aditiva con aquellos animales que sí tienen fenotipo, debe ser bastante grande. Por ejemplo, la información sobre un hermano completo, que comparten, en promedio, la mitad del genoma (por lo que a , *relación genética aditiva* = 0,5), tiene más valor que si se usa información de un primo lejano, con quien tan solo comparte un $a = 0,0625$. Los datos sobre padres o descendencia tienen mayor valor que la que aportan hermanos u hermanas completas, a pesar de que con todos ellos tiene una relación genética aditiva de 0,5. Esto es, porque los padres pasan exactamente la mitad de su genoma a su descendencia. Por lo que su relación genética aditiva realmente es de 0,5, mientras que los hermanos y hermanas, **en promedio**, comparten la mitad de su genoma. El muestreo mendeliano (la incertidumbre de qué mitad del potencial genético del progenitor pasa de padre a hijo) determina de hecho si se trata o no de la misma mitad. En otras palabras: esta mitad no es tan segura como la que comparten padres e hijos.

El método de combinar las relaciones genéticas aditivas entre animales con la información fenotípica de algunos de esos animales para estimar todos los valores de cría se llama Modelo Animal. El Modelo Animal no es sólo útil en caso de que falten observaciones fenotípicas, sino que también sirve para aumentar la calidad de la información fenotípica y que el valor de cría pueda estimarse con mayor precisión. Entonces, ¿cómo funciona el Modelo Animal?

Entonces:

El Modelo Animal representa un método que utiliza la información fenotípica de los parientes para estimar el valor de cría de un animal.

7. Capítulo 8.7: estimación del valor genético: la situación elemental

Para la estimación de los valores genéticos, dos cosas todavía son necesarias: información fenotípica y el coeficiente de regresión del verdadero valor de cría sobre la superioridad fenotípica. La regresión padres-hijos, que puede ser utilizado para estimar la heredabilidad como hemos visto en el capítulo sobre modelos genéticos, de alguna manera está estimando el valor de cría de la descendencia en función de la performance de los padres. En caso que solo se cuente con información de uno de los padres, el coeficiente de regresión es igual a la mitad de la heredabilidad, donde dicha mitad representa la relación genética aditiva entre dicho progenitor y su descendencia. El EBV de la descendencia de este modo se puede calcular como:

$$EBV_{descendencia} = b_{\text{único progenitor-descendencia}} * (P_{\text{progenitor}} - P_{\bar{x}}) = \frac{1}{2} h^2 * (P_{\text{progenitor}} - P_{\bar{x}})$$

En caso de que la información sobre ambos padres está disponible, la regresión del fenotipo de la descendencia con la mitad de sus padres iguala a la heredabilidad. La relación genética aditiva con ambos padres es $2 \cdot 0,5 = 1$, por lo que el EBV se convierte en:

$$EBV_{descendencia} = h^2 * (P_{\text{media de los padres}} - P_{\bar{x}})$$

7.1 Capítulo 8.7.1: estimación del valor genético: el ejemplo del conejo en la selección en masa

Volviendo al ejemplo de los conejos utilizado en el apartado de selección en masa, consideramos que el conejo promedio de nuestra población pesa 2,0 kg. Si tenemos un conejo de 2,3 kg, entonces, su superioridad fenotípica sería $2,3 - 2,0 = 0,3$ kg. La heredabilidad para el peso en esta población es 0,2. El EBV para el peso corporal para este conejo es $0,2 * 0,3 = 0,06$ kg. Ahora queremos estimar el valor de cría de los descendientes de este conejo. Ellos no tienen registro de propia performance, sin embargo, por lo que utilizaremos el registro fenotípico del progenitor. El EBV de la descendencia se convierte así en:

$$EBV_{descendencia} = \frac{1}{2} * 0,2 * (2,3 - 2,0) = 0,03 \text{ kg.}$$

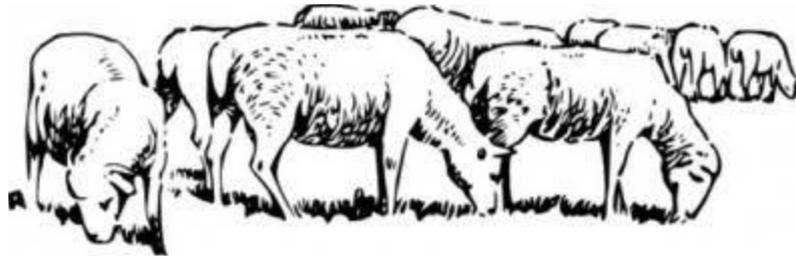
Este valor es menor que si hubiésemos tomado en cuenta registros propios de la descendencia. ¿Ves por qué? Esto se debe a que, para estimar el valor de cría de la descendencia, se utilizó la observación fenotípica del padre solo como fuente de la información y la relación genética aditiva entre progenitor y su descendencia es 0,5. Una asunción importante en este tipo de casos en la que no se conoce el aporte del otro padre, es que los individuos con los que se apareó este progenitor para dar descendencia eran de calidad promedio, por lo que tenían un EBV de 0, y, por lo tanto, no contribuyen a la EBV de la descendencia. Por eso, en este ejemplo, el EBV de la descendencia es la mitad de la de los padres.

7.2. Capítulo 8.7.2: estimación del valor genético: un ejemplo en ovejas con información de los padres

Otro ejemplo, ahora para el peso corporal en ovejas e información fenotípica de ambos padres. El carnero pesa 80 kg y la oveja pesa 70 kg. La oveja promedio de esta raza pesa 65 kg. La heredabilidad para el peso corporal es 0,45. Estimar el EBV para los hijos por nacer. Vamos a realizarlo paso a paso. En primer lugar, calcular el valor medio de los padres: el peso medio de los dos padres es de 75 kg. La superioridad fenotípica se convierte en $75 - 65 = 10$ kg. Si combinamos esta información, el EBV para el cordero se convierte en:

$$EBV_{\text{Cordero}} = 0,45 * (75 - 65) = 4,5 \text{ kg.}$$

Esto significa que se espera que los corderos sean, kg más pesados que el promedio, y, por lo tanto, pesen $65 + 4,5 = 69,5$ kg.



8. Capítulo 8.8: Otros tipos de fuentes de información

En general se puede decir que, si usted tiene información sobre un solo animal emparentado, el coeficiente de regresión es igual a la relación genética aditiva por la heredabilidad:

$$b = a * h^2$$

En el caso de los padres o abuelos, la relación genética aditiva se multiplica por el número de animales de los que usted tiene información: hasta 2 padres o hasta 4 abuelos. En otras palabras: el coeficiente de regresión se convierte en el máximo, h^2 nuevamente.

Se vuelve más complicado si hay información en un grupo de animales emparentados, que no son ni padres o abuelos, por ejemplo, un grupo de medios hermanos. El animal y sus hermanos no sólo pueden compartir un componente genético, pero potencialmente también el efecto de un ambiente común (a menudo señalado como c). Esto hace que sea más difícil separar el efecto de la genética y el medio ambiente común, y por lo tanto tiene una influencia negativa en el EBV. En la tabla 1 se describe una lista con las fórmulas para calcular los coeficientes de regresión para un número de diferentes fuentes de información. Usted no necesita saber todas estas fórmulas de memoria, pero es bueno darse cuenta de por qué algunos tienen $a*c^2$ en la fórmula y otros no. En las fórmulas n indica el número de registros. Así, que, en el caso de las pruebas de progenie para cada animal a estimar el valor de cría, se indica que el número de progenie para los que se tiene registros, y, en el caso que la selección se realice en base a información de hermanos, se debe indicar el número de hermanos para los cuales se tiene registro.

En la tabla 1 se puede ver que el coeficiente de regresión en algunos casos contiene un $\frac{1}{2}$ o un $\frac{1}{4}$, por ejemplo, en la fórmula para calcular el coeficiente de regresión que utiliza información de hermano completo tiene $\frac{1}{2}$, y el que utiliza la información de medio hermano, tiene $\frac{1}{4}$. Estas son las relaciones genéticas aditivas entre la fuente de información y el animal para el cual desea estimar el valor de cría.

De la misma manera, la relación genética aditiva con un solo padre es $\frac{1}{2}$ y también lo es con la descendencia.

Ahora ya sabe cómo utilizar la información sobre los familiares de un animal para ajustar el coeficiente de regresión. Por supuesto, es posible combinar diversas fuentes de información y tienen incluso mejores estimaciones del coeficiente de regresión. Sin embargo, para este curso es suficiente reconocer el tipo de fuente de información que está disponible y saber cómo utilizar esa información para estimar el valor de cría.

Tabla 1. Fórmulas para los coeficientes de regresión para estimar los valores utilizando diversas fuentes de información de reproducción.

| FUENTE DE INFORMACIÓN | VALOR DE b (COEFICIENTE DE REGRESIÓN) |
|---------------------------------------|---|
| Propia performance | h^2 |
| Abuelos (media de 4 registros) | h^2 |
| Un solo progenitor | $\frac{1}{2} h^2$ |
| Ambos padres (media de 2 registros) | h^2 |
| Hermanos (n hermanos completos) | $\frac{\frac{1}{2}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{2}h^2 + c_{FS}^2)}$ |
| Hermanos (n medio hermanos) | $\frac{\frac{1}{4}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{4}h^2 + c_{HS}^2)}$ |
| Prueba de progenie (n medio hermanos) | $\frac{\frac{1}{2}n h^2}{1 + \frac{1}{4}(n - 1)h^2}$ |

Entonces:

El coeficiente de regresión para estimar el valor de cría utilizando otras fuentes que no sean la propia performance depende de la relación genética aditiva con el animal, la heredabilidad, el número de fuentes de información, y el tamaño del efecto ambiental común compartido.

9. Capítulo 8.9: Ejemplos de estimación de los valores genéticos

Volvamos primero a la estimación de los valores de cría. Recuerde: para estimar valores de cría se necesita, no solo el coeficiente de regresión, sino también la superioridad fenotípica.

Entonces, ¿cómo lo calculamos si sólo tenemos información de un solo animal? Afortunadamente, esto sencillo: hay que calcular la media. Por ejemplo, si se desea estimar el valor de cría de un toro con 20 crías basado en la performance de la descendencia, entonces se toma el promedio del rendimiento de la descendencia y se lo relaciona con la media poblacional. Si el promedio de la descendencia es de 50, y la media poblacional es de 40, entonces:

$$P_{\text{descendencia}} - P_{\text{población}} = 50 - 40 = 10$$

El siguiente paso consiste en combinar el coeficiente de regresión y la superioridad fenotípica de manera que se puede estimar el valor de cría. Recuerde el principio básico:

$$EBV = b * (P - \bar{P})$$

Siempre hay tres pasos para estimar el valor de cría de un animal:

- ✓ Determinar la superioridad fenotípica de su fuente de información
- ✓ Determinar el coeficiente de regresión
- ✓ Combinar las dos anteriores para estimar el valor de cría

A continuación, encontrará algunos ejemplos sobre cómo aplicar esto en la práctica.

Ejemplos:

1. ¿Cuál es el valor de cría de un padrillo con excelentes padres?

La heredabilidad para la monta de caballos es de 0,29. El padre de este caballo obtuvo una puntuación de 9,5, y la madre, un 9. El promedio poblacional es de 7.

- Paso 1: la superioridad fenotípica iguala a la media de los progenitores, que es:

$$\text{Superioridad fenotípica} = \left(\frac{9,5+9}{2} - 7 \right) = 2,25$$

- Paso 2: el coeficiente de regresión para la media de la información de los progenitores es igual a la heredabilidad:

$$\text{Coeficiente de regresión} = \text{heredabilidad } (h^2) = 0,29$$

- Paso 3: calcular el valor de cría estimado (EBV):

$$\text{EBV} = b * (P - \bar{P}) = h^2 * (P - \bar{P}) = 0,29 * 2,25 = 0,65$$

2. ¿Cuál es el valor de cría para producción de leche de un toro con 100 hijas (medio hermanas)? la heredabilidad para producción de leche es de 0,3. Sus hijas producen, en promedio, 10 000 Kg, y la media poblacional es de 9 500 kg.

- Paso 1: calcular la superioridad fenotípica:

$$\text{Superioridad fenotípica} = (10000 - 9500) = 500 \text{ kg}$$

- Paso 2: calcular el coeficiente de regresión (ver la fórmula en Tabla 1 más arriba):

Como se desprende de la Tabla 1, la fórmula apropiada cuando se tiene información de la descendencia (en la tabla figura como prueba de progenie) es:

$$\text{Coeficiente de regresión} = b = \frac{\frac{1}{2}n h^2}{1 + \frac{1}{4}(n-1)h^2}$$

$$b = \frac{\frac{1}{2} * 100 * 0,3}{1 + \frac{1}{4} * (100 - 1) * 0,3} = 15/8,425 = 1,78$$

- Paso 3: la EBV para la producción de leche de este toro es $1,78 * 500 = 890 \text{ kg}$.

NOTA: el máximo coeficiente de regresión de un solo progenitor (normalmente el padre) en la descendencia es 2 porque el padre pasa la mitad de su genoma a la descendencia. Asumiendo que el padre se aparee con hembras promedio de la población, y si sólo tienes información sobre la superioridad fenotípica de la descendencia en lugar de las madres, se usa un coeficiente de regresión cuyo valor máximo es 2.

Entonces:

El máximo coeficiente de regresión cuando se usa información de la descendencia es de 2.

3. ¿Cuál es el valor estimado de cría (EBV) para ganancia diaria de peso en cerdos en el periodo de 25 a 100 kg, si contamos con información de 20 hermanos completos, pero no de propia performance? La heredabilidad de este caracter es de 0,4, y la ganancia diaria de peso del promedio de la población es de 875 g/día, y en la de los 20 hermanos, es de 900 g/día. El factor ambiental común para este grupo de hermanos (c^2) toma un valor de 0,45.

- Paso 1: calcular la superioridad fenotípica:

$$\text{Superioridad fenotípica} = (900 - 875) = 25 \text{ g/día}$$

- Paso 2: calcular el coeficiente de regresión (ver la fórmula en Tabla 1 más arriba):

Como se desprende de la Tabla 1, la fórmula apropiada cuando se tiene información de la descendencia (n hermanos completos) es:

$$b = \frac{\frac{1}{2}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{2}h^2 + c_{FS}^2)}$$

Reemplazando los valores en la fórmula (en la fórmula, c_{FS}^2 , hace referencia a c^2 , en este caso, 0,45).

$$b = \frac{\frac{1}{2} * 20 * 0,4}{1 + (20 - 1) * (\frac{1}{2} * 0,4 + 0,45)} = \frac{4}{13,35} = \mathbf{0,30}$$

- Paso 3: la EBV para ganancia diaria de peso desde los 25 hasta los 100 kg es de:

$$EBV = 25 * 0,30 = 7,5 \text{ g/día.}$$

Nota: el coeficiente de regresión es menor que la heredabilidad. La razón es que los hermanos completos se comportan de manera similar porque han compartido un ambiente común. Por lo tanto, una pequeña proporción de la superioridad fenotípica puede deberse a genética en común, y a que compartieron un ambiente en común. Esto es tenido en cuenta a través del coeficiente c^2 , a la hora de determinar el coeficiente de regresión para estimar valor de cría.

Entonces:

La presencia de un efecto ambiental compartido tiene un efecto reductor del EBV.

La presencia de un efecto ambiental compartido tiene un efecto reductor del EBV.

10. Capítulo 8.10: Predicción Mejor lineal no sesgada: BLUP

El Modelo Animal se trata de la utilización de fuentes alternativas de información a través de su relación genética aditiva con el animal al cual se le desea estimar el valor de cría. La estimación de los valores genéticos se trata no solo optimizar la estimación del coeficiente de regresión, sino también de la información fenotípica. Hay un método que combina estos dos factores importantes: corrige simultáneamente los fenotipos de efectos sistemáticos, estima los valores de cría, a la vez que hace uso de las relaciones genéticas aditivas entre los animales. El resultado es una estimación no sesgada del valor genético. Este método es la mejor predicción lineal no sesgada, o en pocas palabras: BLUP, del inglés *Best Linear Unbiased Prediction*.

Es un método que hace uso de matrices algebraicas. No entraremos en detalles, pero sí dar una idea principal. La fórmula se vería así: pero vamos a tratar de dar la idea principal.

$$Y = Xb + Za + e$$

“Y” se corresponde con información fenotípica, “ X_b ” corrige las superioridades fenotípicas de efectos sistemáticos, y “ Z_a ” relaciona la superioridad fenotípica con las relaciones genéticas aditivas para estimar el VEB. El “e” indica el error de variación. En cierta forma, BLUP sigue el sencillo modelo $P = E$ (ambiente) + G (Genética), pero también proporciona una estimación de G y E .

Por ejemplo, si los animales de un establecimiento se alimentan mucho mejor que en otro, Por ejemplo, si los animales de una granja se alimentan mucho mejor que los de otra, entonces la clasificación de los animales basado en el peso, beneficiaría a los animales del establecimiento con mejor nutrición. Sin embargo, la genética de los animales de ambos establecimientos podría

ser similar. Sin tener en cuenta esta influencia sistemática del establecimiento de origen, es probable que la parte superior del listado de animales clasificados por su peso provengan, en su mayoría, del establecimiento con mayor nivel de alimentación.

Para poder comparar el rendimiento de los animales más sobre su potencial genético, es importante tener en cuenta el efecto establecimiento, y esto es precisamente lo que hace BLUP (si proporcionamos el dato de cuál es el establecimiento de origen de cada animal). El principio de BLUP es determinar el peso promedio de los animales de cada establecimiento peso medio de los animales de cada granja y restar la diferencia de peso entre ambos grupos al peso de los animales más pesados. Por ejemplo, si los animales del establecimiento 1 pesan 100 kg, y los del establecimiento 2 pesan 120 kg, entonces se “castiga” a los animales del segundo establecimiento restándoles 20 kg a su peso.

Un problema crítico para corregir los efectos sistemáticos es que sólo funciona bien si los genotipos están lo suficientemente diseminados bajo diferentes influencias ambientales sistemáticas. Por lo que los animales de ambos establecimientos debieran estar emparentados, por ejemplo, o porque se utilizaron los mismos padres, o porque los animales de cada establecimiento son hermanos. Si los animales no estuviesen emparentados, entonces parte de las causas en la diferencia de peso es debida a diferencias en potencial genético. Y eso es lo que se desea estimar, así que no quieres perderlo corrigiendo el peso. La inseminación artificial permite los vínculos genéticos entre diferentes establecimientos porque se usan los mismos sementales. En las especies de animales en los que el apareamiento es una práctica común, como en el ganado vacuno y ovino, a menudo no es posible estimar efectos sistemáticos ambientales con precisión por la ausencia de intercambio de animales, y, por lo tanto, escaso vínculo genético entre animales de distintos establecimientos.

En especies en las que los sementales son trasladados hacia a varios lugares donde se encuentran las hembras para dar servicio, tal es el caso de caballos y perros, la relación genética entre los animales de diferentes establecimientos no sería una limitante. Siempre y cuando los sementales se usen con la frecuencia suficiente.

Entonces:

Con BLUP es posible estimar los valores de cría usando información sobre parientes y corrigiendo fenotipos por influencias ambientales sistemáticas.

El punto crítico es que se requieren suficientes vínculos genéticos entre diferentes ambientes para estimar los efectos sistemáticos de dichos ambientes (por ejemplo, varios establecimientos).

11. Capítulo 8.11: La precisión de los valores de cría estimados

La precisión de un valor de cría estimado indica lo bien que la estimación representa el verdadero valor genético. En otras palabras: representa la correlación entre el estimado y el verdadero valor de cría. A diferencia de una correlación normal, debido a algunas suposiciones subyacentes, esta correlación no puede ser negativa. Puede tomar valores entre 0 (estimación totalmente inexacta) y 1 (valor estimado de cría es el factor de predicción perfecto del verdadero valor de cría). La precisión se indica mediante el símbolo r_{IH} . El r representa el hecho de que es una correlación, la I representa el valor estimado de cría, y el H representa el verdadero valor de cría.

Entonces:

La precisión de un EBV da una indicación de cuál es la probabilidad de que el valor de cría esté estimado correctamente. Por lo tanto, es un indicador del valor que tiene un EBV como criterio de selección. La precisión r_{IH} es una correlación, pero con valores entre 0 y 1.

Tabla 2. El coeficiente de regresión y la precisión de los valores de cría estimados para un número de diferentes fuentes de información.

| FUENTE DE INFORMACIÓN | VALOR DE b | PRECISIÓN (r_{IH}) |
|---------------------------------------|---|---|
| Propia performance | h^2 | $\sqrt{h^2}$ |
| Abuelos (media de 4 registros) | h^2 | $\sqrt{\frac{h^2}{4}}$ |
| Ambos padres (media de 2 registros) | h^2 | $\sqrt{\frac{h^2}{2}}$ |
| Hermanos (n hermanos completos) | $\frac{\frac{1}{2}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{2}h^2 + c_{FS}^2)}$ | $\sqrt{\frac{\frac{1}{4}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{2}h^2 + c_{FS}^2)}}$ |
| Hermanos (n medio hermanos) | $\frac{\frac{1}{4}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{4}h^2 + c_{HS}^2)}$ | $\sqrt{\frac{\frac{1}{16}n h^2}{1 + (n - 1)(\frac{1}{4}h^2 + c_{HS}^2)}}$ |
| Prueba de progenie (n medio hermanos) | $\frac{\frac{1}{2}n h^2}{1 + \frac{1}{4}(n - 1)h^2}$ | $\sqrt{\frac{\frac{1}{4}n h^2}{1 + \frac{1}{4}(n - 1)h^2}}$ |

En el Tabla 2 figura la precisión con la que se calcula el coeficiente de regresión (b), usando diferentes fuentes de información. De la misma se desprende que, solo con la información de los padres o abuelos, la precisión nunca va a ser tan alta como la que se obtiene si se tienen datos de propia performance. En ausencia de un efecto ambiental común (c^2), la máxima precisión que puede lograrse es asumiendo que el “n” es muy grande.

Si “n” es muy alto, el máximo r_{IH} que puedo lograrse con la selección en base a la información de hermanos completos es igual a:

$$\sqrt{\frac{\frac{1}{4}}{\frac{1}{2}}} = 0,707$$

En otras palabras, para cualquier caracter con heredabilidad de 0,5 o mayor, la selección basada en la propia performance da como resultado una precisión mayor que la que pueda obtenerse si se usa información de un número infinitamente grande de hermanos completos.

Del mismo modo, la precisión máxima que se puede alcanzar con la información de medios hermanos, es:

$$\sqrt{\frac{\frac{1}{16}}{\frac{1}{4}}} = 0,5$$

Por lo tanto, para cualquier caracter con heredabilidad superior a 0,25 la selección basada en la propia performance da una precisión mayor que la lograda con información de muchos medios hermanos.

Cuando hay un efecto ambiental común, estas precisiones máximas alcanzables con selección en base a medio hermanos u hermanos completos disminuye.

De la fórmula se desprende que existe un efecto ambiental común, disminuye la precisión de selección.

Entonces:

Si se usa la propia performance, como resultado se obtiene una mayor precisión que con hermanos completos si la heredabilidad es superior a 0,5. También es mayor la precisión

comparado con la obtenida para medios hermanos si la heredabilidad es superior a 0,25. En presencia de efectos ambientales comunes entre HS (medio hermanos (o half sibs) o FS (hermanos completos, o full sibs) las presiones de selección son menores.

11.1 Capítulo 8.11.1: Efecto de información adicional sobre la precisión

Cuanta más información disponible relacionada con la genética del animal, más preciso será el EBV. La información sobre la descendencia es muy valiosa, ya que comparten la mitad de sus genes con sus progenitores. Pero para los animales jóvenes, esto no representaría una fuente muy realista de información (dado el bajo o nulo número de descendientes).

En ausencia de información de hermanos (medio o completos), los pares son la única fuente de información. Comparten la mitad de sus genes con sus hijos, y, por lo tanto, son muy valiosos como fuente de información. Sin embargo, hay un factor que complica la información de los padres, y es debida al muestro mendeliano, ya que no es posible saber *qué* mitad transmite a su descendencia. Esto es diferente al caso de descendencia múltiple como fuente de información, ya que se sí podemos saber con mayor precisión que genes se transmiten con bastante precisión.

Bajo la asunción de que la descendencia se obtuvo por apareamiento con un progenitor promedio, el TBV puede estimarse con bastante exactitud. El hecho de que cada animal cría recibe la mitad de la genética del animal al que se le quiere estimar el valor de cría, y que cada cría recibe mitades ligeramente diferentes, hace posible cuantificar el componente de muestreo mendeliano y obtener una estimación precisa del EBV. Aun así, la precisión dependerá del número de crías y de la heredabilidad.

Entonces:

La información sobre la descendencia es más valiosa que la de los hermanos porque la descendencia recibe la mitad de los genes del animal. Si se dispone de un número suficiente de crías, se puede cuantificar el efecto del muestreo mendeliano y el EBV del animal puede ser estimado con mucha precisión.

12 Capítulo 8.12: Resumen de la estimación del valor genético

En resumen: los datos de propia performance propia son muy valiosos para caracteres de alta heredabilidad. Los fenotipos tomados de medios hermanos son más valiosos que el de los hermanos completos. Incluso, son más valiosos los fenotipos registrados en la descendencia de los medios hermanos: no existe el componente ambiental en común con el animal, generalmente existe un número mayor de individuos de los cuales recabar información, y la descendencia recibe la verdadera mitad del potencial genético del animal, lo cual permite una estimación más precisa del valor de cría.

Ahora ya sabes cómo calcular la precisión de selección. Pero, ¿Por qué es importante calcularla? Porque cuanto más alta la precisión del cálculo del EBV, menor es el riesgo ranquear los animales en el orden incorrecto, y, por lo tanto, de seleccionar los animales equivocados para el plan de mejoramiento genético. La figura 4 ilustra el significado de la precisión. En la figura hay tres distribuciones normales, cada una de las cuales representa un EBV de 50, pero con variados niveles de precisión. El EBV más exacto tiene un intervalo de confianza del 95% entre 45 y 55. En otras palabras, la mejor estimación del EBV es 50, pero con cierto nivel de imprecisión en torno a este valor. Sin embargo, tenemos un 95 % de certeza de que el valor de cría se encuentra en el rango de 45 a 55. El EBV menos preciso también indica que la mejor estimación del EBV es de 50, pero el intervalo de confianza del 95 % cae en el rango 36 a 65. Esto es mucho mayor que la estimación más precisa. Significa que el riesgo de ranquear u ordenar los animales en el orden incorrecto es mucho mayor.

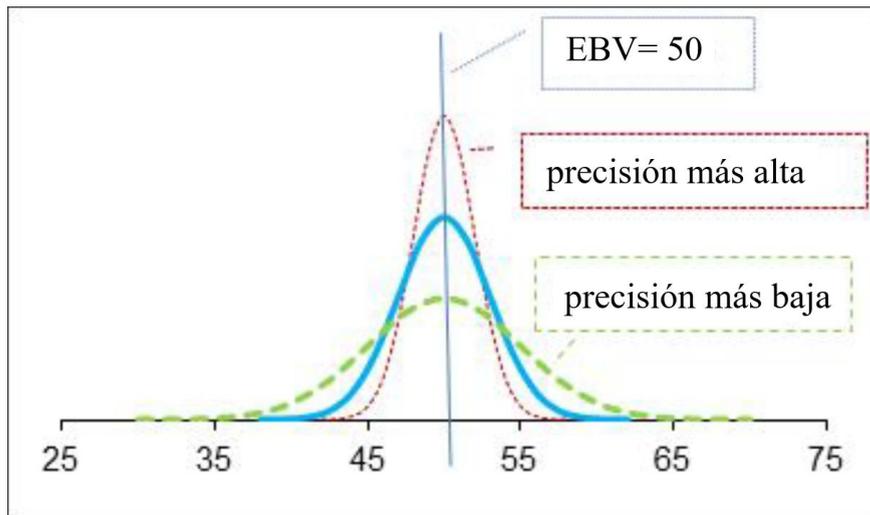


Figura 4. Distribuciones de todo el mismo EBV, pero estimado con de alta, intermedia o baja precisión.

Estas diferencias de precisión pueden ser resultado de diferentes heredabilidades. Cuanto mayor sea la heredabilidad, más preciso será el EBV, aunque también puede ser resultado de una calidad subóptima de la fuente de información, por ejemplo, un número limitado de crías usados para calcular el coeficiente de regresión. En ese caso, en posteriores instancias de estimación del valor de cría, es probable que más información esté disponible, y, por tanto, ajustar los valores con mayor precisión.

Más información normalmente significa que el coeficiente de regresión puede ser mejor determinado, y, por lo tanto, que el valor de cría puede ser estimado con mayor precisión. *¡Esto puede tener consecuencias para el tamaño de la mejor estimación, y por lo tanto para la clasificación de los animales!*

Esta es exactamente la razón por la cual el EBV, especialmente el de los animales jóvenes con poca información disponible, puede cambiar en las nuevas instancias de estimación del valor de cría. Si cambia, no se sabe en qué dirección lo hará: puede subir o bajar, ambas con la misma probabilidad.

Entonces:

Cuanto menor sea la precisión de un EBV, mayor será el riesgo de que cambie el EBV en los sucesivos cálculos cuando haya fuentes de información adicionales (por ejemplo, descendientes).

13. Capítulo 8.13: Efectos del número de descendientes en la precisión

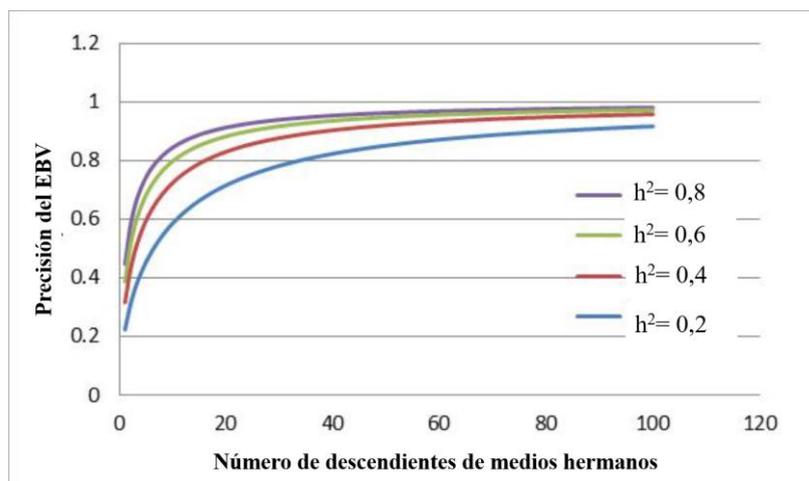


Figura 5. Relación entre número de descendientes (de medios hermanos) como fuente de información para la estimación del valor de cría, y de la precisión, para caracteres con diferente heredabilidad.

En la figura 5 se ve la relación entre el número de descendientes de medios hermanos con las observaciones para estimar el valor de cría de su progenitor, además de la precisión del EBV. Las líneas se encuentran ordenadas de acuerdo al valor de la heredabilidad. Para un carácter con heredabilidad de 0,8, es suficiente con 10 descendientes para alcanzar una precisión de 0,85, mientras que, si la heredabilidad es de 0,2, serían necesarios 48 descendientes.

Cuanta más información esté disponible, en este ejemplo muchos descendientes, mayor será la precisión del EBV. Incluso en casos de baja heredabilidad, se puede alcanzar eventualmente una precisión de 1.

Aunque para caracteres de baja heredabilidad, se necesitarían un elevado número de descendientes (situación a menudo poco realista): con una heredabilidad de 0,2 y 100 descendientes la precisión es "sólo" 91,7%, y con 200 descendientes sólo aumenta a 95,6%. Una regla general es que cuanto mayor sea la precisión del EBV, menos probable es que cambie si se añade más información (en este caso, más descendencia). Los caracteres relacionados con la fertilidad suelen tener una baja heredabilidad. Para aquellos caracteres que se seleccionan mediante Selección en Masa, la precisión del EBV será baja. Sin embargo, si un gran número de descendientes disponibles, tal es el caso de vacas lecheras (toros), cerdos (jabalíes), o aves de corral (gallinas y gallos), el EBV eventualmente puede ser estimado con mucha precisión.

Entonces:

Incluso para caracteres de baja heredabilidad, la precisión puede aumentar a 1, si la información sobre un número suficientemente grande de la descendencia está disponible.

14. Capítulo 8.14: ¿Ir por el EBV más alto o por la precisión más alta?

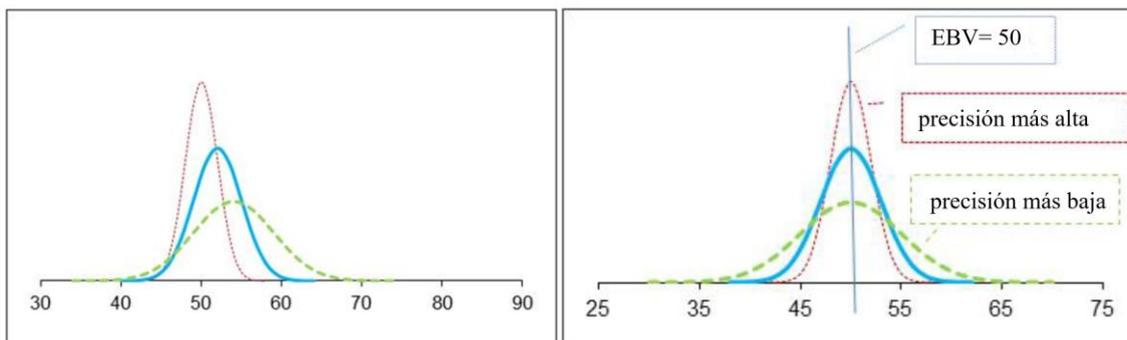


Figura 6. Efecto de diferencias de precisión para un mismo EBV (derecha) o para diferencias en EBV (izquierda).

Ahora que sabes cómo estimar el valor de cría, y sobre la influencia de la disponibilidad de fuentes de información (animales emparentados con observaciones fenotípicas) sobre la precisión del EBV. ¿Cuál es más importante? ¿Deberíamos elegir al animal con mayor EBV, o aquel cuya precisión del EBV estimado sea máxima? Para responder rápidamente: escoge el EBV más alto. Para entender por qué esto es lo mejor, es importante comprender el significado de ambos: el EBV y la precisión. Como hemos visto anteriormente, el EBV es una estimación del valor de cría (genético) del animal. Es una estimación, lo que significa que puede ser correcta, pero también errónea. Pero es importante darse cuenta de que es el la MEJOR estimación del valor de cría, el más probable, dada la información disponible sobre el propio animal (performance) o de sus parientes. La precisión del valor estimado de cría indica hasta qué punto podemos estar equivocados. Esto es ilustrado en la figura 5. En la parte superior se ve la misma figura que se utilizó anteriormente para indicar el significado de la precisión. Todas las estimaciones son del mismo EBV, pero con diferentes precisiones. En ese caso, usted seleccionaría el animal con la mayor precisión ya que todos tienen el mismo EBV. Esto es para reducir el riesgo de tomar la decisión equivocada. En la figura inferior se ven las mismas tres precisiones, pero ahora el EBV es diferente. El EBV más alto tiene la precisión más baja. Pero, aun así, se estima que es el mejor animal. ¿Existe el riesgo de que el verdadero valor de cría sea menor, pero también hay una posibilidad igual de que el verdadero valor de reproducción sea aún más alto que el EBV! En otras palabras: aunque haya inseguridad sobre el valor de la estimación, el EBV es la mejor estimación e indica el valor más probable. Un animal puede tener un EBV muy bajo con una precisión muy alta. **Por supuesto, una combinación de alto EBV y alta precisión sería óptima.** Depende del riesgo que quieras tomar y del nivel de precisión que estés dispuesto a aceptar.

Entonces:

El EBV provee la MEJOR estimación del valor de cría de un animal. La precisión indica el riesgo de diferencias entre el valor de cría verdadero y estimado, pudiendo ser el verdadero de mayor o menor valor que el estimado, con igual probabilidad.

14.1 capítulo 8.14.1: considerar el EBV y la precisión: un ejemplo de ganado lechero

La teoría puede ser más claro con un ejemplo. En la cría de ganado lechero, por ejemplo, un toro joven sólo tiene un valor de cría para la producción de leche basada en la de sus padres. Él puede tener un muy alto VEB, pero la precisión de esta estimación baja. Su padre puede tener un EBV con alta precisión, de 90% (tiene un número elevado de hijas con registros de rendimiento), de su madre sólo se tiene datos de la propia performance, y, además, se cuenta con información de algunos animales emparentados, por lo que su precisión será alrededor del 35 %.

La precisión del valor de cría de un hijo o una hija será igual a:

$$\sqrt{(0,25 * \text{fiabilidad del toro}) + (0,25 * \text{fiabilidad de la madre})}$$

Por lo tanto, la precisión del valor de cría del animal será:

$$\sqrt{(0,25 * 0,81) + (0,25 * 0,1225)} = 48 \%$$

Una razón importante por la cual este valor es menor que el promedio de ambos padres es debido al nuestro Mendeliano: sabes que el animal heredó la mitad de la genética del padre y la otra mitad de su madre. Pero no sabes qué mitad, en ninguno de ambos casos. Puede haber heredado la mejor mitad de ambos, resultando un toro mucho mejor que el esperado, o, puede haber heredado la peor parte de ambos progenitores, lo que resulta en un rendimiento muy bajo de sus hijas. De todas maneras, tendrás que esperar a sus hijas produzcan leche para hacerte una mejor idea de lo buena (o no), que es su genética. Por otro lado, se necesitará el registro de muchas hijas para poder

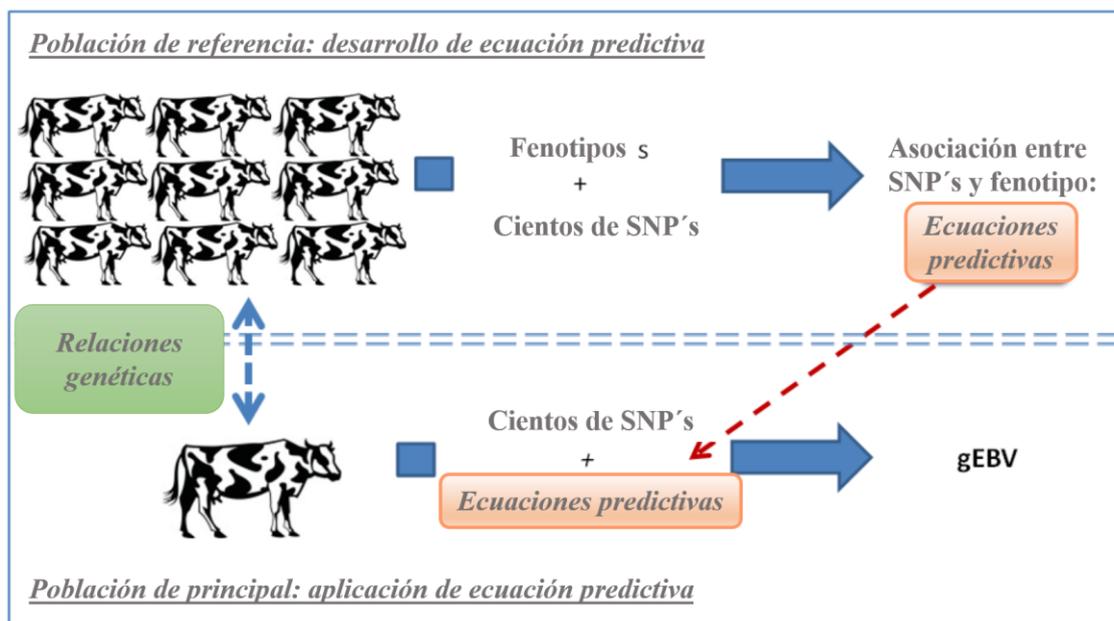
alcanzar una precisión mínima del 90 %. A pesar de esta inseguridad, se espera que el torito con el EBV más alto siga siendo en efecto, el mejor. Este ejemplo fue con ganado lechero, pero, por supuesto, exactamente lo mismo aplica para cualquier otro tipo de animal. El mensaje principal es que a pesar de saber que los padres son buenos (alta precisión de un EBV alto), la descendencia puede tener una performance diferente a la esperada debido al efecto del componente del Muestreo mendeliano.

Entonces:

La precisión del VEB de los jóvenes no es igual a la de la media de sus padres debido a la influencia relativamente grande del muestreo Mendeliano: el mejoramiento sigue siendo una apuesta hasta que se tiene información insuficiente para obtener el EBV con precisión.

15. Capítulo 8.15: La selección genómica

A partir del ejemplo anterior del EBV del torito, se hizo evidente que la precisión de su EBV permanecerá baja hasta que haya observaciones fenotípicas de las hijas del mismo. Eso toma mucho tiempo. Sería muy interesante saber si existe alguna otra alternativa para aumentar la precisión del EBV a edad muy temprana., sin tener que esperar a que las hijas nazcan y produzcan leche (ejemplo). También sería interesante tener la posibilidad de estimar valor de cría para caracteres difíciles o costosos de medir, tales como algunos relacionados con la salud o calidad de la carne, sin tener que afectar a los animales, ni incluso, sacrificarlos. Desde hace algunos años existe un método que puede hacer precisamente esto: la selección genómica.



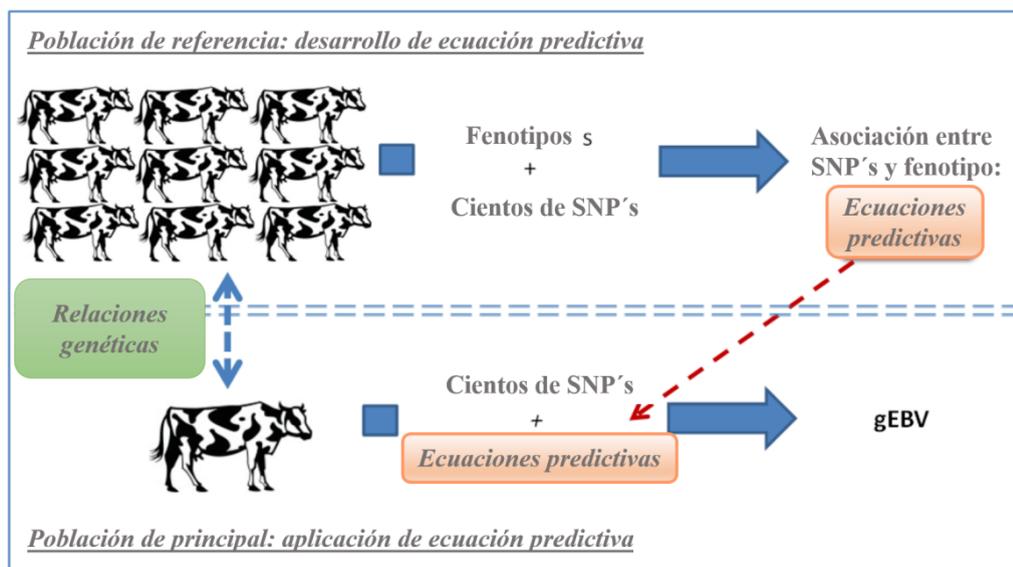
Descripción general Figura 7. Representación esquemática de la logística detrás de la selección genómica. La población de referencia proporciona la información para estimar las asociaciones entre el fenotipo y el genotipo (SNP's). Estas asociaciones se traducen en ecuaciones predictivas que se utilizan para estimar los valores genéticos genómicos (*genetic Estimated Breeding Value*, gEBV) para los animales sin fenotipo, pero genotipificados para SNP's, por fuera de la población de referencia.

Con la selección genómica es posible estimar el valor de cría de un animal con bastante precisión sin necesidad de contar con información de la propia performance, o que tenga una descendencia numerosa. La selección genómica se basa en la estimación de las asociaciones detalladas entre un numeroso conjunto de marcadores genéticos (SNP's) y fenotipos en un grupo selecto de animales. Estas asociaciones pueden ser utilizados para predecir los llamados valores genómicos (gEBV)

para los animales emparentados que han sido genotipificados para un numerosos SNP's, pero que no tienen información 'tradicional' para el cálculo más exacto del EBV, como es propia performance, o muchos descendientes con fenotipos. Con la selección genómica, el ADN del animal, proporciona, por lo tanto, información para estimar el valor de cría, sin tener que recolectar información sobre fenotipo del mismo animal, o animales emparentados.

15.1. Capítulo 8.15.1: Principio de la selección genómica

En la figura 7 se ilustra el principio general de la selección genómica. En primer lugar, una gran cantidad de información debe ser recopilada en un grupo selecto de los animales: denominada la población de referencia. Todos los animales en esta población de referencia están genotipificados para un numerosos SNP's están bien distribuidos a lo largo del genoma. ¿Cuántos SNP's? Es un tema que sigue siendo objeto de debate, aunque al menos varios miles (por ejemplo, 60000). El genotipificado de más de SNP's es más costoso, pero dará lugar a una estimación más precisa entre asociación genotipo (SNP)/fenotipo (es decir, los efectos de los SNP's). También es aún objeto de debate cual sería el número óptimo de los animales en la población de referencia. El fenotipado y genotipificado detallado de una población muy numerosa de los animales de la población de referencia es muy costoso. Pero una población más grande también permite estimaciones más precisas de los efectos de los SNP's. Al igual que muchos aspectos en el mejoramiento genético de animales, la elección del tamaño de la población de referencia y el número de SNP's será una cuestión de análisis de costo-beneficio.



Dados los fenotipos y genotipos de la población de referencia, se estiman las asociaciones entre genotipo y fenotipo para cada uno de los marcadores genéticos. Posteriormente, los efectos estimados son combinados en las *ecuaciones predictivas*. Estos son sólo sumas (¡los efectos estimados de los SNP's son aditivos!) del efecto del primer SNP + el efecto del segundo SNP + ... + efecto del último SNP, por lo que el resultado final es la suma de todos los efectos estimados de cada uno de los marcadores genéticos. Debido a que cada SNP tiene 2 alelos, para cada SNP hay 3 posibles genotipos. Las ecuaciones de predicción se establecen de tal manera que para cada SNP se estiman los efectos de todos los genotipos que están presentes en la población de referencia. Esta es una de las razones por las que necesita una gran población de referencia: para estimar todos estos efectos SNP con precisión, es necesario que cada genotipo esté representado por un número suficientemente grande de animales. Ahora tenemos un conjunto de ecuaciones con el efecto estimado de los SNP's. El valor genético de los animales fuera de la población de referencia ahora se puede estimar mediante la aplicación de estas ecuaciones, de acuerdo al genotipo. Los valores

de cría, basados solamente en información genómica, se conocen como gEBV, o *genomic Estimated Breeding Value*.

Entonces:

La selección genómica se basa en la estimación de asociaciones detalladas entre un conjunto muy grande de marcadores genéticos (SNP's) y fenotipos, en un grupo selecto de animales: la población de referencia.

*Las ecuaciones de predicción resultantes se aplican entonces a los genotipos SNP's del resto de la población para estimar su valor de cría genómico (gEBV, o *genomic Estimated Breeding Value*), sin necesidad de fenotipos adicionales*

15.2. Capítulo 8.15.2: Composición de la población de referencia

Aparte de un tamaño de población de referencia suficientemente grande, también es importante que la población de referencia se relacione con la población principal, para asegurarnos que también existen las asociaciones estimadas entre SNP y los fenotipos en la población principal. Cuanto menor sea la relación genética entre la población de referencia y la población principal, las asociaciones en la población principal serán diferentes debido a la recombinación entre el SNP y los genes que determinan efectos en el fenotipo. También, aun con una escasa relación genética entre ambas poblaciones, existen aún asociaciones, debido a que los animales de la población de referencia y la principal son de la misma raza. De todas maneras, cuanto más cercanas sean las poblaciones, mejor será la estimación de las asociaciones, y por lo tanto del gEBV.

Entonces:

La relación genética entre la población de referencia y la población principal influye en la exactitud de selección genómica. Las asociaciones entre el SNP y el fenotipo pueden perderse a través de las generaciones.

La necesidad de relaciones genéticas entre la población de referencia y principal es el motivo de una vida de trabajo restringida de la población de referencia. La precisión de las asociaciones estimadas entre el fenotipo y el SNP se reduce a través de generaciones. La razón principal es la recombinación entre los genes que afectan el fenotipo y el SNP. Cuanto más SNP's que se utilicen en el genotipado de la población de referencia, mayor su vida útil. Pero el vínculo entre SNP y los genes se reducirá a través de las generaciones. La única solución es actualizar la población de referencia. Todavía no está claro cuál sería la mejor estrategia para aumentar la vida útil de una población de referencia. ¿Deberíamos arrancar con una población de referencia relativamente grande? ¿O será mejor empezar con pocos, e ir agregando animales en cada generación? ¿Y cuantos animales? Queda claro que a pesar de que la población de referencia sea muy grande, sigue siendo esencial añadir nuevos animales en forma periódica para actualizar las asociaciones estimadas de los SNP's.

Entonces:

La población de referencia necesita ser actualizada regularmente para mantener la asociación entre el SNP y el fenotipo.

15.3. Capítulo 8.15.3: La precisión de la selección genómica

La precisión de un valor estimado de cría depende de 3 factores: de la heredabilidad (h^2) del carácter, del número de animales (N) en la población de referencia, y un parámetro llamado q . El q es un parámetro específico de la población y el carácter, que combina la información a lo largo del genoma con el nivel de endogamia para un carácter en dicha población.

Es una estimación del número de segmentos cromosómicos independientes. Los SNP's que están muy cercanos sobre un cromosoma, se heredan conjuntamente, sin recombinación entre ellos. Cuanto más apartes dos SNP's estén entre sí, mayor es la probabilidad de un evento de recombinación entre ellos.

A mayores niveles de endogamia, mayor es la homocigosis a lo largo del genoma, y, por lo tanto,

ante la mínima recombinación, resultará en la combinación de alelos de SNP.

Un segmento independiente es una medida de la probabilidad de que habrá recombinación que dará como resultado diferentes combinaciones de alelos. Cuanto más largo el genoma, más segmentos cromosómicos independientes habrá. Esta es una historia complicada. Por ahora es suficiente con recordar que q es específico para una población y puede tener diferentes valores para diferentes caracteres. Mayores detalles van más allá del alcance de este curso. Mediante la siguiente fórmula, se puede calcular la precisión de la selección genómica:

$$r_{IH} = \sqrt{\frac{Nh^2}{Nh^2+q}}$$

Entonces:

La precisión de la selección genómica depende de la heredabilidad, el número de animales en la población de referencia, y un parámetro de población, “q”, que refleja la relación entre el tamaño del genoma y el nivel de endogamia.

15.4. Capítulo 8.15.4: El tamaño de la población de referencia

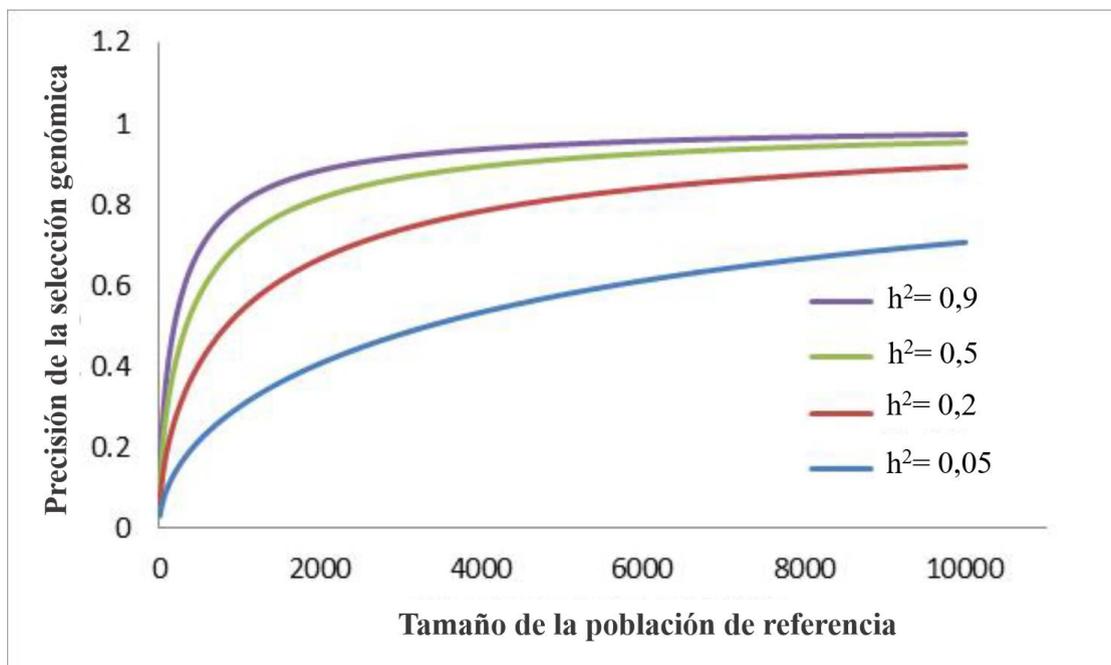


Figura 8. Relación entre el número de animales en la población de referencia y la precisión de la selección genómica para caracteres con diferente heredabilidad.

En la figura 8 se ve como aumenta la precisión cuando aumenta el tamaño de la población de referencia para 4 heredabilidades diferentes, asumiendo un valor de $q=500$ y que los gEBV se estiman utilizando sólo la información genómica. La línea superior representa el carácter de mayor heredabilidad (0,9), y la línea inferior, al de menor heredabilidad (0,05). Para lograr el mismo nivel de precisión, ante una disminución de la heredabilidad, se requiere un gran aumento en el tamaño de la población de referencia. Por ejemplo, para lograr una precisión de 0,6, son necesarios 5630 animales si se trata de un carácter de heredabilidad baja (0,05), mientras que sólo son necesarios 320 animales si la heredabilidad del carácter es de 0,9.

Esto demuestra que, a pesar de que la selección genómica es una herramienta muy útil, no es factible para poblaciones pequeñas, y sobre todo, para caracteres de baja heredabilidad. Como solución potencial, las poblaciones (libros genealógicos) podrían combinar esfuerzos en la

composición de una población de referencia, de modo que puedan compartir los costos, y, además, los beneficios. Esta es una práctica corriente en la cría de ganado lechero, donde una serie de organizaciones internacionales de cría comparten una población de referencia. No hay ningún ejemplo de que poblaciones de referencia de diferentes razas se combinen. Teóricamente, esto parece ser efectivo sólo cuando el número de SNP's es muy elevado.

Entonces:

El tamaño de la población de referencia puede ser un factor a imitar para lograr un gEBV preciso. La solución puede ser combinar fuerzas a través de las asociaciones de mejoramiento.

Además de poder tener un valor de cría estimado con precisión a edades tempranas, la selección genómica es especialmente útil para la selección de caracteres que son costosos de medir con precisión, porque sólo un número acotado de fenotipos son suficientes para mejorar el EBV de muchos animales. Aunque la selección genómica permite la selección sin información fenotípica del propio animal o de un pariente cercano, la precisión de la selección todavía está determinado por la precisión del registro del fenotipo. Especialmente en la población de referencia, el registro de los fenotipos debe hacerse con la mayor precisión posible porque esos fenotipos se utilizan para seleccionar animales de una población a través de las asociaciones con los SNP's. Los fenotipos registrados de manera inexacta resultan en estimaciones subóptimas de asociación entre SNP y fenotipos, y, por lo tanto, en un gEBV subóptimo. Recordar que, el efecto de observaciones inexactas se refleja directamente en el valor de la heredabilidad, y dicho efecto se ilustra en la figura 8.

Es posible combinar estimación del valor genético genómico y el convencional. La información fenotípica del animal o sus parientes se sumará a la precisión de la gEBV. Los detalles de cómo suma precisión la combinación de ambos métodos escapa al alcance de este curso.

16. Capítulo 8.16: Aspectos clave en la clasificación de los animales

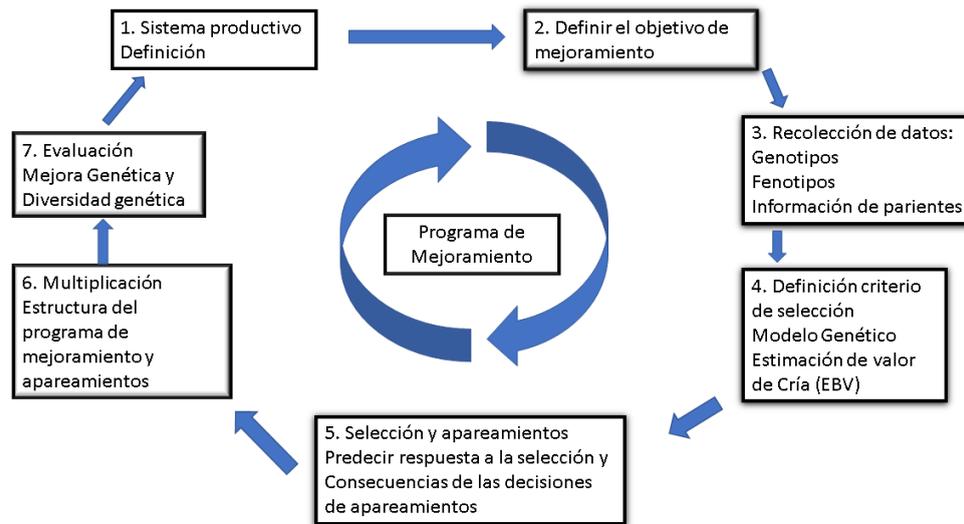
1. La estimación de los valores genéticos proporciona estimaciones del potencial genético de los animales e indican su valor potencial como padres.
2. Los valores genéticos estimados se basan en una regresión de la información genotípica en el fenotipo.
 - a. Cuanto mejor es la calidad de la información fenotípica y precisión del coeficiente de regresión, mejor será el valor estimado de cría.
 - b. La precisión del valor genético estimado indica qué tan probable es que la estimación del valor genético se parezca al verdadero valor genético
3. La selección en masa implica la clasificación de los animales en función de su propia performance
 - a. observaciones repetidas se suman a la precisión de la selección en masa.
4. El Modelo Animal permite la incorporación de información sobre parientes en la estimación de los valores de cría.
 - a. A menudo BLUP se utiliza para las estimaciones. Combina información sobre familiares y permite la limpieza de los datos fenotípicos de efectos sistemáticos.
 - b. La precisión de la información de parientes depende de la heredabilidad y el número de familiares. En caso de información de hermanos, la presencia de un efecto ambiental común puede reducir la precisión de los valores genéticos estimados.
5. La selección genómica combina fenotipos y genotipos de SNP's en una amplia población de referencia, y los usos de las asociaciones resultantes para estimar los valores de cría para otros animales con genotipos SNP.
 - a. Permite EBV precisos a muy temprana edad.
 - b. Es útil para fenotipos que son difíciles o costosos de medir
 - c. La población de referencia tiene que ser de tamaño suficientemente grande y requiere una actualización periódica.

Capítulo 9: La predicción de respuesta a la selección

Tabla de contenido

- 1 Capítulo 9.1: Respuesta a la selección: una visión general
- 2 Capítulo 9.2: Cría se trata de predecir el futuro
- 3 Capítulo 9.3: La respuesta genética: el principio básico
- 4 Capítulo 9.4: Respuesta a la selección en masa
- 5 Capítulo 9.5: proporción y la selección seleccionada intensidad
- 5.1 Capítulo 9.5.1: Apéndice: de proporción seleccionada a la intensidad de selección
- 6 Capítulo 9.6: Respuesta a la selección: el enfoque generalizado.
- 6.1 Capítulo 9.6.1: Un ejemplo: el caballo árabe
- 6.2 Capítulo 9.6.2: Un ejemplo: la cría de conejo
- 7 Capítulo 9.7: Intervalo Generacional
- 8 Capítulo 9.8: Optimización de la ganancia genética
- 9 Capítulo 9.9: Rutas de la selección
- 9.1 Capítulo 9.9.1: Un ejemplo: cría de ganado vacuno
- 10 Capítulo 9.10: Más rutas detalladas de selección
- 10.1 Capítulo 9.10.1: Un ejemplo: la cría de ganado lechero
- 11 Capítulo 9.11: Intensidad de la selección y la tasa de endogamia
- 11.1 Capítulo 9.11.1: Caso especial: la selección indirecta.
- 12 Capítulo 9.12: Aspectos prácticos de la predicción de la respuesta a la selección
- 13 Capítulo 9.13: Cuestiones clave sobre la predicción de la respuesta a la selección

Ahora que tenemos las herramientas para clasificar a los animales de acuerdo con la mejor estimación de su potencial genético, estamos listos para empezar a seleccionar los mejores animales para la cría. Inmediatamente, nuevas preguntas van en aumento, debido a la cantidad de animales debemos seleccionar ¿Cuáles son las consecuencias si seleccionamos más o menos animales? ¿Y por cuánto tiempo debe un animal de cría estar en servicio? ¿Hay que diferenciar entre los padres que crían a la próxima generación de los padres que se reproducen para generar los nuevos padres? En este capítulo serán presentadas las herramientas para responder a estas preguntas. También aprenderá que las decisiones de selección a menudo son dirigidas por limitaciones prácticas.



Si nos fijamos en el diagrama de nuevo con las etapas involucradas en el círculo programa de cría y mejora, a continuación, se ha pasado de la etapa de la determinación de los criterios de selección a la etapa de selección real y apareamientos. En este capítulo nos concentraremos en las consecuencias de las decisiones de selección mediante la predicción de la respuesta a la selección. El apareamiento será objeto del siguiente capítulo.

1. Capítulo 9.1: Respuesta a la selección: una visión general

Se requieren varios pasos para lograr la respuesta a la selección, y por lo tanto para hacer progreso o mejora genética. **En primer lugar, los animales deben ser clasificados en orden de su potencial genético predicho.** Cómo obtener las estimaciones más precisas del potencial genético (VC) fue tema del capítulo anterior. Ahora que los animales pueden ser clasificados, el siguiente paso es seleccionar el mejor para la cría. El éxito de las decisiones de selección depende de varios factores:

1. ¿Cuán heredable es el rasgo objetivo de selección (es decir, el rasgo objetivo en la selección)?
2. ¿Cuánta variación genética para ese rasgo es que hay en la población?
3. ¿Cuál es la precisión media de la VC O EBV, y por lo tanto cuál es la exactitud de la selección?
4. ¿Qué proporción de los animales serán seleccionados para la cría?
5. En caso de ganancia genética o progreso genético será expresado por año, en lugar de por generación: ¿cuánto tiempo es una generación en cada especie?

La heredabilidad y la varianza genética son parámetros genéticos de la población y no pueden ser modificados por el criador. Esto es suponiendo que los fenotipos que se recogieron para la estimación de la heredabilidad fueron bien registrados y medidos, y no hubo errores en el registro del pedigrí.

Un factor que puede ser influenciado por el criador es la precisión de la selección. Si un número de hijos o descendiente es suficientemente alto para estimar el VC, a continuación, la precisión será mayor que si sólo el registro del fenotipo de un par de hermanos está disponible. Sin embargo, un inconveniente de esperar a que muchos descendientes nazcan antes de seleccionar los animales, es que se tarda mucho tiempo antes para recolectar información suficiente.

En la Figura 1 está la ilustración de una población clasificada de acuerdo con su fenotipo para un cierto rasgo. La mayoría de los animales tienen un fenotipo promedio, pocos están obteniendo muy bajo, y pocos están obteniendo muy alto. Después de la clasificación y el orden de mérito, se puede seleccionar los mejores animales. El tamaño de la proporción de la población que será seleccionado dependerá de la cantidad de los animales disponibles en la población de cría. La proporción seleccionada es el factor que es más fácil de influenciar. Una proporción baja elegida daña resultados proporción en respuesta genética más grande debido a que los animales seleccionados serán más superior que con una proporción seleccionada más grande.

Sin embargo, la proporción seleccionada no puede ser ilimitadamente pequeña por dos razones principales: en primer lugar, la intención es la de mantener el tamaño de la población. Así que, si se seleccionan unos cuantos animales, estos deben ser capaces de producir suficiente número de crías para reemplazar toda la generación de los animales. Especialmente en las hembras el número de crías que cada una tiene puede ser un factor limitante. En segundo lugar, algunos animales son seleccionados como padres y dan un gran número de descendientes, los resultados son que muchos animales estarán emparentados en la siguiente generación, y por lo tanto podría ocasionar una tasa de endogamia que puede exceder el límite de 0,5 a 1% según lo aconsejado por la FAO.

A pesar de que se incrementa el progreso genético por generación, el progreso genético al año no aumenta o incluso disminuye. En otras palabras: hay un equilibrio entre el aumento de la precisión de la selección y el tiempo necesario para conseguir la información para lograr la mayor ganancia genética por año.

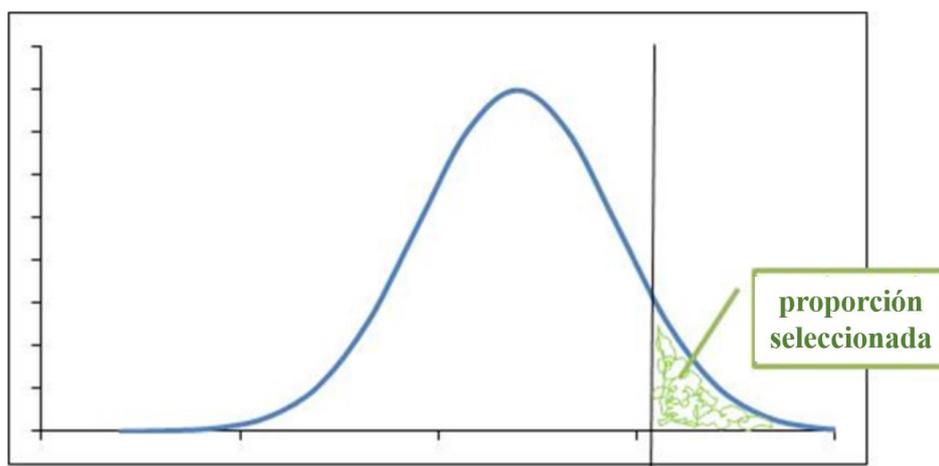


Figura 1. Ilustración de una población con los mejores animales fracción seleccionada. En eje de las y-está la frecuencia de animales con ese fenotipo, y en el x-está el caracter en estudio.

Así:

Para optimizar el éxito de un programa de cría es importante equilibrar las decisiones relativamente a corto plazo: adquirir una alta ganancia genética, y el mantenimiento a largo plazo de la población: controlar la tasa de consanguinidad.

2. Capítulo 9.2: Cría y mejoramiento se tratan de predecir el futuro

La cría y el mejoramiento siempre están orientados hacia el futuro. Las decisiones que tomen hoy influirán en las futuras generaciones. El objetivo de selección que haya definido indica lo que cree que será importante en el futuro de sus animales. Usted habrá analizado el mercado y tendrá una idea acerca de lo que los clientes demanden ahora y en futuro. ¿Principalmente leche ó mantequilla ó queso? ¿Chuletas de cerdo o jamón o tocino? ¿Carne de la pechuga o piernas o canales completos? ¿Caballos de deporte de clase o caballos de recreo? También tiene una idea acerca de cómo se desarrollará el mercado en tamaño: ¿va a crecer o reducirse? ¿Es este un desarrollo temporal o de largo plazo? ¿Es su intención querer aumentar sus animales de cría de población, o sólo para venta? ¿Estará el mercado a nivel nacional al mismo nivel que el internacional? Finalmente, usted tiene una idea acerca de la evolución prevista en los sistemas y normas de producción. ¿Cuáles son los nuevos desarrollos relacionados con los sistemas de alojamiento, alimentación, etc.? y en cómo se espera que influyan en el rendimiento de sus animales Hay anunciado nuevas regulaciones del gobierno o a nivel internacional, que podrían limitar su sistema de producción actual? En ese caso, ¿hay que anticiparse a estos cambios próximos?

Definir y actualizar su objetivo de selección es una parte muy importante del éxito potencial de su programa de cría y mejoramiento animal. Es importante tener en cuenta que las decisiones se hacen hoy en día, sólo comenzarán a mostrarse después del nacimiento de los descendientes nazcan y empiecen a producir. Y, dependiendo de la especie, pueden ser años a partir de ahora. Verdadero efecto de sus decisiones sólo se mostrará después de un número de generaciones. El objetivo de selección tiene como objetivo el futuro, y con frecuencia se define por un período de 10 a 15 años.

Así:

La cría y mejoramiento animal consisten en predecir el futuro. Todos los desarrollos esperados en el mercado y las circunstancias de producción juegan un papel en cómo se verá el futuro. Todo debe ser anticipado cuando se define el objetivo de la selección.

Dado el objetivo de selección, se tendrá que decidir sobre el número de animales que tendrá que seleccionar para la cría, y el número de crías que estos padres seleccionados producirán. La estrategia de selección de su elección le permite predecir el comportamiento de las crías. Los resultados pueden sugerir algunos cambios en la estrategia. Por lo tanto, es importante para predecir los resultados de antemano, de modo que se pueden hacer ajustes si es necesario. Eso es lo que nos centraremos en este capítulo: cómo predecir el rendimiento en la descendencia, ¿cómo se puede mejorar esa predicción, y cuáles son las consecuencias de las decisiones de selección.

3. Capítulo 9.3: la respuesta genética: el principio básico

La cría y mejoramiento animal se basan en la selección de los mejores animales para la cría. El éxito del mejoramiento, depende de decisiones que pueden ser evaluadas en la siguiente generación. Los animales en las próximas generaciones animales superarán a la generación actual, si los animales en la próxima generación “en promedio” son genéticamente superiores a los de la generación actual. ¿Por qué en promedio? Porque a pesar de que haya seleccionado los mejores animales como los padres, en sus crías se combinan la genética de ambos padres. Algunas de estas combinaciones será aún mejor que la de los padres individuales: superan a los padres. Otros, sin embargo, habrán recibido una combinación de la genética de ambos padres, que sea de menor calidad que la de los padres individuales. Será inferior a la de los padres. Esta variación en el rendimiento es el resultado de lo que se denomina nuestro mendeliano: cada descendiente recibe la mitad de la genética de cada progenitor, pero cada uno tendrá una combinación diferente de cromosomas que también han recombinado en el proceso de producción de gametas (meiosis). Estas son una importante fuente de mantenimiento de la variación genética en una población.

Regresando a la predicción de la respuesta a la selección genética, en la figura 2 se ve el proceso de selección y la respuesta en una visión esquemática. Las dos distribuciones normales representan dos generaciones. La distribución de la parte superior es la generación de los padres. Los mejores animales son seleccionados para la cría. Los otros animales no se reproducen dentro del programa de mejoramiento. Los padres seleccionados se desempeñan mejor que la media de la población. El tamaño de la diferencia en el rendimiento entre los padres y la población total (es decir, la superioridad de los padres) se llama la Diferencial de Selección, abreviado como S ó DS en otros libros. Obsérvese que 'rendimiento' en este caso indica el criterio de selección. Ese podría ser el fenotipo (la selección en masa) o el VC. Los padres seleccionados producen la próxima generación (distribución inferior). Esta generación, en promedio, se obtienen mejores resultados que la generación anterior. La diferencia en el rendimiento promedio entre ambas generaciones se llama el Respuesta a la Selección, abreviado como R ó Progreso Genético en otros libros. En general, la generación de descendencia no funcionará tan bien como el promedio de los padres. ¿Por qué es eso? Debido a que la selección no se basó en el verdadero potencial genético Valor cría o VC de los animales, sino en una estimación del VC. Depende de la **calidad de la estimación** de qué tan grande es la diferencia entre el diferencial de selección y la respuesta a la selección. **Cuanto mejor sea la estimación, más cerca el rendimiento de la descendencia será el rendimiento de los padres seleccionados.** Sin embargo, cuánto más pobre o poco precisa sea la estimación del VC, peores serán las decisiones de selección, y esto se debe a que los animales mejores genéticamente no han sido reconocidos como tales. Esto resulta en ganancia genética o progreso genético inferior. Tenga en cuenta que la falta de precisión del VC, casi nunca se traduce en una respuesta a la selección mayor que el diferencial de selección. La única situación en la que esto puede ocurrir es en el caso de los cruzamientos (ver ese capítulo para una explicación más detallada).

Con la selección dentro de la población objetivo es seleccionar los mejores animales muy como padres. Cualquier inexactitud conducirán a un resultado (descendencia) cuyo rendimiento será menor, no mejor, de lo esperado.

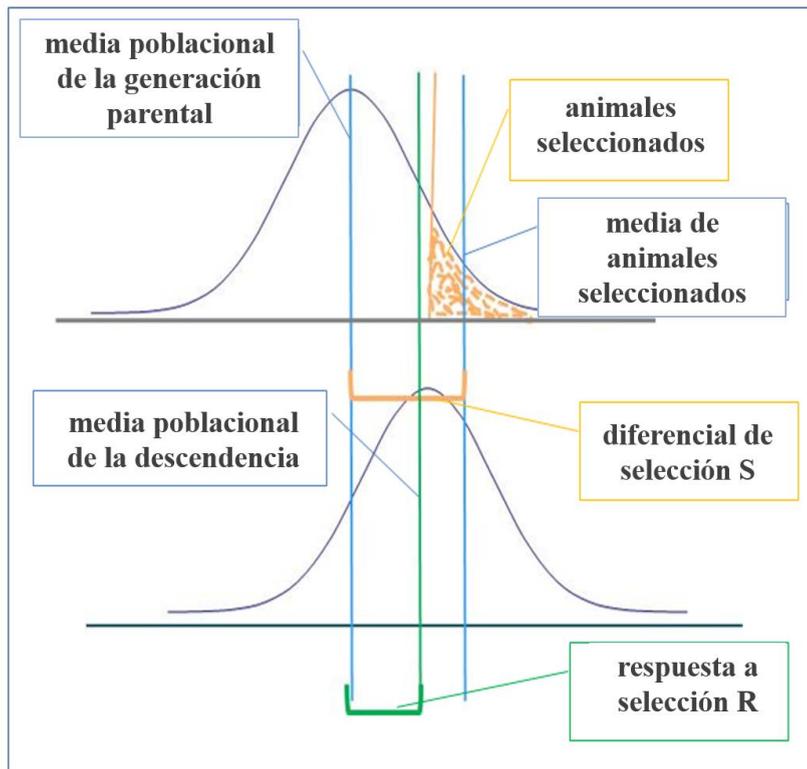


Figura 2. Esquema de principio de la selección y la respuesta a la selección

Así:

La predicción de la ganancia genética se trata de predecir el futuro: ¿cuánto mejor se desempeñará la descendencia en comparación con la generación actual.

La superioridad de los padres seleccionados en comparación con su generación se llama el diferencial de selección (S o DS)

La superioridad de la descendencia en comparación con sus padres se llama respuesta de selección o progreso genético (R o PG).

4. Capítulo 9.4: Respuesta a la selección en masa

La selección en masa es el tipo más elemental de selección: se basa sólo en los fenotipos observados. La variación entre los animales está representada por la variación fenotípica. El diferencial de selección S ó DS sería la diferencia en el rendimiento promedio de la población y de los padres seleccionados. Estamos interesados en la respuesta genética, por lo que necesitamos para traducir la diferencia en el fenotipo a diferencia de genotipo. ***Para lograr esto, podemos escalar el resultado con la heredabilidad, debido a que la heredabilidad indica qué proporción de la variación fenotípica se puede atribuir a la variación genética.*** El resultado de esta escala daría la respuesta esperada a la selección genética en la generación descendencia. En la fórmula será similar a:

$$\begin{aligned} \text{PG o R} &= (\bar{P}_{\text{padres seleccionados}} - \bar{P}_{\text{generación parental}}) * h^2 \\ \text{PG o R} &= S * h^2 \end{aligned}$$

Dada una estrategia de selección, la respuesta a la selección provoca un cambio en el potencial genético, también llamado ganancia genética, indicado mediante:

Para la selección masiva respuesta a la selección es igual a la ganancia genética. por tanto, la ecuación se convierte en:

$$\Delta G = (\bar{P}_{\text{padres seleccionados}} - \bar{P}_{\text{generación parental}}) * h^2$$

Tenga en cuenta que esta fórmula es muy similar a la de la estimación del valor de cría (VB, o EBV) usando la selección en masa:

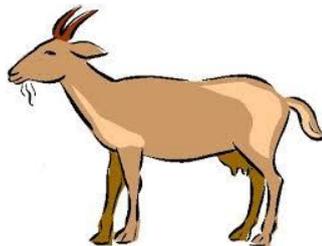
$$\text{EBV}_{\text{selección en masa}} = (P - \bar{P}) * h^2$$

De hecho, la estimación de la ganancia o progreso genético es lo mismo que estimar el promedio del valor de cría (EBV) de los padres, es decir, cuanto mejor se espera que sea la performance de la descendencia respecto del promedio de la generación parental.

¿Cómo funciona esto en la práctica? Por ejemplo, se está manejando una población de cabras y Ud. desea aumentar el peso corporal adulto. Sus cabras adultas tienen un peso promedio de 50 kg. Ha seleccionado un número de machos y hembras que en promedio pesan 55 kg (ignorar por ahora el hecho de que los machos son más pesados que las hembras). La heredabilidad del peso corporal adulto en su población de cabras es de 0,42. ¿Quieres saber, dada su decisión de selección actual, cuanto pesarán sus cabras en promedio en la próxima generación?

Si hacemos los cálculos: $S = 55 - 50 = 5$ kg, y su $\Delta G = 5 \times 0,42 = 2,1$ kg.

Por lo que espera que su próxima generación sea 2,1 kg más pesada que la actual generación: Se pesarán en promedio $50 + 2,1 = 52,1$ kg.



Un supuesto importante en la evaluación del progreso genético predicho, es que las influencias ambientales no van a cambiar de generación en generación. Siguiendo el ejemplo de las cabras: Se espera que la próxima generación pese 52,1 kg, siempre y cuando no se modifiquen las

influencias ambientales. Por supuesto, esto no puede ser cierto, porque no tenemos una idea exacta acerca de cuáles serán las influencias ambientales en la próxima generación. Por lo tanto, suponemos que no cambian.

Así:

Un supuesto importante en la evaluación de las predicciones de la ganancia genética: las influencias ambientales se mantienen constantes a través de las generaciones.

5. Capítulo 9.5: Selección de la proporción y la selección de intensidad

La mayor o menor ganancia genética depende del tamaño del diferencial de selección (es decir, cuánto mayor es la media del grupo seleccionado que la del promedio de los padres). Esto puede ser influenciada por tres factores principales.

1. En primer lugar: si hay una gran cantidad de variación (σ^2) en la población, entonces es más fácil encontrar animales cuyo registro fenotípico es mucho mejor que el promedio, en comparación a cuando hay poca variación en la población. Esto se ilustra en la figura superior en la figura 3.
2. En segundo lugar, ¿qué proporción (p) de la población está utilizando para la cría? En una gran proporción utilizada para mejoramiento, los padres no son mucho mejores que la media de la población. Cuanto mayor sea la proporción seleccionada, menos superiores serán los padres con respecto al promedio. Esto se ilustra en la parte inferior de la figura 3. Una pequeña proporción seleccionada dará lugar a padres más superiores, comparado con una proporción mayor de selección.
3. En tercer lugar, la exactitud (r_{IH}) de la selección: ¿Cuán seguro estamos de que hemos seleccionado los mejores animales genéticamente?

La proporción seleccionada por sí solo un buen predictor de cuan buenos son los padres seleccionados respecto al promedio de la población. Se necesita evaluar en combinación con el tamaño de la variación. Una manera de hacer eso es expresando la media de la proporción seleccionada en unidades de variación: la desviación estándar. Como se describe en el capítulo sobre introducción a la estadística, la distribución normal se puede dividir en las desviaciones estándar de acuerdo con un patrón fijo, de manera que 68% de las observaciones yace entre más/menos una desviación estándar alrededor de la media, 95% entre más/menos dos desviaciones estándar, y el 99,7% entre más/menos tres desviaciones estándar.

Muchos fenotipos tienden a tener una distribución normal en la población. Un valor fenotípico de este modo se puede expresar como tantas desviaciones estándar de la media.

Podemos utilizar la proporción seleccionada de animales y usar las propiedades de la distribución normal para determinar la media de los animales del grupo seleccionado, expresado como la desviación estándar fenotípica: la intensidad de selección.

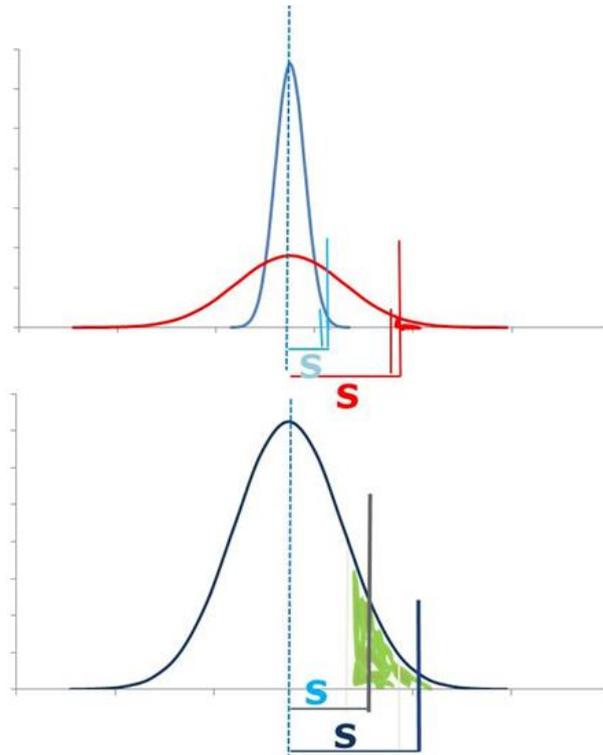


Figura 3. Ilustración del efecto del tamaño de los rendimientos posibles para los criterios de selección (figura superior) y proporción seleccionada (figura inferior) en el tamaño del diferencial de selección.

Así:

La ganancia genética está determinada por tres factores principales: la varianza fenotípica, la precisión de la selección y la proporción del grupo seleccionado.

La intensidad de selección se abrevia como fórmula:

$$i = S \text{ ó } DS / \sigma_P (\text{Var fenotípica})$$

entonces

$$S = i \times \sigma_P$$

En resumen: la proporción seleccionada, en combinación con la variación fenotípica, es suficiente para predecir el rendimiento promedio de los padres seleccionados.

Así:

La intensidad de selección representa la media de la proporción seleccionada expresadas en las desviaciones estándar fenotípicas.

En el capítulo 9.5.1 se encuentra una mesa donde se puede mirar hacia arriba por cualquier proporción seleccionada dada. Esta tabla es válida para la selección en cualquier rasgo que se distribuye normalmente, por lo que no es específico para un rasgo o una población.

5.1 Capítulo 9.5.1: Apéndice: de proporción seleccionada a la intensidad de selección

Tabla de proporciones seleccionadas traducidas a intensidades de selección. En la tabla de p% es la proporción seleccionada en porcentajes, e "i" es la intensidad de selección correspondiente. Para proporciones seleccionadas entre los valores mencionados en la tabla, tomar la aproximación lineal de i. Para proporciones seleccionadas de más de 50%, tomar la i para (1-p) y

se multiplican que i por $(1-p) / p$. La tabla es una versión simplificada de la tabla publicada en Falconer y Mackay, 1987.

| p% | i | p% | i | p% | i |
|-----------|----------|-----------|----------|-----------|----------|
| 0.01 | 3.960 | 1.0 | 2.665 | 10 | 1.755 |
| 0.02 | 3.790 | 1.2 | 2.603 | 11 | 1.709 |
| 0.03 | 3.687 | 1.4 | 2.549 | 12 | 1.667 |
| 0.04 | 3.613 | 1.6 | 2.502 | 13 | 1.627 |
| 0.05 | 3.554 | 1.8 | 2.459 | 14 | 1.590 |
| 0.06 | 3.507 | 2.0 | 2.421 | 15 | 1.554 |
| 0.07 | 3.464 | 2.2 | 2.386 | 16 | 1.521 |
| 0.08 | 3.429 | 2.4 | 2.353 | 17 | 1.489 |
| 0.09 | 3.397 | 2.6 | 2.323 | 18 | 1.458 |
| 0.10 | 3.367 | 2.8 | 2.295 | 19 | 1.428 |
| 0.11 | | 3.0 | 2.268 | 20 | 1.400 |
| 0.12 | 3.317 | 3.2 | 2.243 | 21 | 1.372 |
| 0.14 | 3.273 | 3.4 | 2.219 | 22 | 1.346 |
| 0.16 | 3.234 | 3.6 | 2.197 | 23 | 1.320 |
| 0.18 | 3.201 | 3.8 | 2.175 | 24 | 1.295 |
| 0.20 | 3.170 | 4.0 | 2.154 | 25 | 1.271 |
| 0.22 | 3.142 | 4.2 | 2.135 | 26 | 1.248 |
| 0.24 | 3.117 | 4.4 | 2.116 | 27 | 1.225 |
| 0.26 | 3.093 | 4.6 | 2.097 | 28 | 1.202 |
| 0.28 | 3.070 | 4.8 | 2.080 | 29 | 1.280 |
| 0.30 | 3.050 | 5.0 | 2.063 | 30 | 1.259 |
| 0.32 | 3.030 | | | 31 | 1.138 |
| 0.34 | 3.012 | 5.5 | 2.203 | 32 | 1.118 |
| 0.36 | 2.994 | 6.0 | 1.985 | 33 | 1.097 |
| 0.38 | 2.978 | 6.5 | 1.951 | 34 | 1.078 |
| 0.40 | 2.962 | 7.0 | 1.918 | 35 | 1.058 |
| 0.42 | 2.947 | 7.5 | 1.887 | 36 | 1.039 |
| 0.44 | 2.932 | 8.0 | 1.858 | 37 | 1.020 |
| 0.46 | 2.918 | 8.5 | 1.831 | 38 | 1.002 |
| 0.48 | 2.905 | 9.0 | 1.804 | 39 | 0.984 |
| 0.50 | 2.892 | 9.5 | 1.779 | 40 | 0.966 |
| | | 10.0 | 1.755 | 41 | 0.948 |

| p% | i | p% | i | p% | i |
|-----------|----------|-----------|----------|-----------|----------|
| 0.55 | 2,862 | | | 42 | 0,931 |
| 0.60 | 2,834 | | | 43 | 0,913 |
| 0.65 | 2,808 | | | 44 | 0,896 |
| 0.70 | 2,784 | | | 45 | 0,880 |
| 0.75 | 2,761 | | | 46 | 0,863 |
| 0.80 | 2,740 | | | 47 | 0,846 |
| | 2,720 | | | 48 | 0,830 |
| 0.90 | 2,701 | | | 49 | 0,814 |
| 0.95 | 2,683 | | | 50 | 0,798 |

6. Capítulo 9.6: Respuesta a la selección: el enfoque generalizado

El conocimiento de la variación fenotípica y la proporción de individuos seleccionados nos permite determinar la superioridad de los padres seleccionados (cuánto mejor que el promedio de los padres son seleccionados). Esto se basa en la variación y sólo la proporción seleccionada, por lo que antes se deben haber identificado a los animales de la población. ¡Esto es muy conveniente! Podemos utilizar esta información para predecir la respuesta a la selección genética, dada una cierta proporción.

Esta respuesta puede entonces ser evaluada, y, si se desea, en comparación con resultados de la selección predicha cuando se utiliza una mayor o menor proporción seleccionada. La intensidad de la selección es una herramienta importante en el proceso de toma de decisiones.

Aparte de la proporción seleccionada, y la variación fenotípica, lo que falta para predecir la respuesta a la selección, o la ganancia genética, es la traducción del fenotipo en una estimación del potencial genético (VC estimado). Necesitamos saber cómo es de exacta la estimación, y cómo traducir el fenotipo al potencial genético. Hay una fórmula general para predecir la ganancia genética:

$$\Delta G = i * r_{IH} * \sigma_a$$

A pesar de que se ve diferente, esta fórmula en realidad es la misma que la de la selección en masa que se discutió anteriormente en este capítulo:

$$\Delta G = i * r_{IH} * \sigma_a$$

$$= S / \sigma_p * \sigma_a / \sigma_p * \sigma_a (= S * h^2)$$

Si tenemos en cuenta los componentes de la fórmula de ganancia genética, realmente tiene sentido. El S / σ_p indica la superioridad genética de los padres, expresada en σ_p , la Var aditiva σ_a / σ_p se traduce σ_p en σ_a , Por lo que en la genética. La última σ_a (var aditiva) se traduce en unidades del carácter bajo selección (por ejemplo, kg de leche, o docilidad en caballos). Una vez más: la ventaja de trabajar con proporciones seleccionadas (y por tanto con la intensidad de selección) es que los resultados se pueden predecir antes de tomar la decisión de selección. A

partir de ahora sólo tendremos en cuenta $\Delta G = i * r_{IH} * \sigma_a$ ya que es de aplicación general y no sólo para la selección en masa. Tenga en cuenta que el orden de los componentes de la fórmula, no importa.

6.1 Capítulo 9.6.1: Un ejemplo: el caballo árabe

En una población de caballos árabes de carrera, el objetivo de la cría es aumentar la velocidad de carrera en carreras de 3000 metros, en animales de 3 años de edad.

El tiempo promedio en recorrer esta distancia es de 117,0 segundos. El plan es seleccionar de un plantel, el 10% mejor para la cría (por ahora ignoramos la diferencia entre machos y hembras, tanto en velocidad como en capacidad reproductiva). La desviación estándar genética es de 3,0 segundos, y la precisión de la selección es de 0,24.

Ejemplo: Prediga la ganancia genética usando estas decisiones de selección. ¿Cuál sería el tiempo promedio de 2.000 m en la próxima generación?



Respuesta: Ver en la tabla al final del capítulo y notará que una proporción seleccionada de 10% resulta en una intensidad de selección de 1.755. Esto significa que el 10 % seleccionado tiene una performance, en promedio, 1.755 desviaciones estándar mejor que el promedio de la población. Depende de la variación del carácter, cuando mejor será la descendencia: $1.755 * 3.0 = 5.265$ segundos.

Esto es un poco optimista, porque no fuimos capaces de estimar el potencial genético con un 100% de precisión. De hecho, fue sólo 24% exacto ($r_{IH} = 0.24$). Combinando todos los resultados de la información en: $\Delta G = i * r_{IH} * \sigma_a = 1,755 * 0,24 * 3 = 1.26$ segundos.

El ejemplo se trata de mejorar la velocidad de carrera, por lo que la próxima generación será 1,26 segundos más rápido: $117,0 - 1.26 = 115.74$ segundos es lo que le demorará en correr los 2000 metros.

6.2. Capítulo 9.6.2: un ejemplo: la cría de conejo

No sólo a la gente criadora de caballos les gusta el salto, también para los conejos hay una competición de salto. Un entrenador muy fanático de los conejos, decidió iniciar la selección sobre la capacidad de salto (medida en cm de tamaño de la valla). Tanto los machos como las hembras funcionan igual de bien en el circuito de salto. Como las hembras son capaces de producir un gran número de descendientes en un corto período de tiempo, la proporción seleccionada puede ser de igual tamaño en machos y hembras. Nuestro criador está seleccionando el 20% mejor saltadores para la cría, basado en el rendimiento de 10 % de su descendencia. La heredabilidad para la capacidad de salto en conejos es de 0,14, con una variación fenotípica de 40. Predecir la ganancia genética que el criador logrará usando esta estrategia de selección.

Una proporción seleccionada del 20% da como resultado una intensidad de selección de 1,4. La precisión de la selección se puede determinar usando la tabla 2 del capítulo sobre la clasificación

de los animales:

$$\sqrt{\frac{\frac{1}{4}n h^2}{1 + \frac{1}{4}(n-1)h^2}}$$

Si rellenamos la heredabilidad y el número de crías, llegamos a una precisión de selección de 0.266. La varianza genética puede determinarse a partir de la heredabilidad y la varianza fenotípica: $0,14 * 40 = 5,6$, por lo que la desviación estándar genética es la raíz cuadrada de 5,6, que es 2,37.

Rellenando toda esa información en la fórmula da como resultado una ganancia genética de:

$$\Delta G = 1,4 * 0,27 * 2,37 = 0,90 \text{ cm}$$

La predicción es que la próxima generación, en promedio, saltará 0,90 cm mayor que la generación actual.

El criador está decepcionado y quiere más ganancia genética. Predecir cuánta mejora puede lograr es seleccionando el 15% superior en lugar del 20% superior para la cría.

La precisión de la selección y la desviación estándar genética siguen siendo los mismos, pero la intensidad de selección se incrementa de 1,4 a 1,554. La respuesta prevista a la selección se convierte entonces en 0,99 cm.

El criador aún no está completamente satisfecho porque quiere una ganancia genética de más de 1 cm y decide basar la selección en el rendimiento de 12 en lugar de 10 crías. Predecir la respuesta de la selección para esta nueva situación.

La selección basada en el rendimiento de más descendencia aumentará la precisión de la selección. Volviendo a calcular que resulta en un r_{IH} de 0,30.

La respuesta a la selección predicha ahora se convierte en $1,554 * 0,30 * 2,37 = 1,10 \text{ cm}$.

7. Capítulo 9.7: intervalo generacional

La respuesta genética a la selección predice cuánto mejor la próxima generación llevará a cabo en comparación con la generación actual. Jugando con los componentes de la fórmula de ganancia genética le dará una idea de cómo las decisiones de selección pueden influir en la respuesta a la selección.

A partir del ejemplo de salto de conejos han visto que la proporción y la exactitud de la selección seleccionados influyen en la respuesta a la selección prevista. El problema al que nos enfrentamos es que la ganancia genética que predijimos se expresa por cada generación. ¿Cuánto dura una generación?

Definición

El intervalo generacional es la edad media de los padres al nacer su descendencia que a su vez van a producir la próxima generación de animales reproductores. El intervalo generacional facilita el cálculo de la genética respuesta por año en lugar de por generación.

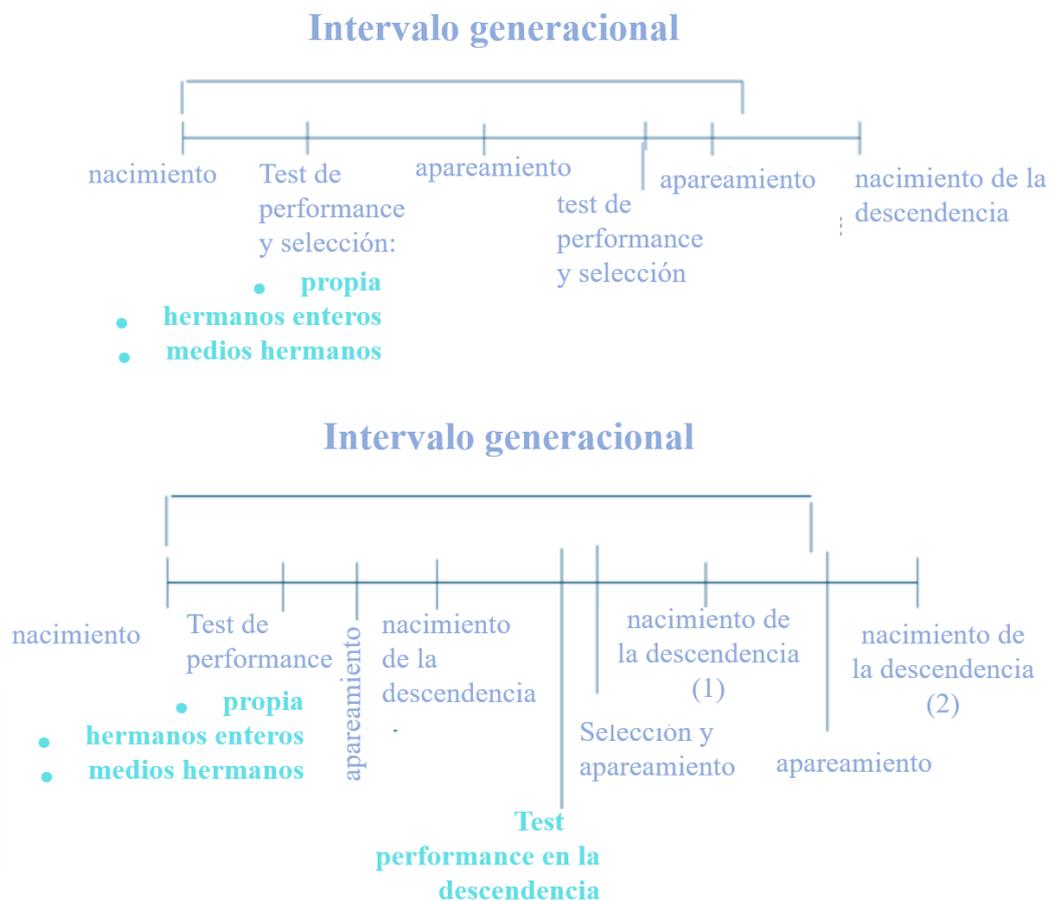
Una ganancia genética de 1,10 cm por generación no da mucha información. Obviamente, si las generaciones de conejo durarían 0,3 años, sería mucho más rápido que si la ganancia genética

generaciones duraran 1 año.

Para obtener una buena impresión de la ganancia genética lograda, incluso si usted no sabe cuánto tiempo dura una generación, la ganancia genética necesita ser expresada en unidades de tiempo. La unidad de tiempo comúnmente utilizado es de un año.

Para ser capaz **de expresar la ganancia genética por año lo que necesita saber es cuántos años dura una generación**. Obviamente, la primera cría o descendencia nace a una edad más temprana de los padres respecto de la primera descendencia lograda. Algunos animales tienen su primera cría antes que otros, y algunos animales tendrán solamente una cría, mientras que otros tendrán más. ¿Cómo tomar todo eso en cuenta?

La definición de la longitud de intervalo generacional (abreviado como L) es tomar la edad promedio de los animales cuando la progenie promedio (número) nace, **después** de la selección de los animales como padres. La palabra "después" es importante aquí, porque es importante para darse cuenta de que, en caso de selección basada en pruebas de rendimiento de la progenie, la progenie que se utiliza para basarse en la selección oficial, no son parte del intervalo generacional. La figura 4 presenta una visión general esquemática del concepto de intervalo generacional. En la parte superior está la situación en la que los animales son seleccionados por su propio rendimiento o por la performance de sus hermanos.



Descripción general Figura 4. Representación esquemática del principio al intervalo generacional. En la figura superior se muestra una situación donde los animales se seleccionan en base a su propio rendimiento (performance) o la de sus hermanos (medio o enteros), y en la figura inferior se describe la situación en la que los animales son seleccionados en base a la performance su primera progenie (descendencia). Los descendientes no cuentan para determinar el intervalo generacional, lo que resulta en un intervalo extendida en las poblaciones donde se seleccionan los padres en base al rendimiento de la progenie.

8. Capítulo 9.8: Optimización de la ganancia genética

Después de la selección de los animales, aquellos seleccionados se aparean por primera vez y producirán descendencia. En este ejemplo, son los animales tendrán dos camadas (o lotes) de descendencia (única o múltiple). La longitud del intervalo generacional en este caso es igual al tiempo que transcurre entre ambos nacimientos. Se supone que en dicha figura que el número de crías nacidas en cada lote es la misma. Si no, entonces, la longitud del intervalo generacional debe ponderarse de acuerdo al número de descendientes en cada lote.

Por ejemplo, en una raza de ovejas, tendrán su primer lote de crías (una sola) al 1 año de edad, y el segundo (también una sola cría) a los 2 años de edad. El intervalo generacional en ese caso es $(1 * 1 + 1 * 2) / (1 + 1) = 1,5$ años. Sin embargo, si esas mismas ovejas tuviesen solo en el segundo lote, y algunos tienen gemelos, de modo que el número medio de descendientes en el segundo lote sería 1.3 corderos, el intervalo generacional se convertiría en $(1 * 1 + 1,3 * 2) / (1 + 1,3) = 1,56$ años.

Para los animales que se seleccionan en base al desempeño de su primera progenie, el 'conteo' sólo comienza a partir del segundo lote de crías en adelante. Esto se presenta en la parte inferior de la figura 4. De lo contrario, el principio es exactamente el mismo que con la selección basada en el desempeño propio o hermanos. Está claro que el intervalo generacional se extiende si la selección se basa en pruebas de progenie.

Si seguimos el ejemplo con las ovejas y la selección se basa en la primera descendencia, ahora todas las ovejas tienen la oportunidad de producir un lote adicional de descendencia, por lo que **cada oveja producirá 2 lotes después de haber sido seleccionada como padre. La edad promedio de la tercera tanda de descendencia es a los 3 años de edad, y la oveja en promedio tendrá 1,5 corderos.** El intervalo generacional se convertirá en: $(1,3 * 2 + 1,5 * 3) / (1,3 + 1,5) = 2,54$ años.

La ganancia genética hasta el momento se expresó por generación. Ahora que hemos calculado cuántos años están en una generación, podemos expresar la ganancia genética por año:

$$\Delta G = \frac{R}{L} = \frac{i * r_{IH} * \sigma_a}{L}$$

Tenga en cuenta que hay una relación entre la precisión de la selección y el intervalo generacional. **La precisión se puede aumentar mediante la mejora de las fuentes de información utilizadas para estimar el VC. La información sobre el rendimiento de (un gran número de progenie) da la más alta precisión.** Sin embargo, también se necesita mucho tiempo para recopilar esta información. En otras palabras: el intervalo generacional aumenta. Por lo que la mejora en la ganancia genética por año, debido a la mayor exactitud se puede neutralizar con el aumento del intervalo generacional. Además, la producción de una gran cantidad de descendientes de padres que no han sido aprobados para la cría y mejoramiento animal va a costar mucho dinero.

Si vamos brevemente de nuevo al ejemplo de los conejos saltarines: El criador era feliz cuando la selección se basaba en el rendimiento de 12 crías. Sin embargo, es posible que desee ver en el asunto con más detalle, ya que dependerá del tamaño de la camada si este número se puede lograr con un único lote de crías, o si se requieren múltiples lotes. Varios lotes significan más tiempo y el intervalo de generación en conejos es baja. En tales situaciones, puede considerarse aceptar una exactitud ligeramente inferior de la selección, pero se las arreglan más generaciones de selección en el mismo período de tiempo. Puede resultar en mayor ganancia genética por unidad de tiempo en el largo plazo.

Así:

La optimización de la ganancia genética requerirá un equilibrio entre el aumento de la precisión y el aumento del intervalo generacional

9. Capítulo 9.9: Rutas o pasos de la selección

Hasta ahora no hemos considerado diferencia en la estrategia de selección entre machos y hembras. Sin embargo, en la mayoría de las especies hay una diferencia. Hay 3 razones principales para esta diferencia:

1. Razón importante de esto es la capacidad de reproducción limitada en las hembras, especialmente en especies de mamíferos, en comparación con los machos. Una suposición general en la cría y mejoramiento animal de animales es que el tamaño de la población sigue siendo la misma a través de las generaciones.
2. Esto tiene consecuencias para las estrategias de selección, ya que significa que los animales seleccionados deben ser capaces de producir suficiente número de crías para mantener el tamaño de la población. Los machos pueden producir más descendencia que las hembras, especialmente cuando la IA (inseminación artificial) está disponible. La selección en los machos, por lo tanto, a menudo es más estricta que en las hembras. En otras palabras: puede haber una diferencia en la intensidad de la selección.
3. Otra razón es la diferencia en las fuentes de información para estimar los valores de cría en machos y hembras.
4. Hay algunas características que no se pueden medir en ambos sexos, para la producción de leche ejemplo. En consecuencia, los machos pueden seleccionarse basándose en el rendimiento de la progenie, mientras que las hembras se seleccionan sobre propio rendimiento, resultando en una diferencia en la precisión de la selección.
5. En relación con esto, una tercera razón es la edad a la que los animales pueden ser seleccionados y en el que nace la progenie media. Si los machos son seleccionados en base a los resultados de pruebas de progenie, entonces en promedio serán mayores de edad que las hembras, siempre y cuando estos se seleccionan con base en el desempeño propio. Por otro lado, en la mayoría de las especies machos maduran antes que las hembras. En otras palabras: puede haber una diferencia en la edad de la primera progenie, y por lo tanto en el intervalo generacional.

Consecuencia de estas posibles diferencias en la selección en machos y hembras es que la diferencia en los pasos o etapas de selección, deben tenerse en cuenta al determinar la ganancia genética. La manera de manejar estos diferentes caminos o rutas de selección es bastante sencilla: simplemente divide la ecuación en una parte para los machos (M) y una parte para las hembras (f):

$$\Delta G \text{ per year} = \frac{R_m + R_f}{L_m + L_f} = \frac{i_m r_{IH,m} \sigma_a + i_f r_{IH,f} \sigma_a}{L_m + L_f}$$

La intensidad de la selección, la exactitud de selección, y el intervalo generacional puede ser diferente en machos y hembras. La desviación estándar genético, sin embargo, es un parámetro de la población y es, por lo tanto, la misma entre machos y hembras.

9.1. Capítulo 9.9.1: un ejemplo: el ganado vacuno de cría

La cría de ganado vacuno es bastante pequeña en los Países Bajos. En países como Australia o los EE.UU., o dentro de Europa países como Francia o el Reino Unido, la cría de ganado vacuno es un negocio mucho más grande. Las vacas pastan en grandes áreas de y no se manejan de manera regular. Por lo tanto, la IA no es una herramienta muy útil en la reproducción. La mayoría de los agricultores comprar toros y dejarlos pastorear con las vacas. Las grandes granjas también crían sus propios toros.

Considere una población de ganado vacuno que es seleccionada para un mayor crecimiento. La heredabilidad es de 0,35 y la desviación estándar fenotípica (σ_p) es de 0,2 kg / día. Las hembras son seleccionadas por su propio rendimiento. Como el tamaño de la población se supone que debe permanecer constante y las hembras pueden producir alrededor de tres crías en su vida, 2/3 de las hembras deben ser seleccionadas para producir suficientes animales para el reemplazo (recuerde que nacen los terneros tanto machos como hembras). Una proporción seleccionada de 0,67 resulta en una intensidad de selección (s_i) de 0,54.

La precisión de la selección para la selección en el rendimiento propio es igual a:

$\sqrt{h^2}$ por lo que $r_{IH,f} = 0,59$.

Los machos se seleccionan en base al rendimiento de 100 progenies, lo que resulta en un r_{IH} de 0,95. Cada macho se aparea con 10 hembras, lo que resulta en una proporción seleccionada de $0,10 * 0,67 = 0,067$. La intensidad de selección es, por tanto, de 1,95 (compruébelo en la tabla). Finalmente, la desviación estándar genética es igual a la raíz cuadrada de $h^2 * = 0,35 * 0,2^2 = 0,118$. ¿Cuál es la ganancia genética en esta población?

Completando todos estos valores en la fórmula da como resultado una ganancia genética por generación de:

=0,257 (kg / día)

La ganancia genética por generación no permite comprender el mejoramiento genético que se pretendía. Para lograr esto, la ganancia genética por generación necesita ser escalada a la ganancia genética por año. La edad media de las mujeres cuando producen su descendencia promedio es de 4,5, así que $L_f = 4,5$. Los machos se seleccionan después de que la información sobre la progenie ha se encuentran disponibles, lo que resulta en un intervalo de generación de 5 años. Predecir la ganancia genética por año en esta población.

Escalar la ganancia genética por generación a la generación de intervalo se traduce en una ganancia genética por año de:

$$\Delta G \text{ per year} = \frac{1.95 * 0.95 * 0.118 + 0.54 * 0.59 * 0.118}{5 + 4.5} = 0.027 \text{ (kg/day) per year}$$

Así:

La intensidad y la precisión de la selección puede diferir entre hombres y mujeres. La respuesta de la selección en cada uno de estos caminos de selección se calculan por separado, y luego se combinan en una ganancia genética para toda la población.

10. Capítulo 9.10: Más pasos de selección detallados

Las rutas o pasos de la selección en los machos y las hembras pueden ser muy diferentes por una serie de razones. Sobre todo, porque los machos en general, pueden producir más descendencia que las hembras, la contribución de los machos a la próxima generación puede ser considerablemente mayor que el de las hembras. Por esa razón, en muchas especies se presta más atención a la selección de los machos con la mayor precisión posible. Las hembras a menudo se les permite reproducirse sin, o con débiles, criterios de selección. En muchas especies animales, la desviación en diferentes estrategias de selección, se toman para discriminar entre machos que se seleccionan para producir nuevos machos reproductores, y los machos que se seleccionan para la producción de nuevas hembras. Lo mismo se puede aplicar a la parte femenina: las hembras para reproducirse con nuevos reproductores machos, y las hembras para producir hembras. Los machos que han sido seleccionados para la cría y mejoramiento animal de toros denominan reproductor macho y reproductor hembra

Nosotros por lo tanto podemos definir cuatro pasos o rutas de selección:

1. Machos reproductores para criar toros (*SS de sire sire*)

a. Este es el paso más riguroso en la selección de criar nuevas familias de los padres. Solamente los sementales de élite llegan a engendrar padres.

b. Reproductores machos que se aparean con hembras reproductoras (*SD sire dam*)

i. Dentro de los toros este es un camino de selección menos riguroso. Estos toros serán los padres de las hembras reproductoras (*dams*).

ii. Hembras para reproducirse como sementales (*DS dams sire*)

1. Este es el camino más rigurosa selección dentro de las hembras para criar toros nuevos. Sólo las hembras de élite lo harán para engendrar madres de reproductores.

2. Las hembras para criar hembras (*DD dam dam*)

a. Este es el camino menos riguroso de la selección. Depende del libro genealógico si existen criterios de selección de nuevas hembras.

La combinación de estos caminos de selección en una fórmula:

$$\Delta G \text{ per year} = \frac{R_{SS} + R_{SD} + R_{DS} + R_{DD}}{L_{SS} + L_{SD} + L_{DS} + L_{DD}}$$

Así:

La respuesta de selección puede dividirse en varios pasos de selección, el número depende del número de las diferencias en la intensidad de la selección y la precisión de la misma

10.1 capítulo 9.10.1: Un ejemplo: la cría de ganado lechero

En las granjas lecheras las vacas se ordeñan a diario (normalmente dos veces al día en la sala de ordeño). El apareamiento se produce a menudo a través del uso de la IA, porque permite a los granjeros concentrarse en sus vacas y no manejar un toro. La introducción de la IA en el ganado lechero ha causado una clara desviación en las tareas y la propiedad: las vacas tienden a ser propiedad de los agricultores y el criado toros por una compañía de crianza o empresa agropecuaria. Los granjeros y la compañía de cría trabajan juntos porque necesitan el aporte de cada uno en su negocio. El ganado lechero es una especie en la que se pueden reconocer los cuatro caminos de selección. Están por un lado los toros. Los toros probados, pueden ser usados para producir nuevas vacas, eso es para lo que se selecciona. Pero de los toros con el VC más alto, también se retienen hijos como candidatos a la selección para la cría de toros reproductores. Otros terneros machos se venden para la industria cárnica. La mayor parte de las vacas se utilizan para la cría de nuevas vacas ('reemplazo'). Las mejores vacas se aparean con los mejores toros para producir nuevos toros: se convierten en toros reproductores de hembras. Al otro lado del espectro hay algunas vacas que se

consideran de calidad insuficiente para producir vacas de reemplazo. Estas vacas se seleccionan del programa de cría y a menudo se aparean con una raza vacuna de carne para producir cría de valor. Las vacas se ordeñan hasta que son reemplazadas.

Ejemplo:

Consideremos una pequeña población de ganado lechero de 2000 vacas en una época en que la selección genómica no era una opción. De esas vacas, el 80% se utiliza para producir vacas de reemplazo. El sexaje del esperma no está disponible, así que se calcula que nacen un 50 % de terneros hembra y otro 50 %, machos. De los terneros machos nacidos, el 1,5% se selecciona para toro, y como toro de cría, y el 0,25% como toro padre. De las hembras que nacen, el 3,5% es seleccionado como madre de toros.

Las vacas tienen una vida media de 4 años de edad cuando producen sus terneros, las madres de toros tienen en promedio 5.5 años cuando producen sus potenciales hijos toro, criando toros en promedio son 6 cuando producen su promedio de terneros, y los toros sementales son en promedio 8 cuando producen su promedio hijos potenciales de toro de cría.

Los animales son seleccionados por su VC para la producción de leche. El VC para las vacas se basó en propios registros de rendimiento, el VC de los toros de cría sobre el rendimiento de 10 de sus hijas, y el VC de toros padre se basó en el rendimiento de 20 de sus hijas. La heredabilidad para la producción de leche es de 0,3, y la varianza genética en esta población es de 122.500 kg.

Calcula la ganancia genética por año.

Respuesta:

Esta cuestión requiere un enfoque paso a paso. Hay cuatro caminos diferentes de selección y para cada ruta de la selección tenemos que calcular la i'' (intensidad de selección) y la r_{IH} (precisión de selección). Como tenemos que calcular la ganancia genética por año, tenemos que dividir por el intervalo generacional. Ya se han definido en el texto. Tomemos este camino.

En primer lugar, el camino 1 (SS). La proporción seleccionada es de $0,8 * 0,5 * 0,0025 = 0,001$ (0,1%), que coincide con un i'' de 3.367. Cómo calcular el r_{IH} , se encuentra en el cuadro 2 del capítulo sobre la clasificación de los animales. La fórmula es:

$$\sqrt{\frac{\frac{1}{4}n h^2}{1+\frac{1}{4}(n-1)h^2}}$$

Si tenemos en cuenta que en (20 hijas, $h^2=0.3$) llegamos a un r_{IH} de 0,619.

En el camino 1 b) SD la proporción seleccionada es de $0,8 * 0,5 * 0,015 = 0,006$ (0,6%), resultando en un i'' de 2.834. El r_{IH} (10 hijas, $h^2= 0,3$) es 0,448.

En el camino ii) DS la proporción seleccionada es de $0,8 * 0,5 * 0,035 = 0,014$ (1,4%), resultando en un i'' de 2.549. El r_{IH} (Propio rendimiento) = $\sqrt{h^2}=0,548$.

En el camino ii 2) DD la proporción seleccionada es $0,8 * 0,5 = 0,4$ (40%), resultando en un i'' de 0.966. El r_{IH} es el mismo que para DS:0,548.

Ahora tenemos todos los cálculos para los pasos separados de selección y necesitamos combinarlos en una ganancia genética global. La desviación estándar genética es $\sqrt{122,500} = 350$ kg:

$$\Delta G = \frac{3.367*0.619*350+2.834*0.448*350+2.549*0.548*350+0.966*0.548*350}{8+6+5.5+4} = 78.64 \text{ kg}$$

Se espera que esta población para producir 78,64 kg más de leche por año en promedio.

Tenga en cuenta que esto no es un ejemplo más realista, en realidad, hay todo tipo de factores que complican tales como qué los animales son seleccionados sobre la base de más de una fuente de información, por ejemplo, su propio rendimiento y en la información disponible sobre los hermanos, y/o en la progenie. Cuanto más viejo se hace un animal, hay más información disponible y los valores genéticos serán más precisos. Además, se supone que la cría se produce dentro de una generación. Sin embargo, en la realidad existe una superposición entre generaciones. Algunos animales se utilizan para la cría y mejoramiento animal mucho más tiempo que otros.

11. Capítulo 9.11: Intensidad de la selección y la tasa de endogamia

Desde el anterior, ha quedado claro que la disminución de la proporción seleccionada, o sea un aumento en la intensidad de la selección, se traduce en un aumento de la ganancia genética. Una ganancia genética rápida, por lo tanto, se puede lograr seleccionando sólo los muy pocos mejores animales para la cría y mejoramiento animal. Eso es simple, ¿por qué no hacerlo? Aparte del hecho de que la capacidad reproductiva determinará el número mínimo de animales que deben ser seleccionados con el fin de mantener el tamaño de la población, hay otra cuestión importante: la endogamia. Recuerde del capítulo sobre la relación genética y la endogamia que la tasa de endogamia en una población puede ser predicho mediante:

$$1/8N_m + 1/8N_f$$

y que un número más reducidos de progenitores, resulta en una tasa de endogamia más elevada. Especialmente en el caso de números no balanceados de machos y hembras. Si utilizamos la recomendación de la FAO de no superar una tasa de endogamia de 0,5 a 1% para que la población siga siendo viable, esto puede tener consecuencias en la estrategia de selección.

En poblaciones grandes, para la misma tasa de consanguinidad, se pueden aplicar mayores intensidades de selección que en las poblaciones pequeñas. Por ejemplo, en una población de 20.000 animales (mitad machos y mitad hembras) una proporción seleccionada de 1% resultaría en 100 animales. La igualdad de proporciones seleccionadas en los machos y las hembras se traduciría en una tasa de endogamia de 0,25%.

Si, sin embargo, fuera una población no de 20.000 sino de sólo 2.000 animales, entonces una proporción seleccionada de 1% de machos y hembras resultaría en una tasa de consanguinidad de 2,5%, que es demasiado grande. A menudo, la proporción seleccionada en los machos es (mucho) más pequeña que en las hembras.

Si tomamos la población de 20.000 animales de nuevo, una proporción seleccionada de 0,1% en los machos (seleccionar los mejores 10 machos) y el uso de todas las 10.000 hembras para la cría, resulta en una tasa de endogamia de 1,25% (1,25125 para ser exactos). A pesar del hecho de que 10.010 animales se utilizan para la cría, la tasa de endogamia es todavía demasiado alto para la población siga siendo viable. Y con IA 1000 se obtienen crías por toro en la mayoría de las especies, no es un problema, siempre y cuando el número suficiente de hembras están disponibles.

Las empresas de cría y mejoramiento animal obtienen sus ingresos de la venta de material genético (por lo general los espermatozoides). Por lo que es en su interés de mantener su pie de cría viable. Sin embargo, son empresas de cría y mejoramiento animal que compiten entre sí para ofrecer el mismo material genético de mercado. Las empresas de mejoramiento animal de resolver este conflicto, tratando de hacer tanto el progreso genético como sea posible para mantener (o aumentar) la cuota de mercado, pero restringir la tasa de endogamia a 1%.

Así:

Las decisiones sobre la intensidad de la selección dependen de la consideración de la ganancia genética frente a la tasa de endogamia

11.1 Capítulo 9.11.1: Caso especial: la selección indirecta

Hasta ahora hemos supuesto que la información fenotípica está disponible para el rasgo bajo selección de al menos una gran parte de la población. Si la selección está en el crecimiento del peso a diferentes edades se hacen fácilmente disponibles, si la selección está en la producción de leche a, los registros de producción de las hembras deberán estar disponibles, e incluso si la selección está en la calidad de la carne deberán estar disponibles en los registros familiares. Sin embargo, en algunos casos los registros de los fenotipos no están disponibles, por ejemplo, en el caso

de una enfermedad infecciosa, y / o fenotipos para los rasgos que son costosos o invasivos para recoger de los animales.

En esos casos, es posible que un segundo carácter puede ser utilizado como indicador del rasgo por el que desea seleccionar. El requisito importante entonces es que el rasgo indicador debe estar correlacionado (estadísticamente) con el rasgo que se quiere mejorar (es decir, el rasgo en el objetivo de selección). Obviamente, cuanto mayor sea la correlación, mejor. En la fórmula de la ganancia genética en el rasgo objetivo de selección, pero utilizando o teniendo en cuenta la selección en el rasgo indicador, se puede predecir como:

$$\Delta G = I * r_{IH} \text{ carácter indicador} * \text{Var aditiva} * r_{\text{rasgo objetivo de selección, carácter indicador}}$$

La intensidad de la selección es el mismo que con la selección directa y depende de la proporción seleccionada.

La precisión de la selección de los animales en programas de cría y mejoramiento animal se prevé el uso de la heredabilidad para el rasgo indicador, ya que es lo único en lo que se puede basar la selección.

Si Ud. está interesado en la respuesta a la selección en su programa de mejoramiento animal para el rasgo objetivo, es deseable expresar los resultados en unidades de la característica que se quiere mejorar y así usar la desviación estándar genética del rasgo objetivo de selección.

Esto dependerá del tamaño de la correlación en qué medida la selección en el indicador rasgo de hecho se traducirá en progreso genético en el rasgo objetivo de selección. Usted, por lo tanto, tiene que multiplicar el resultado con la correlación entre el rasgo indicador y el rasgo objetivo de selección. La precisión global de la selección de este modo tanto depende de la exactitud de la selección en el rasgo indicador, y la correlación entre el indicador y la cría rasgo objetivo.

Tenga en cuenta que depende de la combinación de r_{IH} , rasgo indicador, determinado por la heredabilidad del rasgo indicador, y la correlación entre la característica de interés a mejorar y el rasgo indicador, si una ganancia genética mayor se puede lograr con indirecta en comparación con la selección directa.

Así:

Un rasgo indicador proporciona una indicación del rendimiento para el carácter objetivo de cría, y es útil como reemplazo de rasgos que son muy difíciles o costosos de medir. Los requisitos para el éxito son la heredabilidad del rasgo indicador y la correlación con el rasgo del objetivo de cría. La selección indirecta puede ser una muy buena solución cuando los rasgos son difíciles o costosos de registrar.

Ejemplo: enfermedad de la línea blanca en el ganado lechero

Los resultados de las investigaciones realizadas en un gran número de rebaños de vacas lecheras holandesas en 2002-2003 indicaron una prevalencia de la enfermedad de la línea blanca del 9,6%. La heredabilidad era baja, sólo un 0,02 % (por lo que el r_{IH} era $\sqrt{0.02} = 0,14$). Una razón importante de la baja heredabilidad era que las granjas se visitaban sólo una vez, y cualquier vaca que no estuviera enferma se consideraba sana.

Sin embargo, algunas vacas pueden haberse recuperado recientemente o no haber sido infectadas. La varianza genética fue de 0,078, por lo que σ_a fue de 0,28. Estas cifras no son muy prometedoras para lograr una gran ganancia genética con.

Sin embargo, la correlación genética entre la enfermedad de la línea blanca y el ángulo del pie es de 0,64. Los pies de ángulo pronunciado se ven afectados más a menudo que el pie plano. El ángulo es un rasgo fácil de medir con una heredabilidad de 0,18 (por lo que el r_{IH} es de 0,42). Si seleccionáramos en las observaciones relacionadas a la enfermedad de la línea blanca, entonces la ganancia genética sería:

$$i * \sqrt{0.02 * 0.28} = i * 0.040.$$

Si seleccionáramos en el ángulo del pie para disminuir la prevalencia de la enfermedad de la línea blanca, entonces la ganancia genética sería

$$i * \sqrt{0.18 * 0.28 * 0.64} = i * 0.076.$$

¡Esto es casi una respuesta doble si la selección se realiza indirectamente sobre el ángulo del pie en lugar de hacerlo sobre la prevalencia de la enfermedad de la línea blanca!

12. Capítulo 9.12: Aspectos prácticos con la predicción de la respuesta a la selección

Hasta ahora hemos estado discutiendo la situación óptima en la que alguien decide sobre permitir reproducirse a algunos animales, y a otros no. Hay dos puntos principales en los cuales el criador tiene influencia: la proporción seleccionada y la exactitud de la selección. Para lograr buenas predicciones de la respuesta genética es esencial que estas proporciones y la exactitud de selección seleccionados son correctos. ¿Qué tan realista es eso?

Esto es bastante realista en caso de que esta persona es dueña de todos los reproductores potenciales, como en el comercio de cerdos y aves de corral de cría. La proporción seleccionada puede depender en cierta medida de la situación del mercado como es de esperar, pero se registran a pocos cambios. La precisión de la selección de los animales de cría y mejoramiento animal también está en manos de la empresa de cría y mejoramiento animal. Los animales son seleccionados en base al rendimiento de otros animales (hermanos, hijo), y el número exacto depende de la cantidad disponible y pueden variar un poco entre los animales. La influencia de esta pequeña fluctuación en la ganancia genética predicha será muy limitada. Pero incluso en aquellas empresas de cría y mejoramiento animal puede haber eventos inesperados, como un brote de la enfermedad, que impiden que la selección de la proporción prevista. Sin embargo, en general, en estas especies las ecuaciones de predicción que se presentan en este capítulo son muy útiles.

En la cría de ganado lechero la situación se vuelve un poco más difícil, ya que la gran parte de las vacas son propiedad de agricultores individuales. Cada agricultor tendrá su objetivo o su propia cría y mejoramiento animal, aunque en términos generales estos se parecerán a los de la empresa de cría y mejoramiento animal, que es dueña de los toros. La proporción seleccionada en los toros está en manos de la empresa de cría y mejoramiento animal, pero el uso posterior de los toros está en manos de los agricultores. Hay toros populares y toros no tan populares. A pesar de que ambos se seleccionan para la cría y mejoramiento animal, los toros populares tendrán un mayor número de descendientes en la próxima generación que el toro no tan popular. El supuesto de la hora de predecir la respuesta a la selección genética es que todos los toros seleccionados tendrán la misma oportunidad de 'difundir sus genes'. Esto obviamente no es el caso. Dependiendo de cuáles son los toros que se utilizan más a menudo de lo esperado, esto conducirá a un sobre o baja estimación de la de la respuesta genética. toros populares, obviamente, también tendrán un VC más preciso que los toros no tan populares o jóvenes. Esta diferencia en la precisión debe ser tenido en cuenta al predecir la respuesta a la selección. En el lado hembras puede haber muy poco efecto de la selección en las vacas debido a dos razones: en primer lugar, la proporción seleccionada es muy grande porque la mayoría de las vacas se utilizan para reposición. En segundo lugar, los agricultores pueden tener ligeramente diferentes criterios de selección que dan lugar a un efecto

global aún más pequeño de la selección de las vacas. En la práctica, este camino de selección puede ser ignorada.

En los caballos, la situación es un poco más complicado que en el ganado lechero. Los sementales son aprobados para la cría y mejoramiento animal sólo si cumplen los estándares definidos por el libro genealógico. Sin embargo, los sementales aprobados no necesariamente representan una proporción seleccionada bien definido, porque no todos los machos son candidatos de selección porque no todos los propietarios están dispuestos a presentar su potro (semental joven) en la inspección semental. La proporción seleccionada en base al número de potros seleccionados en la inspección semental por lo tanto puede no representar la verdadera proporción seleccionada. Al igual que en el ganado lechero, algunos sementales serán mucho más populares y, en consecuencia, tendrán más descendencia en la próxima generación que otros. Como en el ganado lechero, la exactitud de selección dependerá de la información que está disponible y puede diferir entre los sementales. Que se pueden tomar en cuenta al predecir la respuesta a la selección. En la mayoría de los libros genealógicos, como en el ganado lechero, a todas las yeguas se les permite reproducirse. Sin embargo, a diferencia de las vacas lecheras es que no son necesariamente sólo las mejores yeguas que se utilizan para la cría y mejoramiento animal. Algunos dueños de una muy buena yegua no quieren que se reproduzca, y algunos propietarios de yeguas de poco rendimiento si quieren criar un potro. En yeguas parece una buena aproximación que la proporción seleccionada es 100%. La exactitud de la selección en general será baja debido a la generalmente limitada cantidad de potros. Algunas yeguas con un padre populares tienen potencialmente un gran número de medios hermanos.

En los perros la situación es más complicada de nuevo. Las asociaciones de cría y el 'Raad van Beheer' de Holanda han definido algunos requisitos básicos para que a los machos se les permita a reproducirse. También se requiere que en algunas razas las hembras deben presentar un certificado de salud relacionado con algunos problemas potenciales de salud específico de la raza. Hasta aquí todo bien. Sin embargo, en los machos no hay una proporción seleccionada porque muy pocas personas disfrutan de tener un macho reproductor, y esto no está necesariamente relacionada con la calidad del perro. Del mismo modo, algunos propietarios de perras quieren criar una camada, a pesar de la calidad de la perra. Por consiguiente, la predicción de respuesta genética basado en la proporción y la exactitud de selección seleccionado no es factible en los perros.

La excepción a esto es la cría y mejoramiento animal de perros de trabajo, donde la calidad del perro es el criterio de selección y perros seleccionados se utilizan para la cría.

Entonces, ¿qué hacer con estas situaciones en las que seleccionan la proporción y la exactitud de la selección no se puede definir muy bien? Una solución puede ser para predecir el potencial genético promedio en la descendencia de cada apareamiento basado en el VC del padre y la madre. Como hemos visto en el capítulo acerca de los modelos genéticos, sabiendo que el VC en los padres sólo le da una idea acerca del VC en la descendencia debido a la toma de muestras mendeliana: $A_{descendencia} = A_{\frac{1}{2}padre} + A_{\frac{1}{2}madre} + MM$ (muestreo mendeliano). Esto dependerá de la exactitud de la estimación del VC en los padres y en qué medida la inexactitud de la predicción de la respuesta genética será mayor aún más.

Así:

En conclusión: predecir la respuesta genética a la selección asumiendo una determinada proporción seleccionada y una determinada exactitud de la selección es muy útil, ¡pero sea consciente que la puede perder en gran medida de exactitud!!

13. Capítulo 9.13: Aspectos clave sobre la predicción de la respuesta a la selección

1. El mejoramiento animal se trata de predecir el futuro.
2. Predecir la ganancia genética es predecir el rendimiento futuro, pero también evaluar las

decisiones de antemano.

3. La ganancia genética está determinada por 3 factores principales: la varianza fenotípica, la precisión de la selección y la proporción seleccionada.
4. El intervalo de generación permite expresar la ganancia genética por año en lugar de por generación.
5. La optimización de la ganancia genética requerirá un equilibrio entre el aumento de la precisión y la disminución del intervalo generacional
6. Los pasos o etapas de la selección permiten la diferencia en la proporción seleccionada y la precisión de la selección en machos y hembras.
7. Las decisiones sobre la intensidad de la selección dependen de la consideración de la ganancia genética frente a la tasa de consanguinidad.
8. La selección indirecta mediante rasgos indicadores puede ser una muy buena solución cuando los rasgos son difíciles de medir o que es muy caro o imposible de registrar o medir.
9. La predicción de la respuesta genética a la selección suponiendo, una proporción seleccionada y una precisión de selección es muy útil, ¡pero sea consciente de la (falta de) exactitud en sus suposiciones!

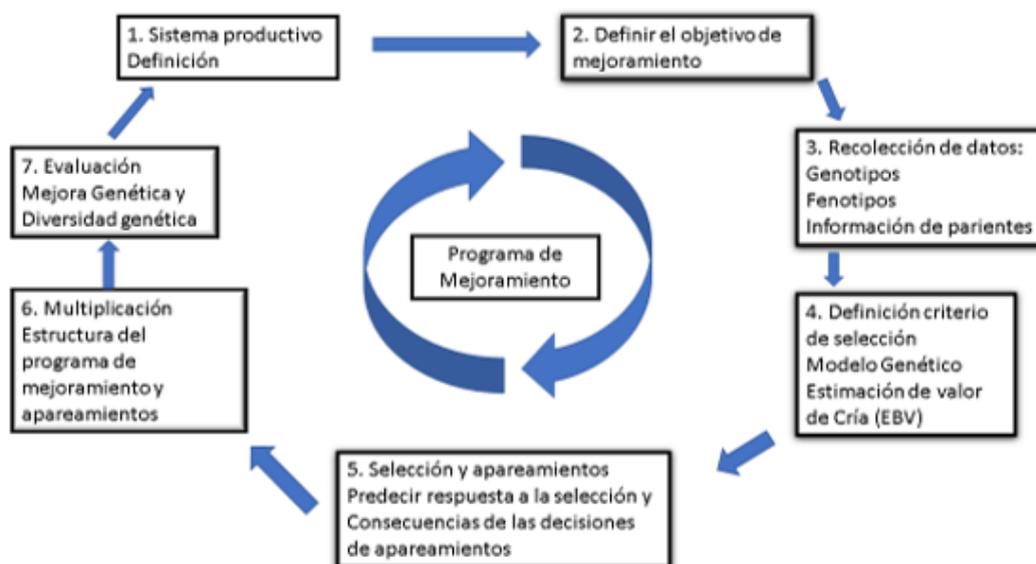
Capítulo 10: Selección y apareamiento

Tabla de contenido

- 1 Capítulo 10.1: Criterios de selección y decisiones de apareamiento
- 2 Capítulo 10.2: apareamiento compensatoria
- 3 Capítulo 10.3: contribución genética a largo plazo
 - 3.1 Capítulo 10.3.1: Ejemplo de las contribuciones genéticas
 - 3.2 Capítulo 10.3.2: relación entre la contribución genética y la endogamia
 - 3.3 Capítulo 10.3.3: Ejemplo del efecto de un carnero populares en la endogamia
- 4 Capítulo 10.4: Cría limitaciones
- 5 Capítulo 10.5: contribuciones genéticas y la aparición de trastornos recesivos
 - 5.1 Capítulo 10.5.1: El uso continuado de un toro para la frecuencia de defectos genéticos
- 6 Capítulo 10.6: Confirmación de la paternidad
- 7 Capítulo 10.7: Las cuestiones clave en la selección y la endogamia

Después de la estimación de los valores de cría, y de predecir la influencia de las decisiones de selección sobre la respuesta a la selección genética, estamos listos para la acción: ¡selección y apareamiento de los animales! Al igual que muchos aspectos del mejoramiento, el apareamiento puede tener un efecto diferente en las decisiones individuales de apareamiento, en comparación con la población general. El objetivo de selección de la población en general puede ser diferente del objetivo de selección del criador. Sin embargo, para lograr el mejoramiento genético a nivel de población, es esencial que las decisiones de selección se realicen a nivel población. Los criadores, posteriormente, pueden aplicar sus criterios de selección para seleccionar el compañero de su animal entre los candidatos de selección que se han identificado a nivel de población. La elección de la pareja puede depender de una serie de aspectos tales como el uso previsto de la descendencia, la calidad (o poca calidad) de la hembra, el costo de realizar determinado apareamiento, o la distancia a la pareja (en caso de apareamiento natural). El objetivo es encontrar una pareja y como resultado, una buena descendencia, teniendo en cuenta las limitaciones puestas al apareamiento.

Las decisiones de apareamiento del criador pueden tener consecuencias sobre la tasa de endogamia a nivel de población. Esto es porque, si elige la misma pareja que muchos otros criadores, el compañero de su elección tendrá muchos descendientes en la siguiente generación, mientras que el resto puede no aportar ninguno. Las elecciones de pareja a nivel criador y a nivel población pueden entrar en conflicto entre sí.



En este capítulo vamos a considerar razones y consecuencias de las decisiones de apareamiento para compensar aspectos de menor calidad de la hembra, o, para lograr ciertas cualidades en su descendencia (por ejemplo, color). También discutiremos las posibles consecuencias de un uso intensivo de los toros populares a nivel de población, y brevemente acerca de las razones para las pruebas de paternidad.

Nota: el apareamiento y caracteres monogénicos

Las decisiones de apareamiento pueden basarse también en tratar de crear o evitar la homocigosis. En la situación de los trastornos recesivos monogénicos, por ejemplo, las decisiones de apareamiento estarán dirigidas a evitar el riesgo de que la descendencia sea homocigota recesiva. Sin embargo, también hay caracteres monogénicos que tienen un efecto deseado. Por ejemplo, tener cuernos o no en el ganado, o para crear un color de capa específico. Se ampliará más sobre esto en el capítulo sobre la herencia monogénica.

1. Capítulo 10.1: Criterios de selección y decisiones de apareamiento

En establecimientos comerciales, el mejoramiento de aves y cerdos se realiza por apareamientos aleatorios (aproximadamente). Las decisiones de apareamiento individuales no se realizan en base a un promedio poblacional, no hay evidencia de un valor adicional. En otras palabras: el apareamiento no se traduce en un cambio de dirección en el valor promedio de los caracteres bajo selección. Si hubiese alguno, podría ocurrir que ocurra una disminución en la variación del carácter. Esto ocurriría bajo ciertas circunstancias: que todos los criadores realicen selección y decidan los apareamientos con el mismo objetivo de mejoramiento en mente. A nivel individual, puede haber algún valor adicional en las decisiones de apareamiento, especialmente para aquellos caracteres monogénicos.

Las razones para que un propietario utilice a su hembra/macho en los apareamientos pueden diferir desde la necesidad de producir descendencia para iniciar la producción de leche, a través de la búsqueda de descendencia de la más alta calidad, o porque, aunque la hembra no esté apta productivamente, “*siempre se la puede usar para obtener descendencia*”. Las razones para la elección específica de una pareja para una hembra pueden variar desde razones prácticas, como los costos y la distancia de viaje en caso de apareamiento natural el de evitar ciertos problemas, como la herencia de desórdenes genéticos, comenzar deficiencias, hasta seleccionar a la pareja que es más “*popular*”.

Los criterios de selección deberían ser definidos antes de seleccionar la mejor pareja, pero en la práctica estos dos procesos suelen estar inter emparentados. Igualmente, hay que ser conscientes de que el mejoramiento genético se crea por la selección y no por apareamiento.

Los propietarios de hembras son los que deciden qué machos son aprobados para aparearse y cuáles no. Efectivamente, son ellos quienes toman las decisiones de apareamiento. Los propietarios de los machos sólo tienen un “*producto*” en el mercado. Puede que tengan esforzarse en la comercialización de su producto. A menudo, el marketing es tan importante como la calidad de los machos cuando de elección de parejas por los propietarios de las hembras se trate. Un macho superior determina el valor competitivo de una organización de mejoramiento.

Entonces:

Las decisiones de apareamiento no tienen influencia a nivel de población, pero pueden tener algún efecto a nivel de apareamiento individual.

Relación entre selección de pareja y endogamia

Recuerde que un animal es consanguíneo si sus padres están emparentados.

$$F_{\text{animal}} = \frac{1}{2} * a_{\text{entre los padres}}$$

Los padres están emparentados si tienen ancestros en común. Cuanto menor sea la distancia en generaciones hacia el ancestro en común, más emparentados estarán los padres. La descendencia de un hermano y hermana completo tiene un coeficiente de endogamia de $\frac{1}{2} * 0,5 = 0,25$. Cuanto menos emparentados estén dos padres, menos consanguínea será la descendencia. Algunas organizaciones de mejoramiento tienen regulaciones para evitar el apareamiento de parientes cercanos. El Kennel Club Holandés (organización general de las diversas razas de perros en los Países Bajos y encargados del registro del pedigrí de todos los perros de raza pura registrados), por ejemplo, tiene la regulación que ningún pedigrí será registrada, si se obtiene descendencia de una perra que haya sido cruzada con su abuelo, padre, hermano, hijo o nieto.

Entonces:

La selección de pareja debe tener en cuenta la relación genética aditiva entre ambos potenciales padres, ya que es un indicador del coeficiente de endogamia de la descendencia.

2. Capítulo 10.2: apareamiento compensatorio

La selección de la pareja puede estar dirigida a compensar algunas deficiencias específicas. Por ejemplo, una yegua puede tener un paso excelente, pero sus piernas no son de calidad superior. El semental de elección tendría que tener patas perfectas, preferentemente con evidencia de que su descendencia también tiene buenas patas. Sus piernas se consideran más importantes que un trote fuerte, ya que la yegua que debería aportar esta característica a la descendencia. Otra yegua puede tener las patas perfectas, pero podría tener un galope por demás fuerte, entonces el semental con el que debería aparearse compensaría si tuviese un excelente galope, y se le permite no tener excelente calidad de patas. Al menos, esa es la idea. la elección de pareja de manera específica para cada hembra, para que la descendencia sea de la mejor calidad posible. Un consejo práctico para las organizaciones de mejoramiento sería seleccionar primero los padres, que definen el mejoramiento genético, y luego definir un esquema de apareamiento compensatorio, como un servicio potencial de asesoramiento. de servicio de asesoramiento.

Sin embargo, a pesar de que esto suena muy lógico, ¡no hay ninguna garantía de éxito! Está claro que, con los apareamientos compensatorios, los mejoradores tendrán diferentes objetivos de sobre la cual basan su elección de pareja. Aspectos como menor calidad en una hembra pueden ser el punto más fuerte en otra hembra. Obviamente, los efectos aditivos de todas las decisiones de apareamiento en una población no apuntan en una dirección determinada. En otras palabras, las decisiones de apareamiento resultarán en ganancia genética adicional. También a nivel individual, hay una serie de factores que influyen en el resultado esperado del apareamiento:

1. Muestreo mendeliano: este introduce un factor de oportunidad, incluso si se conoce el EBV para el padre y la madre con mucha precisión.
2. Pleiotrópicos (un gen afecta a múltiples caracteres) y los efectos epistáticos (interacciones gen-gen). Es posible que un carácter, por ejemplo, calidad de la marcha en los caballos, se vea afectada por un gen que interactúa con otro gen. Si uno de estos genes tiene el alelo incorrecto, entonces no mejoraremos el carácter en la descendencia.
3. ¿Cuál es la exactitud de la información sobre las que se basan las decisiones de selección? Por ejemplo, ¿es la genética o el entrenamiento que hacen a un campeón? Especialmente, debemos preguntarnos esto cuando desconocemos el EBV con precisión.

Entonces:

El apareamiento compensatorio consiste en encontrar la mejor pareja para cada hembra para compensar sus deficiencias. El apareamiento compensatorio puede tener un efecto en los resultados de los apareamientos individuales, pero no tiene efecto a nivel de la población.

3. Capítulo 10.3: contribución genética a largo plazo

¿Por qué los animales tienen ancestros en común? Debido a que su ancestro común, al parecer, era lo suficientemente popular como para tener múltiples descendencias, que, posiblemente después de algunas generaciones, dio como resultado al nacimiento de ambos padres. Cuanto mayor popularidad haya tenido un animal en el pasado, mayor es la probabilidad de que dos padres lo tengan como ancestro común. Si son muchos los animales que comparten un ancestro común, mayor será la posibilidad de que el apareamiento de dos animales de lugar a una descendencia consanguínea. En otras palabras, existe una relación entre la contribución genética a largo plazo de un animal a la población y la tasa de endogamia en la población. La contribución genética a largo plazo es una medida del grado de parentesco entre los animales en una población debido a un ancestro común. Para ilustrar este concepto, considerar un macho que se hizo muy famoso porque ganó una competición importante. Muchos criadores deciden usarlo como semental de sus hembras. En la próxima generación se hace evidente que él era un campeón por una buena razón, porque varios de sus hijos también tienen una performance mucho mejor que el promedio de la población, por lo que también se utiliza para el mejoramiento con relativa frecuencia. En la

siguiente generación, de nuevo algunos hijos de estos hijos son mejores que la media y se continúan utilizando en mejoramiento. Se puede imaginar que, dentro de un número de generaciones, una proporción muy grande de animales tendrá ese primer campeón como ancestro común. Si los animales se aparean, serán consanguíneas con aquel campeón.

Definición:

La contribución genética a largo plazo es una medida del grado de parentesco en una población como causa de un ancestro en común.

Existe relación entre la contribución genética a largo plazo de un animal en una población y la tasa de endogamia de la población.

Si usted analiza un pedigrí propio y la de un vecino, encontrará ancestros comunes si se va lo suficientemente atrás en el tiempo (varias generaciones). Con el tiempo, todo el mundo está relacionado. El punto es que el grado de parentesco dependerá del número de crías que su ancestro común(s) ha producido y el número de generaciones entre el ancestro común y los individuos de la presente generación. Cuanto mayor es la descendencia, mayores son las vías que llevan al ancestro común y, también, mayor la proporción de genes que comparten con dicho ancestro.

El mismo principio se puede aplicar en el mejoramiento genético de animales, aunque en general, el proceso de compartir genes porque existe un ancestro común, va mucho más rápido, debido a que la población en la que se practica el mejoramiento es relativamente pequeña, y la introducción de animales externos a la población no es una práctica muy habitual. Después de una serie de generaciones, (casi) todos los animales están emparentados con ese antepasado común, y la contribución del mismo no cambia más: (casi) todos los animales tienen la misma proporción de genes de ese ancestro en común.

3.1. Capítulo 10.3.1: Ejemplo de las contribuciones genéticas

Este concepto se ilustra en la figura 1, donde las contribuciones genéticas de 2 sementales a lo largo de 6 generaciones se muestran como la proporción de color en las cajas. Cada semental fue apareado con 10 madres que tuvieron 10 hijos. Así que en total había 100 crías por generación, de los cuales 50 eran varones. De esos 50 machos, sólo 5 fueron seleccionados para la reproducción. Y la selección fue independiente de los padres, por lo que los buenos sementales tienen más descendientes que son utilizados para reproducirse que los sementales de menor calidad. La contribución del padre original a la descendencia se indica por la proporción de color en las cajas. El padre en la imagen de la izquierda fue un semental muy exitoso. Su descendencia fue muy popular y dos de sus hijos fueron seleccionados, y se usaron mucho. De nuevo sus hijos y nietos fueron populares y, en consecuencia, la proporción del padre original en la generación 6 es muy grande. Se muestra el contraste con el padre de la figura de la derecha, que fue un semental con poco éxito y ninguno de sus hijos fueron seleccionados para reproducirse. Sólo en las generaciones 4 y 5 los machos fueron seleccionados en esta familia. Por consiguiente, la contribución genética de este padre original en la generación 6 es muy pequeña. Nótese que una vez que la contribución genética de los toros originales se ha estabilizado en la población ya no es posible cambiar el tamaño de dicha contribución en la población.

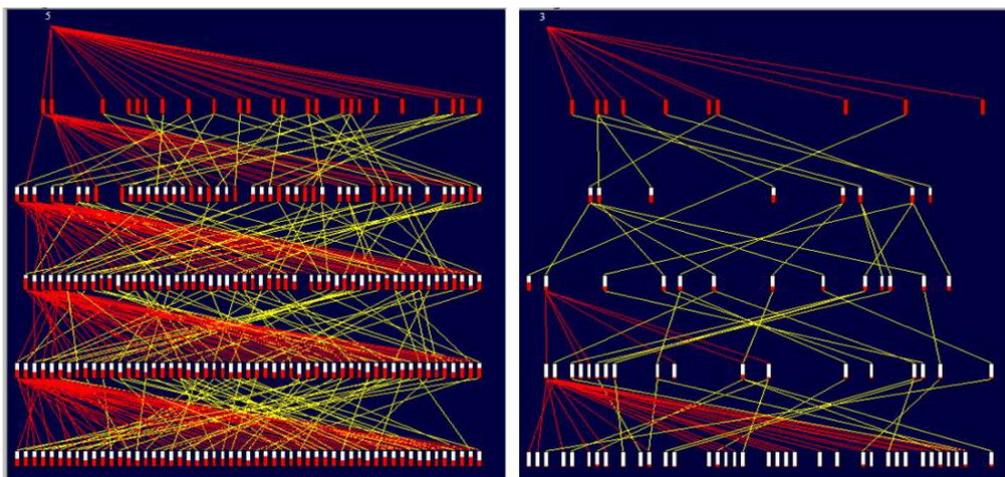


Figura 1. Ejemplo de contribuciones genéticas de 2 toros en la misma población a través de 6 generaciones, los machos son en rojo y hembras en amarillo. Inicialmente había 5 sementales se aparearon con 10 hembras cada uno, produciendo 10 crías cada una. La imagen de la izquierda muestra la contribución de un toro genéticamente superior y popular. En la generación 6 en todos los animales una proporción considerable de sus genes se originó a partir de este toro. La imagen de la derecha muestra la contribución de un toro mucho menos popular. Dos de sus hijos nunca produjeron descendencia. En la generación 6, su contribución genética es muy baja. (Las imágenes fueron creadas usando el programa gratuito GENUP, por Brian Kinghorn).

3.2. Capítulo 10.3.2: relación entre la contribución genética y la endogamia

En otras palabras, las decisiones que hoy tomes acerca de la intensidad con las que vas a aparear dos progenitores seleccionados, puede tener grandes consecuencias en futuras generaciones.

Una vez que la contribución de un animal se ha extendido a través de la población, ya no puede eliminarse. Es posible tomar la contribución genética de cada animal a la hora de predecir la tasa de endogamia. Este es un método preciso para predecir la tasa de endogamia, pero sólo si se consideran las contribuciones de los animales que fundaron la población. Cuando sólo se consideran las contribuciones de los animales más recientes, la relación entre esos animales se ignora. En consecuencia, en ese caso el tipo resultante de la endogamia será una subestimación de la verdadera tasa de endogamia. Visto en una fórmula, la influencia de la contribución genética de los animales a la tasa de endogamia, sería así:

$$\Delta F = \frac{1}{4} \sum c^2$$

En dicha fórmula, ΔF representa la tasa de endogamia debido a la contribución genética de los animales que se están considerando, y c^2 representa la contribución del animal en la próxima generación, pero elevada al cuadrado. Se puede usar esta fórmula para estimar la tasa de endogamia en el *futuro*, de acuerdo a las decisiones de intensidad de apareamiento en el *presente*.

Entonces:

La intensidad de apareamiento puede tener consecuencias irreversibles sobre la tasa de endogamia en las futuras generaciones. Las proporciones genéticas (en gran proporción) de los animales superiores que fueron usados con mucha intensidad en los apareamientos se diseminarán y permanecerán en una proporción fija en cada animal.

3.3. Capítulo 10.3.3: Ejemplo del efecto de un carnero populares en la endogamia

En la figura 2 se describe un ejemplo aplicado (aunque bastante extremo) de una pequeña población de ovejas que se inició con 5 carneros. Algunos carneros eran más populares que otros y había un carnero en particular (el número 2) que se convirtió en campeón y fue muy popular entre los criadores. Este se utilizó en el 45% de los apareamientos, mientras que la contribución de los otros varió entre el 10 y el 20 %. Al parecer, este carnero se convirtió en campeón popular por una buena razón, y sus descendientes también fueron muy populares. Dentro de 6 generaciones, los animales en la población, comparten, en promedio, el 60% de sus genes. Esto aumentó lentamente a 66% en la generación 25, después de lo cual se mantuvo constante: en promedio todos los animales comparten el 66% de sus genes con este carnero número 2. Lo más probable es que no existan sin ningún grado de parentesco con el número 2 en la generación 35. Es de notar que todavía en esa generación se encuentra presente la contribución de los otros 4 carneros originales. También todos los animales tendrán algunos de sus genes en común con estos carneros. Al parecer, todos ellos tenían algo de calidad genética que transmitieron a su descendencia, y estas últimas, nuevamente, usadas como reproductores. Sin embargo, la contribución del 2 es mucho mayor que el resto de los carneros, lo cual indica que su aporte a la tasa de endogamia es mucho mayor, y significa un riesgo mucho mayor también, de que los alelos recesivos del cual sea portador el carnero 2 se presenten en homocigosis en su descendencia y posteriores.

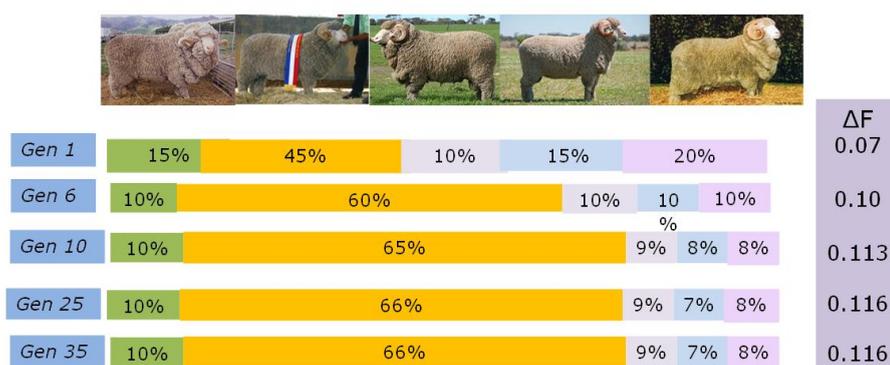


Figura 2. Descripción de las contribuciones genéticas de cinco carneros que estaban disponibles en la generación 1, y a lo largo de 35 generaciones. Las consecuencias de dichas contribuciones a la tasa de endogamia (de 1 a través de un gran número de generaciones, y la consecuencia de dichas contribuciones de la tasa de endogamia (ΔF) en esas generaciones. Nota: esta es la tasa de endogamia debido a las contribuciones genéticas de sólo estos carneros, las contribuciones genéticas de otros animales no se tienen en cuenta.

Mensaje importante: el uso intensivo de individuos populares puede dar lugar a un conflicto de intereses en el corto y en el largo plazo. A corto plazo, todo el mundo quiere utilizar ese macho superior, porque todo el mundo quiere tener oportunidad de producir un nuevo campeón. También crea considerables ingresos para el propietario de ese reproductor. Sin embargo, a la larga, esto puede tener consecuencias negativas para la población, y, por lo tanto, también para los criadores individuales. Decimos puede tener, porque, si el padre popular que parecía ser, resultase en cambio, un toro de baja calidad en base a su descendencia, entonces, sus hijos tendrán baja posibilidad de ser seleccionados para la reproducción, y, por lo tanto, su contribución genética será baja o tenderá a desaparecer.

Entonces:

Existe un conflicto de intereses entre el beneficio a corto y largo plazo producto del uso intensivo de animales genéticamente superiores.

4. Capítulo 10.4: Limitaciones del mejoramiento

Algunas asociaciones de mejoramiento tienen regulaciones con respecto a la intensidad de apareamiento de los reproductores. El objetivo de dichas normas es el control de las contribuciones genéticas de los machos a las generaciones futuras, y, por lo tanto, a la tasa de endogamia. Para lograrlo, se aúnan los esfuerzos para lograr iguales proporciones en la contribución de los reproductores seleccionados. En general, estas limitaciones en el mejoramiento no son apreciadas por los criadores, ya que sus intereses se basan, principalmente, en obtener resultados en el corto plazo: quieren utilizar el reproductor para mejoramiento, o para ganar dinero en base a ofrecer servicio de apareamiento. Esos intereses personales generalmente superan el interés a largo plazo de toda la población. La gente tiende a creer es bueno tener regulaciones, siempre y cuando que no influyan en sus intereses. ¿Por qué deberían limitar a algunos criadores a usar un reproductor, si a otros se les permitió? ¿Por qué no ganar dinero extra de la venta de servicios de un reproductor como forma de recuperar parte de los costos en los que se incurrió para adquirirlo? Se puede imaginar que esto es especialmente un problema para especies que son de propiedad privada, por ejemplo, reproductores de perros, caballos, ovejas, etc. En el ganado lechero, los machos son propiedad de un número limitado de organizaciones que dan servicio de Inseminación Artificial, y que venden semen de otros machos también.

Ejemplo: limitaciones en el mejoramiento y tasa de endogamia en caballos frisón holandés

El Frison holandés es raza de caballo relativamente grande (numerosa). Sin embargo, no siempre ha sido así. Originalmente fue utilizado como caballo de granja en Frisia, una de las doce provincias que conforman el Reino de los Países Bajos. Durante la semana, el frison se utiliza principalmente para tracción demaquinaria agrícola, y los domingos, era usado para tirar los carros (Sjees) a la iglesia. En la década de 1950, el tractor fue ganando popularidad y los frisones, al igual que otros caballos, se fueron retirando de esas tareas de trabajo. El resultado: una población que se redujo muy fuertemente en tamaño. En el 1980, volvió a ser popular, ya que se empezó a usar en el deporte de ocio (tanto en el arnés y en silla de montar). La creciente popularidad, en combinación con la disponibilidad de inseminación artificial, dio lugar a un rápido aumento de la población basada en relativamente en pocos sementales. El resultado: una tasa de endogamia del 2 % para el año 2000. Entre los signos de depresión endogámica resultado de la alta consanguinidad, se puede citar una reducción en la calidad del semen y en la fertilidad de las hembras. También hubo un aumento en la frecuencia de trastornos genéticos tales como criptorquidia, retención de placenta, enanismo, e hidrocefalia. La organización de mejoramiento, como medida para frenar el aumento en la tasa de endogamia, fijó a 180 número máximo de crías por semental por año, por un periodo máximo de 6 estaciones de servicio. A partir de la edad de 9 años en adelante se eliminan dichas restricciones. Estas limitaciones tienen consecuencias económicas, especialmente para los propietarios de sementales, pero resultan positivas para las perspectivas futuras de la población en su conjunto. En 2013, la tasa de consanguinidad se redujo a 0,5%. Para el año 2013, la tasa de consanguinidad se redujo a 0,5 %.



5. Capítulo 10.5: contribuciones genéticas y la aparición de trastornos recesivos

¿Puede preguntarse por qué es arriesgado utilizar un animal superior en exceso? La respuesta es debido al efecto que tiene en el aumento de la tasa de endogamia. Esta indica el riesgo de que aumente la frecuencia de trastornos genéticos. Se ha estimado que cada individuo es portador de aproximadamente 25 trastornos recesivos, la mayoría de ellos aún se desconoce, independientemente de la especie animal. Las contribuciones genéticas están directamente relacionadas con la tasa de endogamia. Cuanto mayor es la contribución genética, mayor es el riesgo de que los animales se conviertan en homocigotas para estos trastornos genéticos en el futuro.

Para tener una idea de la forma en que estos trastornos genéticos se extienden en la población, consideremos el surgimiento de una nueva enfermedad: la aparición de una mutación negativa, de carácter recesivo. Puede tomar algún tiempo antes de que esta nueva mutación se manifieste, ya que al principio solo unas pocas crías la tienen (aproximadamente 50% portadores). En la siguiente generación por lo general, todavía no aumenta mucho su ocurrencia debido a que los apareamientos entre hermanos están prohibidos. Por lo tanto, será necesario que se produzca otra generación de animales homocigotos, y que se permita el apareamiento de animales de diferentes generaciones (padres e hijos o tío-sobrino). Incluso entonces, el número de homocigotos recesivos será pequeño por lo que, dependiendo del tipo de defecto, todavía puede pasar desapercibido. Sólo en la cuarta generación después de que ocurrió la mutación habrá animales que serán homocigotas, a causa del apareamiento entre parientes no muy cercanos. Esto dependerá de la gravedad del trastorno, si va a ser reconocido como tal en las primeras generaciones. Especialmente si el trastorno no conduce a problemas muy graves puede pasar desapercibida durante mucho tiempo. En el momento en que se reconoce la frecuencia de los alelos en la población ya puede ser bastante sustancial.

En la Figura 3 se muestra un ejemplo numérico, que permitiría la posibilidad de detección oportuna de una mutación con un efecto negativo. Por debajo de la tabla, se lista una serie de supuestos: como el número de crías (cada animal tendrá 10 crías), evitar la endogamia (no se realizan apareamientos hermano-hermana o padres e hijos). Dadas estas premisas, la tabla muestra que una nueva mutación demora alrededor de 4 nuevas generaciones antes de que haya alguna posibilidad de que se note. Sólo se manifestará si las consecuencias de la misma son muy negativas y no se pueden atribuir a otra cosa. Por ejemplo, si la mutación tiene un efecto negativo sobre la supervivencia embrionaria, tomará mucho más tiempo antes de que nos demos cuenta de que la aparente falta de fertilidad es debido a la mortalidad embrionaria y no a otras razones, como

la mala calidad del esperma.

Volviendo al ejemplo numérico: en algún momento se produce una mutación recesiva negativa. La descendencia del animal será en parte portadora: la mitad de la descendencia hereda el alelo mutado y la otra mitad hereda el alelo salvaje o normal. En la primera generación, 5 animales son portadores, y 5 animales no lo son. Todos los otros animales en la población son del tipo salvaje (no están en la tabla), pero se pueden utilizar para el apareamiento, como ocurrió en la generación 1 para crear la generación 2 (no se permitió el apareamiento entre hermanos). Una vez más, 10 crías por animal, lo que resulta en 25 portadores y 75 de tipo salvaje. En la próxima generación, de nuevo el apareamiento fue sólo con el tipo salvaje, resultando 125 portadores y 825 de tipo salvaje. Se deja entonces que se realicen apareamientos entre los portadores, pero no aun entre hermanos. Así que, de los 125 portadores, tan sólo 100 están autorizados a aparearse. Si todos estos animales se apareasen entre sí (portador con portador), entonces el número de animales afectados sería 25, ¡de 10000! Así que dado todos los supuestos, que son bastante realistas, aunque en lugar de 10 crías por animal, podrían ser algunas más, después de 4 generaciones sólo un máximo de 0,25% de los animales se ven afectados. Si el efecto de la alteración genética no es muy extremo o inusual, se necesitarán muchas más generaciones antes que nos demos cuenta de que el número de animales afectados es cada vez mayor y tal vez podría ser hereditario.

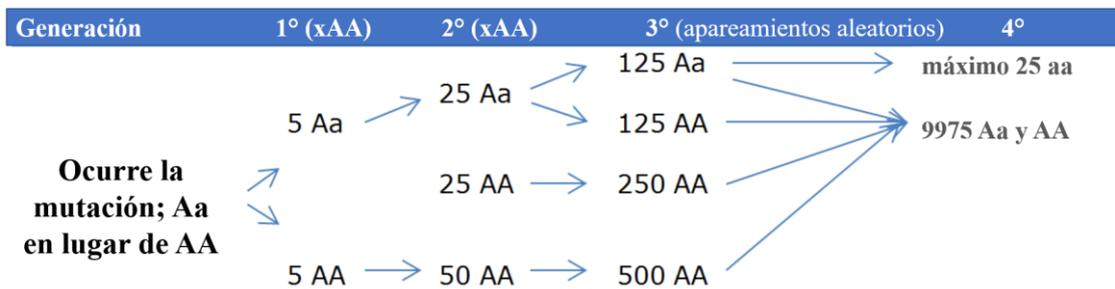


Figura 3. Ejemplo numérico del tiempo que una mutación con un efecto negativo puede pasar inadvertida. Supuestos importantes: 10 crías por animal por generación, el apareamiento aleatorio dentro de cada generación, pero no entre hermanos (completo y medio). Tenga en cuenta que la población probablemente sea más grande que este ejemplo, ya que esta se obtiene de un único animal de partida.

¡Esto fue sólo un ejemplo numérico, pero estas cosas realmente suceden! Un famoso (o más bien infame) ejemplo es el de los trastornos hereditarios BLAD (Deficiencia en la adhesión de leucocitos en bovinos) y CVM (malformación vertebral compleja) en el ganado lechero Holstein. Una gran contribución genética de un solo toro resultó en dos trastornos hereditarios que se difundieron ampliamente, en la población Holstein.

5.1. Capítulo 10.5.1: El uso continuado de un toro para la frecuencia de defectos genéticos

En la década de 1980 del siglo pasado hubo un toro llamado Carlin M Ivanhoe Bell (apodo: Bell). Era muy popular debido a que sus hijas eran muy buenas productoras de leche, y se utilizó ampliamente como semental durante dos décadas. Sus hijos también fueron muy usados y hoy en día la mayoría de las vacas Holstein son consanguíneas a Bell, a menudo a través de más de una vía.



Por desgracia, muchas generaciones después, resultó que Bell era portador de dos trastornos genéticos: BLAD y CVM, y debido al intenso uso que se le dio como semental, los trastornos se extendieron por toda la población de ganado lechero Holstein frison. El trastorno BLAD es la causa de inmunodeficiencia, dando lugar a infecciones recurrentes. Se remonta a Osbornale Ivanhoe, el abuelo de Bell. El trastorno CVM, resulta muy frecuentemente (88% de los casos) en el aborto dentro de 260 días después de la inseminación. Sólo entre el 4 y el 5% de los fetos nacen vivos. Se remonta a Ivanhoe Star, el padre de Bell. El CVM fue descubierto en 1999.

Así que, aunque, ni la mutación que produce BLAD ni CVM se originan a partir de Bell, pero si posiblemente, en su padre y abuelo, la elevada gran contribución genética de Bell causó la extensa propagación de ambos trastornos a través de la población de ganado lechero Holstein frison. Ninguno de los trastornos fue lo suficientemente grave como para asociarlo a un trastorno genético, aun en bajas frecuencias. Por lo tanto, se les permitió extenderse ampliamente antes de que se determinara que se trataba de un trastorno de origen hereditario.

Entonces:

La velocidad de propagación de trastornos genéticos recesivos a través de una población se incrementa con el uso intensivo de los animales. Los trastornos se extienden ampliamente antes de que sean reconocido como tal.

6. Capítulo 10.6: Confirmación de la paternidad

En muchas asociaciones de mejoramiento es preciso recurrir a pruebas de ADN para confirmar la paternidad cuando nace la descendencia, para poder proteger la calidad del registro del pedigrí. Hay una serie de razones por las cuales el registro del pedigrí puede ser de mala calidad:

- a. En algunos sistemas de apareamiento grupales (por ejemplo, en peces) donde múltiples machos y hembras están alojados juntos. El pedigrí exacto de la descendencia únicamente se dará a conocer después del análisis de ADN.
- b. Cuando nacen muchas crías el (aproximadamente) mismo día, el etiquetado de los animales no siempre se realiza con precisión, y el registro de un animal en el pedigrí puede ser incorrecto
- c. En sistemas de pastoreo numerosos (por ejemplo, en Nueva Zelanda) del ganado lechero, donde las vacas han sido inseminadas con diferentes toros en un período de seis semanas, no siempre está claro qué ternero pertenecía a qué vaca después del ordeño diario, y de aquellos terneros nacidos sin supervisión en el parto. En ese caso, ambos padres son inciertos y ante la necesidad de reconstrucción de la filiación, se recurre a técnicas basadas en análisis de ADN.
- d. Cuando fallan los apareamientos, las hembras se aparean de nuevo. A veces con el mismo macho, a veces con otro. Como el esperma puede sobrevivir en la hembra durante algún tiempo, una prueba de ADN revelará que macho es el padre.
- e. En el inicio de un programa de mejoramiento, cuando es poca o nula la información del pedigrí, se puede utilizar una prueba de ADN (varios SNP's, por ejemplo) para probar el parentesco de animales con pedigrí incompletos.

- f. Para desalentar falsos apareamientos. Especialmente en situaciones en que el apareamiento real es caro, el propietario del macho puede tener la tentación de utilizar una alternativa cuando el número de apareamientos excede el potencial del macho. O cuando la fertilidad del macho es insuficiente. Sobre todo, en el pasado, antes de que estuviesen disponibles las pruebas de ADN, se realizaban estas prácticas en caballos.

Entonces:

Para mantener los registros de pedigrí de manera precisa, la filiación de la descendencia puede ser probada mediante test de ADN. Hay una serie de situaciones en las que las pruebas basadas en análisis del material genético son la única manera de confirmar la paternidad.

7. Capítulo 10.7: Cuestiones clave en selección y endogamia

1. El apareamiento consiste en encontrar la pareja adecuada, entre las alternativas disponibles, y producir descendencia.
2. Las decisiones de apareamiento no tienen ninguna influencia sobre el mejoramiento genético a nivel de población, pero pueden tener alguna influencia a nivel individual.
3. El apareamiento compensatorio consiste en encontrar el mejor compañero para compensar las deficiencias de la hembra.
4. La selección del compañero debe tener en cuenta la relación genética aditiva entre los potenciales padres, que refleja directamente el coeficiente de endogamia previsto en la descendencia.
5. La intensidad de apareamiento desbalanceada puede tener consecuencias irreversibles para la tasa de endogamia en las generaciones futuras.
6. Hay un conflicto de intereses entre el beneficio a corto plazo (beneficio para el productor y criador) y los costos a largo plazo (problemas de consanguinidad) resultado del uso intensivo de animales genéticamente superiores.
7. Las pruebas de ADN se pueden utilizar para confirmar la paternidad de la descendencia.

Capítulo11: Cruzamientos o exogamia

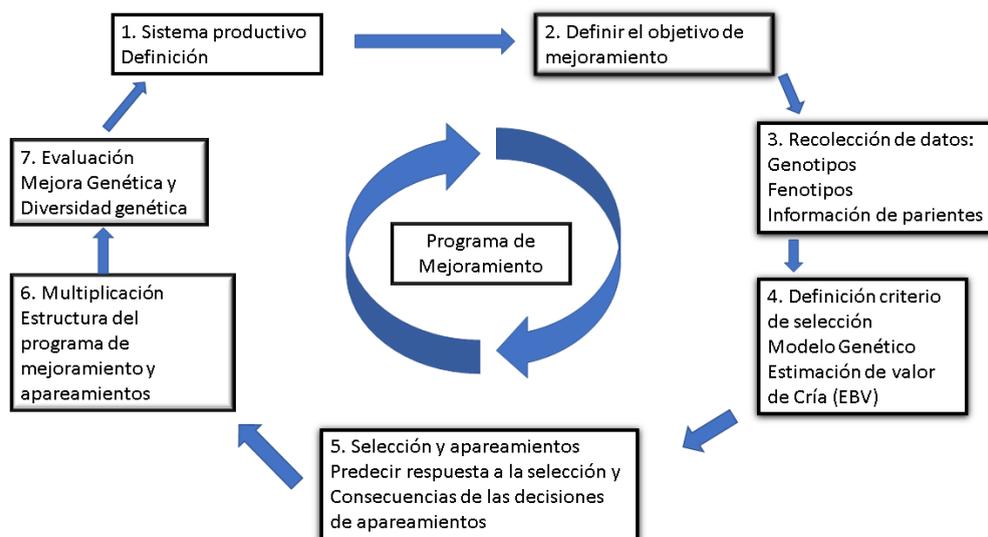
Tabla de contenidos

- 1 Capítulo 11.1 Definiciones de una raza
- 2 Capítulo 11.2 Heterosis
- 3 Capítulo 11.3 Los antecedentes genéticos de la heterosis
- 4 Capítulo 11.4 Efectos de heterosis.
- 5 Capítulo 11.5 Motivación para el cruzamiento
- 6 Capítulo 11.6 Los diferentes sistemas de cruzamiento y su aplicabilidad
 - 6.1 Capítulo 11.6.1 Cruzamiento bidireccional (cruza de razas puras)
 - 6.2 Capítulo 11.6.2 Cruzamiento de tres vías
 - 6.3 Capítulo 11.6.3 Cruzamientos a cuatro vías
 - 6.4 Capítulo 11.6.4 Rotación bidireccional
 - 6.5 Capítulo 11.6.5 Rotación de tres vías
 - 6.6 Capítulo 11.6.6 Introducción
 - 6.7 Capítulo 11.6.7 Calificación hacia arriba
 - 6.8 Capítulo 11.6.8 Creación de una raza sintética
- 7 Capítulo 11.7 Cuestiones clave sobre el cruzamiento

Bakewell (ver capítulo 1) no sólo fue el fundador de la cría práctica, sino también el fundador de las primeras razas estandarizadas. Antes de 1850 la humanidad usaba razas terrestres en la agricultura y otras actividades. Eran poblaciones muy bien adaptadas a los lugares donde se mantenían. Pero sus características, sus fenotipos, eran muy variables y las características de su progenie eran apenas predecibles. Bakewell crió las primeras razas estandarizadas de acuerdo con un estándar de cría para la conformación y un objetivo de cría definido. De esta manera la selección para algunas características en una raza terrestre llevó a la creación de una raza (estandarizada).

Definiciones *Una raza es un grupo de animales que se entrecruzan dentro de una especie con alguna apariencia común identificable, de rendimiento, ascendencia o historia de selección. Se utilizan muchas definiciones para definir este concepto. Véase 11.1 para más detalles.*
Los cruces o cruzamientos son apareamientos entre animales de diferentes razas o líneas

El cruce de animales de diferentes razas es el apareamiento sistemático de animales de diferentes razas como parte de un programa de mejoramiento animal bien diseñado. ¿Cuáles son los pros en contras del cruzamiento en la cría comercial de carne de vacuno, aves de corral y cerdos? En este capítulo explicamos primero los antecedentes teóricos del cruzamiento y los diferentes sistemas de cruzamiento antes de esbozar la estructura programas de mejoramiento animal en el próximo capítulo. El cruce se lleva a cabo después de la selección de los padres en diferentes razas o líneas (fase 5 en la figura a continuación) y es estructuralmente en un programa de mejoramiento animal (fase 6).



Muchas razas estandarizadas en caballos y perros son el resultado de cruzar animales de diferentes razas (razas terrestres o razas estandarizadas) en combinación con una fuerte selección entre los cruzamientos animales para las características de la norma de cría. Por lo tanto, la consiguiente selección de características específicas ha dado lugar a la existencia de una amplia variedad de razas dentro de las especies domesticadas. Las razas difieren en características y ciertos objetivos de producción específicos, la combinación de características de diferentes razas podría ser necesaria. Por esa razón a veces las razas se cruzan. Por ejemplo, en los países tropicales, una raza de ganado local con una alta resistencia a las garrapatas se cruza con una raza exótica con una alta producción de carne, por ejemplo, para obtener animales con producción moderada, pero resistentes a las garrapatas.

En este capítulo explicaremos los siguientes temas:

- Los antecedentes genéticos de la heterosis
- Motivación para el cruzamiento
- Los diferentes sistemas de cruzamiento y sus usos y aplicaciones

1. Capítulo 11. 1 Definición de una raza

¿Qué es una raza?

Una pregunta sencilla pero difícil de responder, y a continuación se publican definiciones de una variedad de grupos, cada una de ellas pertinente y pertinente a sus interesados:

- i. "Los animales que, a través de la selección y la cría, han llegado a parecerse entre sí y a pasar esos rasgos de manera uniforme a su descendencia". (<http://www.ansi.okstate.edu/breeds/>, 28/09/2006)
- ii. "Una raza es un grupo de gatos domésticos (subespecie *Felis catus*) cuyo órgano rector de la CFA ha acordado reconocer como tal. Una raza debe tener rasgos distintivos que la diferencien de todas las demás razas". (Cat Fanciers Association, <http://www.cfa.org/breeds/breed-definition.html>, 28/09/2006)
- iii. "Una raza 1 o variedad de hombres 3 u otros animales 4 (o de plantas 5), perpetuando su especial ó distintivas características 6 por herencia 7". (<http://www.biology-online.org/dictionary/Breeds>, 28/09/2006)
- iv. "Raza, cepa; estirpe; una línea de descendientes que perpetúa cualidades hereditarias particulares". (Oxford English Diccionario, 1959)
- v. "O bien un grupo subespecífico de ganado doméstico con características externas definibles e identificables que permiten separarlo por valoración visual, de otros grupos definidos de manera similar dentro de la misma especie, o un grupo para el cual la separación geográfica y/o cultural de grupos fenotípicamente separados ha llevado a la aceptación de su identidad separada". (FAO World Watch List, 3ª edición)
- vi. "Una raza es un grupo de animales domésticos, denominados así por consentimiento común de los criadores, ... un término que surgieron entre los criadores de ganado, creados, podría decirse, para su propio uso, y no se justifica asignar a esta palabra una definición científica y al llamar erróneamente a los criadores cuando se desvían de la formulación por definición. Es su palabra y el uso común de los criadores es lo que debemos aceptar como la definición correcta." ('El Genética de las Poblaciones'; Lush, 1994)
- vii. "Una raza es una raza si suficientes personas dicen que lo es". (K. Hammond, comunicación personal))

Definición continua v), la FAO sostiene que la raza es muy a menudo un término cultural y debe ser respetada como tal, una perspectiva claramente articulada en la definición (vi), y sucintamente resumido en (vii). Esto se reconoce, pero el concepto desemejanza a través de descendiente hereditario común es una adición útil a la definición de una raza.

¹Fuente: Capítulo 3. What is genetic diversity? John Woolliams and Miguel Toroin Utilization and conservation of farm animal genetic resources, 2007. Editor. Kor Oldenbroek. Wageningen Academic Publishers.

1 <http://www.biology-online.org/dictionary/Race>

2 <http://www.biology-online.org/dictionary/Variety>

3 <http://www.biology-online.org/dictionary/Men>

4 <http://www.biology-online.org/dictionary/Animals>

5 <http://www.biology-online.org/dictionary/Plants>

6 <http://www.biology-online.org/dictionary/Characteristics>

7 <http://www.biology-online.org/dictionary/Inheritance>

2. Capítulo 11.2 Heterosis

El cruzamiento no sólo se aplica con diferentes razas, sino también con diferentes líneas de selección previa. Esto se explota plenamente en el mejoramiento animal comercial de cerdos y aves de corral. Estas líneas están formadas por la cría pura o cruzando diferentes razas. Después de la formación de la línea, los animales en una línea de selección de este tipo son seleccionados para un número limitado de rasgos de meta de reproducción. Después de generaciones de selección sobresalen en estos rasgos específicos de la meta de mejoramiento animal. Cuando se cruzan esas líneas,

Los cruzamientos no sólo combinan las características de cada una de las líneas, sino que para algunas características el rendimiento de los cruzamientos es superior al promedio rendimiento de las razas progenitoras debido a la heterosis.

Definición

La heterosis o el vigor híbrido (término utilizado principalmente en el fitomejoramiento) es la medida en que el rendimiento de un cruzamiento de uno o más rasgos, es mejor que el promedio de rendimiento de los dos padres

3. Capítulo 11. 3. El trasfondo o *background* genético de la heterosis

Para empezar con un ejemplo simplificado: supongamos (no válido en el mundo real) que en el pollo un solo gen con dos alelos diferentes A, determina la cantidad de huevos producidos en un año.

La raza 1 es homocigota (fija) para A: todos los animales tienen el genotipo AA.

La raza 2 es homocigota (fija) para a: todos los animales tienen el genotipo aa.

La raza 1 produce 96 huevos al año y cría 2 94 huevos al año.

Las pollas de raza 1 se aparean a gallinas de raza 2.

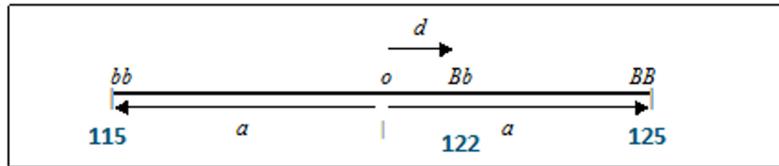
Se espera que su descendencia con genotipo Aa produzca 95 huevos por año, el promedio de las dos razas parentales, pero producen 100 huevos por año. *Este es el efecto de la heterosis: el rendimiento de un cruzamiento (Aa) o híbrido es mejor que el rendimiento promedio de las dos razas parentales (AA y aa). La heterosis es de 5 huevos por año de expresado como un porcentaje de 5/95 a 5,2 %.* La heterosis se basa en el fenómeno de la *¿dominancia?*: el genotipo Aa tiene un valor superior al promedio del genotipo AA y aa.

Definición

La dominancia es cuando los alelos de un locus no son aditivos. Cuando un locus muestra dominancia, el valor genotípico de un heterocigota en un rasgo, no es el promedio de los dos homocigotos. Un tipo extremo es la sobredominancia. Ocurre cuando el heterocigoto tiene un valor genotípico más extremo que cualquiera de sus progenitores

A continuación, encontrará otro ejemplo como una ilustración de la heterosis debido a un efecto de dominancia en un solo locus.

- El valor genotípico del homocigoto BB a 125.
- El valor genotípico del homocigoto bb a 115.
- El heterocigoto Bb tiene un valor genotípico de 122.
- El efecto aditivo de B sobre b a $125-115/2 = 5$.
- El efecto de dominancia de Bb es $122-120$ (120 o el valor medio de BB y bb) = 2.

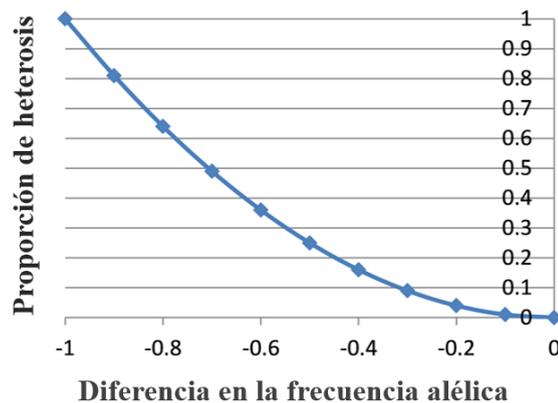


Origen: $o = (bb+BB)/2 = (115+125)/2 = 120$
 Efecto aditivo: $a = (BB - bb)/2 = (125 - 115)/2 = 5$
 Efecto de dominancia: $d = Bb - o = 122 - 120 = 2$

4. Capítulo 11. 4 Efectos de la heterosis

La heterosis tiene un efecto positivo porque en los cruzamientos muchos genes son heterocigotos, pero eran homocigotos en las razas parentales (puras). Los alelos con un efecto negativo son a menudo recesivos. En los cruzamientos se descartan estos alelos recesivos negativos. La cantidad de heterosis que cabe esperar para una característica específica en un cruce de dos razas depende del número de loci involucrados y de las diferencias entre las dos razas en las frecuencias de alelo en estos loci.

En la figura de abajo esto se ilustra cuando un rasgo es determinado por los dos alelos de un gen. Cuanto mayor sea la diferencia en la frecuencia génica, mayor será la cantidad de heterosis. Después de cruzar las dos líneas para rasgos multigénicos, la cantidad de heterosis está determinada por **la diferencia media en las frecuencias de alelos para el número total de genes involucrados y los efectos de dominancia en cada locus**. Cuando la diferencia en las frecuencias de alelo es -1 (para todos los genes las razas son homocigotas para diferentes alelos, que la heterosis es igual a 1 (100%).



5. Capítulo 11. 5. Motivación para realizar cruzamientos

La heterosis es una de las razones para aplicar el cruzamiento de razas o líneas. Estos efectos de dominancia se observan en todas las especies y a través de las *especies se puede concluir que las estimaciones de heterosis son más altas para características con una baja heredabilidad y menor para rasgos con una alta heredabilidad. La heterosis es a menudo sustancial para la fertilidad y la salud*

1. Las **características que no se pueden mejorar fácilmente mediante la cría selectiva debido a la baja heredabilidad**. Por lo tanto, la mejora de los *rasgos de salud y fertilidad es a menudo una motivación importante para aplicar el cruzamiento*. En Nueva Zelanda el cruce entre el ganado Jersey y Holstein tiene una larga historia y desde 2000 en Norteamérica y en Europa Occidental cruce de ganado lechero se aplica cada vez más. Estos cruzamientos se aplican para mejorarla fertilidad y las características de salud de las vacas lecheras de alta producción. Estas características difícilmente se pueden mejorar en los programas de selección donde la producción de leche es un rasgo importante de la meta de mejoramiento animal. Una investigación danesa (resumida a continuación) sobre un cruce de diferentes razas lecheras se puede utilizar la heterosis para mejorar estas características que tienen una fuerte relación con la longevidad y el beneficio general.

Heterosis estimada (ganado lechero)

| Carácter | Heterosis |
|---------------------|---------------------|
| Producción: | 3% |
| Fertilidad: | 10% |
| facilidad de parto: | 10 a 15% |
| nacimiento de feto: | 10 a 15% |
| Habilidad materna: | 10 a 15% |
| Longevidad: | 10-15% |
| Merito total: | Mayor o igual a 10% |

□ *Sorensen et al. (2008)*



Referencia: Cruce en ganado lechero: Una perspectiva danesa. Sorenson, M.K. et al., 2008. Journal of Dairy Science, Vol 91 (11), págs. 4116-4128

2. La segunda razón para el cruzamiento es explotar la complementariedad de razas o líneas: la **combinación de las características de dos razas o líneas es favorable**. Un ejemplo es la cruce de cerdas de una raza de cerdo con un alto tamaño de camada con un jabalí de una raza que da un rápido crecimiento hasta el peso de sacrificio. La cruce conduce a más cerdos por camada que crecen rápidamente durante el engorde. Esto da una mayor rentabilidad que mantener una cerda pura raza con el mismo tamaño de camada y un crecimiento moderado de los lechones o mantener una cerda de una raza con un tamaño de camada moderada y un rápido crecimiento de sus lechones.
3. La tercera razón es que los cruzamientos combinan características que no se pueden mejorar fácilmente simultáneamente en una sola raza. Un ejemplo es el crecimiento de la carne magra y la calidad de la carne en cerdos. Estos rasgos están dentro de *razas* o líneas correlacionadas negativamente: los animales con un mayor crecimiento de carne magra tienen una puntuación más baja para la calidad de la carne y el reverso: los genes que influyen en el crecimiento de la carne magra también influyen en la calidad de la carne, pero tienen un efecto opuesto.
4. La última razón del cruzamiento es la protección de la mejora genética en las líneas de selección de empresas comerciales. Invierten mucho en mantener animales, registrar rasgos, etc. Mediante la venta de sólo animales cruzados a los agricultores, evitan que los competidores puedan utilizar su stock de padres de pura raza. Y la venta de cruzamientos a los agricultores, generación tras generación genera los ingresos para las empresas de mejoramiento animal.

6. Capítulo 11. 6. Diferentes sistemas de cruzamientos y sus usos

Primero: donde usamos la palabra raza, también puede leer la línea de selección. En la selección

comercial de cerdos y aves de corral en líneas de selección especializadas es mucho más común que la selección dentro de las razas. Segundo: en todos los sistemas de cruzamiento antes de cruzar los animales, primero se seleccionan para los rasgos relevantes. El cruzamiento no hace que la selección sea redundante. Tercero: los esquemas de cruzamiento requieren una aplicación estricta por parte de todos los participantes. Por lo tanto, el cruzamiento se aplica por varias razones y sólo se pueden realizar cuando el sistema de cruce elegido se implementa estrictamente. En estos sistemas de cruzamiento los porcentajes de heterosis varían como se puede ver en la siguiente tabla (los sistemas de cruce se describirán en los subcapítulos):

Heterosis en distintos sistemas de cruzamiento con razas S y T

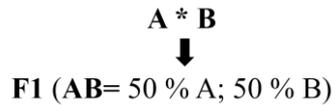
| Tipos de cruzamientos | Heterosis (%) |
|--|---------------|
| F1 SxT: | 100% |
| F2: (SxT) x (SxT) | 50% |
| Retrocruza S x (SxT) xT | 50% |
| 2da. Generac Rotacional.: Sx (Tx(sxT)) | 75% |
| 3ra Genera. Rotac Tx (Sx (tx (SxT))) | 62.5% |
| Rotacional luego muchas generac. | 66.6% |
| Segunda gen. De línea sintética | 50% |
| F2: (SxT) x (SxT) | 50% |
| Tercera gen. De línea sintética | 50% |
| F3 (SxT) x (SxT) x(SxT) | 66.6% |
| Sintética de 3 vías luego de gener | 66.6% |



En el cruce de razas puras, la heterosis en el F1 es del 100 %. En la población F1 la diferencia en las frecuencias alélicas entre la F1 y una de las razas primarias es la mitad de la diferencia entre las dos razas primarias. Este hecho hace que, por ejemplo, cuando la F1 se aparee con una de las razas madre en un *backcross* o retrocruza la heterosis en la F2 es 50 % en comparación con la cruce original de dos vías. El % de heterosis depende de la diferencia en las frecuencias alélicas entre la población hembra y la población del macho del cruzamiento. ***Como se ha dicho antes, la heterosis es más pronunciada y valiosa para la mejora de rasgos con una baja heredabilidad como la salud y la fertilidad rasgos.***

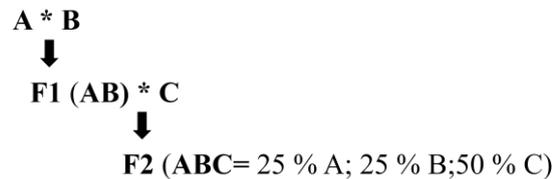
6.1 Capítulo 11.6. 1 Cruzamiento de dos vías (cruzamiento puro)

Se cruzan dos razas y la descendencia se utiliza sólo para fines de producción y no para la cría. Para el cruzamiento se usa la notación F1. El efecto completo de la heterosis puede ser explotado en la descendencia. Requiere el mantenimiento de las razas puras, ambas con un programa de cría. Este sistema se utiliza ampliamente en el ganado lechero y en ovejas. Las hembras que no se necesitan para producir reemplazos de hembras de raza pura se aparean con una raza de elevada tasa de crecimiento y calidad para faena. De esta manera, el valor de la descendencia que no se necesita para el reemplazo obtiene un valor mucho más alto comparada con la descendencia de pura sangre.



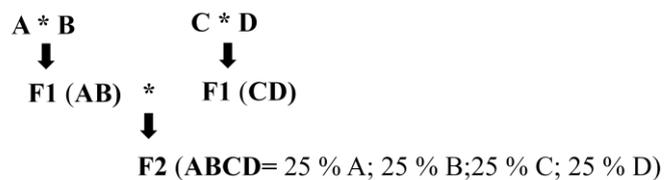
6.2. Capítulo 11.6. 2 Cruzamiento de tres vías

En esta cruce de dos vías, las hembras cruzadas (F1s) se cruzan a un macho de pura raza de una tercera raza. Para su descendencia, la segunda generación en la cruce, se utiliza la notación F2 (filial 2). En este sistema se puede utilizar el efecto completo de la heterosis en las hembras cruzadas (F1). Un caso especial de un cruzamiento de tres vías es el apareamiento de razas cruzadas hembra a uno de los sementales de las razas de los padres. Esto se conoce como un *backcross* o retro cruce. En el pasado en los Países Bajos, la cruce de tres vías con la raza Landrace y el cerdo holandés Large White era muy popular. Las cerdas Landrace eran excelentes madres. The Dutch Large (el cerdo blanco fue excelente en el crecimiento y las características de la canal, pero peor en las características maternas. La primera cruce dio excelentes cerdas con camadas numerosas (debido a las características de Landrace y la heterosis) y después del *backcross* o retro cruce un alto número de lechones nacieron con excelente crecimiento y calidad de la canal.



6.3. Capítulo 11.6. 3 Cruzamientos de cuatro vías

En esta cruce de dos vías se cruzan las hembras cruzadas (F1s) con machos cruzados de una tercera y cuarta raza. Para su descendencia, la segunda generación en la cruce, se utiliza la notación F2 (filial 2). En este sistema se puede utilizar el efecto completo de la heterosis en las hembras cruzadas (F1) y machos (F1). Los cruzamientos de cuatro vías son ampliamente utilizados en programas comerciales de cría de aves de corral. Las tres razones forman la motivación para estos cruzamientos de cuatro vías en la producción de capas y pollos de engorde: explotar la heterosis, combinar la capacidad de razas y cruzamientos y la selección en razas por rasgos que no se puede mejorar fácilmente simultáneamente en una sola raza. En estos programas de mejoramiento animal de aves de corral mucho (15-20) de rasgos son importantes; muchos de ellos están relacionados negativamente entre sí y/o tienen una baja heredabilidad. Primero la selección de rasgos en líneas especializadas y luego la combinación de los rasgos de las líneas por el cruzamiento da el beneficio total de la heterosis.

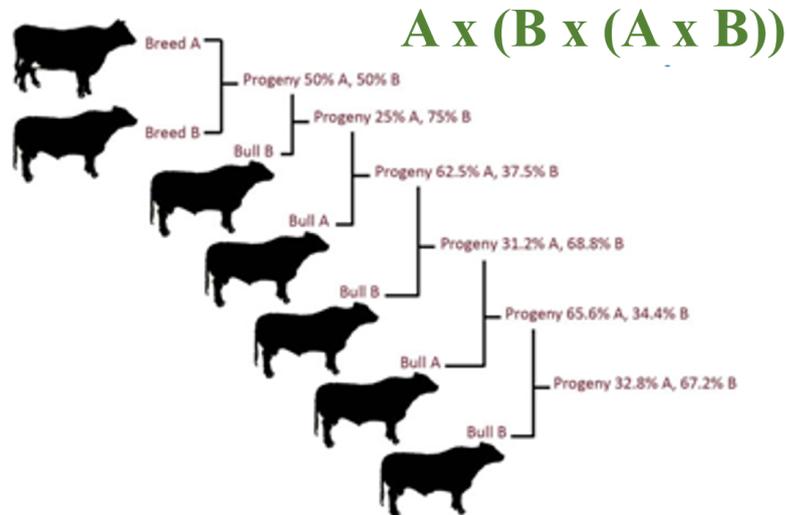


6.4. Capítulo 11.6. 4 Rotación de dos-vías (entrecruzamiento, o *crisscross*)

En esta cruce el inicio es similar a la retrocruce. Las hembras de raza A se cruzan a los machos de la raza B. Sus crías hembras (F1) están (atrás) cruzadas con un macho de raza B. Sus crías hembras (F2) se cruzan con un macho de la raza A. Sus crías hembras (F3) se cruzan con un macho de raza B, etc. Alternativamente en cada generación se utilizan machos de raza A y raza B

y las hembras cruzadas en todas las generaciones se pueden utilizar para producir reemplazos. Al cruzar una parte (2/3 en comparación con una cruce de raza pura) del efecto de heterosis todavía puede ser explotado. Las razas puras todavía necesitan ser mantenidas con un programa de mejoramiento animal, pero esto puede ser hecho por otros criadores. Debajo de la cruce de rotación bidireccional en el ganado se ilustra:

Retrocruza rotacional



Si se empieza con 50 %/50 %, la rotación se estabiliza en 65 %/35 %, dando 65 % de la última línea paterna usada.

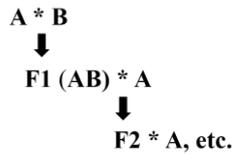
6.5. Capítulo 11.6. 5. Cruzamientos rotacional de 3 vías

En esta cruce las hembras de raza A se cruzan a los machos de la raza B. Sus crías hembras (F1: AB) se cruzan con un macho de raza C. Sus crías femeninas (F2: 25 %A, 25 %B y 50 %C) se cruzan entonces con un macho de raza A.

Sus crías femeninas (F3: 62,5 %A, 12,5 %B y 25 % C) se cruzan con un macho de raza B, etc. Alternativamente en cada generación se utilizan machos de raza A, B y C y las hembras cruzadas en todas las generaciones se pueden utilizar para reemplazos de productos. En tal cruce, una gran parte (6/7) del efecto de la heterosis todavía puede ser explotada.

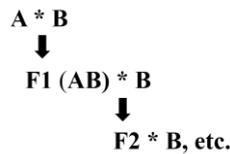
6.6. Capítulo 11.6. 6. Introgresión

En este cruzamiento de machos de raza B o cruzados con hembras de raza A para incorporar una característica que está presente en la raza B con una alta frecuencia y que está ausente o tiene una baja frecuencia en la raza A. Las hembras de la primera cruce (F1: AB) son seleccionadas por la característica deseada de la raza A y apareadas con machos de raza A. Esto se repite en las próximas generaciones. La raza B se utiliza una vez y la selección en los cruzamientos conduce a la introgresión de la característica deseada de la raza B. Los marcadores genéticos para el caracter deseado mejoran en gran medida la aplicabilidad de este método. Un ejemplo de introgresión es la transferencia del alelo Booroola en la raza de ovejas Texel en los Países Bajos. Aumenta en el tamaño de la camada y está presente en las ovejas Merino. Al cruzar una oveja Texel con carneros Merino, seguido de la selección de portadores del alelo Booroola, la F1 resultante resultó en ovejas Texel pura que producen el doble de corderos en comparación con las no portadores del alelo buscado.

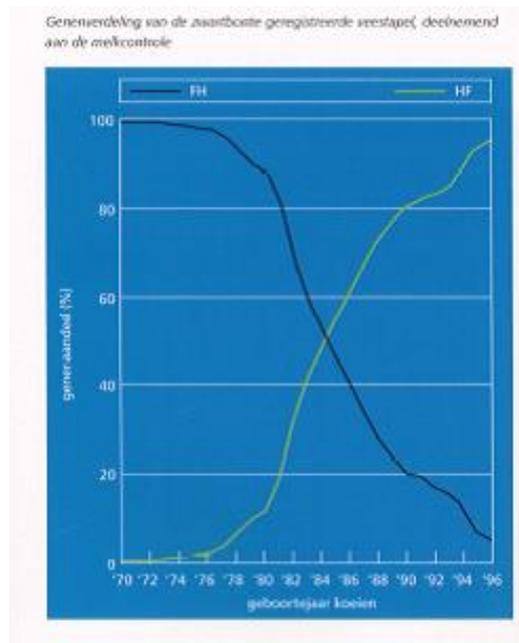


6.7. Capítulo 11.6.7. Cambio de razas, absorción o encaste (*grading-up*)

En esta cruce el método utilizado tiene como objetivo cambiar rápidamente una población de animales de una raza a otra. Los sementales de la raza deseada son continuamente cruzados a las hembras de la generación anterior. Después de tres generaciones los animales F3 contienen ya el 87,5 % los genes de la raza deseada y después de cuatro o cinco generaciones, la población se asemeja plenamente a la raza parental deseada (también denominados puros por cruce).



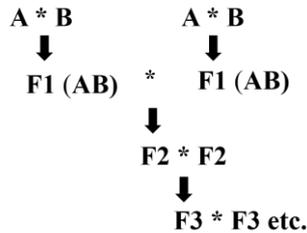
Tal proceso tuvo lugar en Europa occidental en los 70', en el siglo pasado, cuando las poblaciones locales de ganado blanco y negro (Holando) fueron apareadas con sementales de Holstein Frison de América del Norte , logrando así la actual raza llamada Holstein Frison europeo.



6.8 Capítulo 11.6. 8. Creación de una raza sintética

Esta cruce comienza de la siguiente manera: dos razas puras se cruzan y los machos y hembras de la generación F1 se aparean recíprocamente. Esto se continúa en el F2, F3, F4 etc. De esta manera se crea una nueva raza (sintética) que contiene partes iguales (50%) de los alelos de las dos razas fundadoras. De acuerdo con este principio también se pueden utilizar tres o cuatro razas para crear una raza sintética. Entonces el apareamiento recíproco de machos y hembras en la generación F2 es el verdadero comienzo de la nueva raza sintética. El Flevolander holandés es un ejemplo

reciente de una nueva raza creada. Comenzó con la cruce de ovejas Landrace finlandesas, una raza de un alto tamaño de camada, con ovejas de *Ile-de-France*, una raza con un patrón de estro no estacional. Las ovejas F1 producen camadas grandes y dan tres corderos en dos años. Los carneros F1 fueron acoplados a F1 hembras, F2 carneros con ovejas F2, carneros F3 con hembras F3, etc. De esta manera se crea una raza de oveja muy prolífica.



7. Capítulo 11. 7. Aspectos clave en los cruzamientos

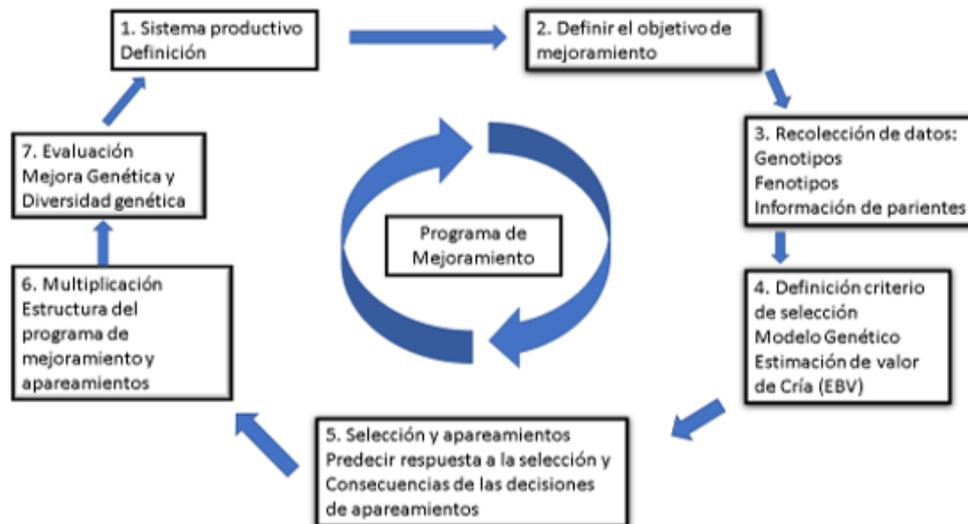
1. Los cruzamientos son apareamientos entre animales de diferentes razas o líneas.
2. Una raza es un grupo de animales que se aparean entre sí dentro de una especie, con alguna apariencia común identificable, rendimiento, ascendencia o historia de selección.
3. Las líneas de selección se forman por la cría pura o cruzando diferentes razas. Después de la formación de la línea, los animales en una línea de selección de este tipo son seleccionados para un número limitado de rasgos objetivos de selección. Después de generaciones de selección sobresalen en estos rasgos específicos del objetivo de mejoramiento animal.
4. Cuando se cruzan razas o líneas de selección, los cruzamientos no sólo combinan las características de cada una de las razas o líneas, sino que para algunas características el rendimiento de los cruzamientos es mayor que el rendimiento promedio de las razas o líneas parentales debido a la heterosis.
5. La heterosis o vigor híbrido es la medida en que el rendimiento de un cruce en uno o más rasgos es mejor que el rendimiento promedio de los dos padres.
6. La heterosis tiene un efecto positivo porque en los cruzamientos muchos genes son heterocigotos que eran homocigotos en las razas parentales. Los alelos con un efecto negativo son a menudo recesivos. En los cruzamientos se descartan estos alelos recesivos negativos.
7. La heterosis es una de las razones para aplicar el cruzamiento de razas o líneas. La segunda razón del cruzamiento es explotar la complementariedad de razas o líneas: combinación de las características de dos razas o líneas es favorable. La tercera razón es que los cruzamientos combinan características que no se pueden mejorar fácilmente simultáneamente en una sola raza. La última razón del cruzamiento es la protección de la mejora genética en las líneas de selección de empresas comerciales.
8. En todos los sistemas de cruzamiento antes de cruzar los animales, primero se seleccionan para los rasgos pertinentes.
9. El cruzamiento no es igual a la selección ni la hace que sea redundante. Los esquemas de cruzamiento requieren una implementación estricta por parte de todos los participantes. Por lo tanto, el cruzamiento se aplica por varias razones y sólo se pueden realizar cuando el sistema de cruce elegido se implementa estrictamente.

Capítulo 12: La estructura de los programas de cría y mejoramiento genético

Tabla de contenido

- 1.** Capítulo 12.1: El mejoramiento genético en un programa de mejoramiento
- 2.** Capítulo 12.2: Los programas de cría están más o menos bajo control
- 3.** Capítulo 12.3: Programas de mejoramiento con una estructura plana
 - 3.1 Capítulo 12.3.1: Ejemplo de un programa de cría con una estructura plana: el programa KWPN
- 4.** Capítulo 12.4: los programas de cría con un núcleo (abierto)
 - 4.1. Capítulo 12.4.1: Ejemplo: un abierto programa de cría núcleo: el programa CRV lácteos
- 5.** Capítulo 12.5: Cría programas con una estructura piramidal
 - 5.1. Capítulo 12.5.1: Ejemplo: programa de cría con una estructura piramidal: los Topigs programa
- 6.** Capítulo 12.6: Aspectos clave en los programas de cría y mejoramiento genético

Los programas de mejoramiento tienen como objetivo la obtención de mejoramiento genético en una población. En estos programas se crea una respuesta a la selección permanente de los caracteres que son el blanco de mejoramiento, mediante la recolección de información sobre los candidatos de selección, la estimación de los valores genéticos, la selección entre varios candidatos, en combinación con un esquema de apareamiento entre los mismos. Por lo tanto, la mejora genética generada por la selección de los animales en la fase 5 en el programa de mejoramiento se difunde en la fase 6: la estructura de programas de mejoramiento.



Definición:

Un programa o esquema de mejoramiento es un programa que tiene como objetivo definir los objetivos de mejoramiento en la producción de una nueva generación de animales. Es la combinación del registro de los caracteres seleccionados, la estimación de los valores de cría, la selección de los potenciales padres y un programa de apareamiento para los padres seleccionados, incluyendo los métodos de reproducción (artificial) apropiados.

1. Capítulo 12.1: El mejoramiento genético en un programa de mejoramiento

Como hemos visto antes, la respuesta permanente a la selección depende de la intensidad de la selección, la exactitud del valor genético, la variación genética y el intervalo generacional. Los tres primeros son en el numerador de la fórmula y el último el denominador. Así, cuanto mayor es la intensidad de selección (i), la precisión (r) y la variación genotípica (var_g) y menor el intervalo entre generaciones (GI), más alta es la respuesta a la selección (SR , *Selection Response*). La fórmula es:

$$SR = i * r * \text{var}_g / GI$$

donde: SR = respuesta a la selección; i = intensidad de la selección; r = precisión; var_g = variación genotípica y GI = intervalo generacional

Dentro de un programa de mejoramiento, la variación genotípica difícilmente pueda ser influenciada, pero los otros tres parámetros sí. Estos están relacionados entre sí, especialmente la precisión de la selección y el intervalo generacional. Por ejemplo, se puede priorizar una elevada precisión, pero hay que esperar mucho tiempo antes de tener toda la información de los candidatos de selección, lo cual resulta en un extenso intervalo generacional. Si en cambio, la precisión es menor, es posible seleccionar los animales a más temprana edad, reduciendo así el intervalo generacional. Por lo tanto, los programas de mejoramiento se pueden optimizar con respecto a la intensidad de la selección, la precisión y el intervalo de generación.

Tal como se mostró previamente, dentro de un programa de mejoramiento la respuesta a la

selección se puede generar a través de cuatro trayectorias diferentes.

La respuesta total a la selección es el resultado de la suma de todos esos pasos, con en el siguiente orden, un impacto decreciente en la mejora genética: sementales para criar toros, toros para criar presas, diques para criar sementales y hembras para reproducirse presas. En la estructura de los programas de cría de estas diferencias en el impacto se ve reflejado en la estructura.

2. Capítulo 12.2: Los programas de cría están menos o más bajo control

En un programa de cría y mejoramiento, la tenacidad, la precisión y la disciplina de los criadores es crucial. Tenacidad en lo que respecta a la meta del mejoramiento, precisión en la recolección de información (fenotipos), y disciplina en la selección y apareamiento. Todos ellos, factores humanos importantes que se deben tener bajo control.

Pero en casi todas las especies, tanto las hembras, y a veces también los machos, de la población seleccionada, son propiedad de individuos: agricultores o ciudadanos. Son dueños de los animales y deciden si quieren cruzar sus animales, y decidir cuál es la pareja de su animal. En dichos casos, se requiere de la voluntad y la ayuda de los propietarios para cumplir con el objetivo de mejoramiento, para recoger información sistemáticamente y con precisión, y, para realizar el proceso de selección y apareamiento.

En las especies animales mantenidas con fines de compañía o de ocio, el control sobre el programa de cría y mejoramiento por parte de las asociaciones de raza es muy floja. Estos programas tienen una estructura plana: casi todas las hembras pueden ser seleccionadas y en la mayoría de los casos cualquier hembra puede aparearse. Las asociaciones solo tienen voto en la selección del macho con el que se aparean. Los shows donde lidera la conformación de los animales (estético), determinan en gran medida cuáles son los machos que se utilizarán, lo que a menudo se traduce en unos pocos machos "campeones", ampliamente utilizados en toda la población. En estos programas de cría y mejoramiento, sólo el camino de toros para criar toros, y toros para criar hembras son efectivos para crear una respuesta de selección en toda la población.

A modo de ejemplo, esbozaremos un programa de cría de caballos (el programa holandés KWPN).

Por el contrario, en la producción porcina y avícola (carne de cerdo, huevos y carne de pollo) los programas de cría comercial han tomado el control sobre todas las actividades de reproducción. Poseen un número limitado de animales reproductores que son parte de sus líneas de selección. En estas líneas, las empresas determinan el objetivo de la cría, realizan la recolección de datos y la estimación del valor de la cría, y se ocupan de la selección y el apareamiento de los padres para producir una nueva generación. El producto final es producido por un gran número de animales, provenientes de tres o cuatro cruzamientos de las líneas de selección que poseen.

En estos programas de cría y mejoramiento todas las vías de selección son efectivas para crear una respuesta de selección en el todo el programa de cría con una estructura piramidal. Trabajando con diferentes líneas de selección, que difieren en el objetivo de selección, las empresas de cría y mejoramiento tienen la flexibilidad de producir diferentes cruzamientos de tres o cuatro vías. Por ejemplo, en el cerdo, los mercados de producción son diferentes. Los requisitos de peso al sacrificio, composición de la canal y calidad de la carne no son iguales en todos los mercados. Las empresas que operan a nivel mundial tienen diferentes líneas de sementales para la producción de carne de cerdo que se utilizan para servir diferentes mercados para la carne de cerdo. Controlados por contratos, los agricultores multiplican y cruzan las líneas de selección en una estructura piramidal. A modo de ejemplo, esbozaremos un programa de cría de cerdos (el programa Topigs).

Entre los programas de cría con una estructura plana y floja y los programas de cría con una estructura piramidal totalmente bajo control, están los programas de reproducción con un núcleo abierto. En estos programas una parte de la población es propiedad de un número limitado de criadores y/o una compañía de cría. Esta parte se utiliza para seleccionar los sementales y para seleccionar las hembras de los sementales para la próxima generación. En estos programas de cría sólo el camino de selección de las hembras para obtener hembras es de poca importancia para

crear una respuesta de selección en toda la población. A modo de ejemplo se esquematiza un núcleo abierto para la cría de ganado lechero (el programa CRV)

12.3 Capítulo 12.3: Programas de cría con una estructura plana

En muchas especies utilizadas por el hombre, los programas de cría tienen una estructura simple: por ejemplo, los perros, los caballos y el de producción de carne de ovejas y cabras. En estos programas se realiza una intensa selección de machos, ya que se necesita un limitado número de machos para producir la próxima generación. Se practica una cierta selección en las hembras, porque se necesitan muchas de ellas como vientres para producir la próxima generación, pero esta selección es apenas efectiva. En estas especies, la cría y mejoramiento de animales (especialmente las hembras) están en manos de propietarios que toman sus propias decisiones sobre la selección y apareamiento. Como resultado, los objetivos de la reproducción cambian con demasiada frecuencia y no se utilizan de forma constante, el registro de los caracteres y del pedigrí es incompleto, y la selección y el apareamiento apenas pueden ser influenciadas. Esto resulta en una baja ganancia o mejora genética entre las generaciones.

En estas especies, los libros de historia juegan un papel prominente en el programa de reproducción. Hacen el registro del pedigrí y establecen las reglas para las características de los machos y hembras que se seleccionarán como padres para la próxima generación. Las reglas para los machos suelen ser muy estrictas y sólo se aprueba una cantidad limitada para el mejoramiento. A menudo, para su aprobación, se hace mucho hincapié a la conformación. Para las hembras las reglas son muy flojas, la desaprobación o rechazo de hembras es raramente practicado.

En la cría de caballos se hace mucho hoy en día para profesionalizar el programa de mejoramiento. Un número limitado de sementales en la raza está aprobado para su reproducción por los libros de cría (*Studbook*), y solo se promueve la utilización de las hembras con la mejor conformación, salud y caracteres de rendimiento. Esto da como resultado una mejora genética que puede ser analizada.

En la cría y mejoramiento de perros, los espectáculos juegan un papel importante en la selección de los machos. Un número limitado de machos con la mejor puntuación de conformación en las exposiciones se utiliza para la cría, a menudo sin ningún control por parte de la asociación de la raza.

Hoy en día, la cría de perros está en discusión en la sociedad debido a los efectos secundarios negativos de una fuerte selección para caracteres de conformación (estético) y, además, por la alta relación genética que existe entre los animales de la población, lo que lleva a la endogamia y a una elevada frecuencia de defectos genéticos.

En las razas de ovejas y cabras productoras de carne, la selección de carneros y chivos es más efectiva ya que se necesita un limitado número de ellos para producir la próxima generación. Los objetivos de cría y mejoramiento para estas especies son el peso y la musculatura a una edad fija. Con el uso de carneros y chivos jóvenes el intervalo generacional puede reducirse y lograr una mejora genética. Desde el punto de vista de la economía de la granja, las ovejas deben producir camadas siempre y cuando sea posible. Por lo tanto, el intervalo generacional, desde el punto de vista de la hembra es bastante largo. En la producción más intensa de ovejas y cabras, las razas de madres fértiles se cruzan con machos de razas de carne especializadas, lo que resulta en una gran cantidad de corderos con un buen crecimiento y calidad a la faena. La raza Texel holandesa es famosa por estos rasgos y se utiliza a menudo en todo el mundo como línea de sementales terminales cruzados con razas locales de hembras fértiles para producir corderos. En ovejas y cabras productoras de leche, se practica la selección de las madres de los machos utilizados para la cría. La prueba de progenie de los machos es difícilmente realizada debido al bajo porcentaje de registro de producción de leche tanto en ovejas y cabras.

Hasta ahora, es bajo el mejoramiento genético obtenido en ovejas y cabras lecheras.

12.3.1. Capítulo 12.3.1: Ejemplo de un programa de cría y mejoramiento genético con una estructura plana: el programa KWPN

El objetivo de mejoramiento del programa KWPN (2014)

Desde 2006, el KWPN distingue cuatro direcciones de reproducción. Los caballos de montar, que se subdividen en la doma y las disciplinas de salto, forman el grupo más grande (85-90%). Las otras dos direcciones de cría y mejoramiento son el arnés y el caballo Gelders. Aunque cada dirección de cría tiene sus propios objetivos adicionales, todos los caballos caen bajo el objetivo general de reproducción de KWPN, que tiene como objetivo:

- criar un caballo de competición que pueda rendir a nivel de Gran Premio;
- con una constitución que permita una larga utilidad;
- con un carácter que apoye rendimiento y que, además, sea amigable con la gente;
- con una conformación funcional y un mecanismo de movimiento correcto que permite un buen desempeño;
- con apariencia preferentemente atractiva, junto con el refinamiento, la nobleza y la calidad.

El KWPN ha formulado un estándar de cría separado para cada una de las direcciones mencionadas. Estos estándares son, de hecho, descripciones del caballo ideal de doma, salto, arnés y Gelders. El estándar de cría ayuda a evaluar caballos de forma objetiva y uniforme. Proporciona un marco en el que los miembros del jurado dan sus evaluaciones. Esto reduce el riesgo de pronunciadas preferencias personales y, por lo tanto, aumenta la uniformidad, la reproducibilidad y la fiabilidad de la evaluación.

Hay que distinguir entre yeguas y sementales.

La selección y el uso de las mejores yeguas es estimulada por el *Studbook* mediante la emisión de predicados. Los predicados pueden verse como los "sellos de calidad" que tiene una yegua. La yegua puede tener predicados basados en sus propias cualidades (rendimiento, conformación y salud) o basado en las cualidades de la descendencia (rendimiento, conformación).

Para los sementales hay una ruta obligatoria que debe seguirse para convertirse en un semental aprobado por el *Studbook*.

La ruta del semental tiene cuatro pasos:

1. Inspecciones del semental: en superficies duras para comprobar la corrección de las patas y el cuerpo y en el salto libre (salto caballos) o de libre movimiento (sementales de doma).
2. Control sanitario: en las distintas etapas del proceso de selección de los sementales, éstos deben demostrar que cumplen un estándar mínimo respecto a condición corporal, y también respecto a su funcionamiento, rayos X, calidad del semen y relincho.
3. Prueba de rendimiento: dependiendo de la edad, los sementales deben probar su capacidad deportiva durante una prueba de rendimiento de un máximo de 70 días
4. Cuando un semental tiene descendencia, esta descendencia es analizada y/o seguida en el deporte. Basándose en la información recolectada, se estiman varios valores de cría para cada semental. Basándose en esos valores, los sementales se evalúan cuando su descendencia más antigua tiene 1 año, 3 años, 7 años y 11 años de edad.

KWPN recolecta varios tipos de información en varios momentos diferentes:

- Puntuaciones lineales de conformación y movimiento: 20 potros al azar de cada nuevo semental aprobado.
- Radiografías para la osteocondrosis: 20 crías al azar de cada nuevo semental aprobado.
- Puntuaciones lineales en conformación, movimiento: todas las yeguas (principalmente) de 3 años ofrecidas para la inspección del libro genealógico.

- El salto o el movimiento libre: la valoración califica a todos los jóvenes sementales ofrecidos para el proceso de selección.
- Las marcas obtenidas en las pruebas de rendimiento: un día para yeguas (IBOP) y pruebas de estación (EPT) para yeguas y sementales.
- Los resultados de la competencia: para todos los caballos registrados

Estos datos se utilizan para estimar los valores de cría de todos los sementales y yeguas. Se estiman los valores de cría para:

- Todos los rasgos de puntuación lineal (conformación, movimiento, salto libre)
- Osteocondrosis
- La doma deportiva
- Salto deportivo
- Estos valores de cría son comunicados a los criadores, utilizados durante los procesos de selección, para evaluar la crianza y para la mejor combinación de semental y yegua.

12.4 Capítulo 12.4: Programas de cría con un núcleo (abierto)

Los programas de núcleos se caracterizan por un número limitado de hembras con una superioridad genética. En potencia, estas son las hembras para criar sementales. Son propiedad de una organización de cría o de un número limitado de criadores llamado núcleo (granja(s) de cría o unidad(es) de cría). Entregan la siguiente generación de toros para criar toros y vientres. Se registran para un gran número de caracteres. La organización toma las decisiones sobre la selección y el apareamiento en el núcleo y en los contratos. Como consecuencia, los objetivos de cría y mejoramiento se utilizan de forma constante, el registro de los caracteres y el pedigrí está completo, la selección y el apareamiento en el núcleo está bajo control total. Esto resulta en una alta tasa de mejoramiento genético a lo largo de las generaciones. Los programas nucleares pueden ser cerrados, como es el caso de los programas comerciales de cría de cerdos y aves de corral. Una vez que los animales de cría para el núcleo son elegidos al principio, no se añaden más animales al núcleo. Se llama programa de reproducción de núcleo cerrado.

En la cría de ganado, las técnicas de reproducción artificial, en particular las técnicas de inseminación artificial e in vitro, la fertilización en combinación con la implantación de embriones, están bien desarrolladas y son muy utilizadas en el núcleo abierto. Esto da la oportunidad de producir un alto número de descendientes de toros y vientres superiores, diseminando ampliamente los genes de estos animales superiores en la población de producción. En la población en la que se diseminan los genes (utilizada principalmente con fines de producción = población de producción) la descendencia de los sementales se prueba para los caracteres importantes. Cuando el valor de cría estimado de las hembras de la población de producción es comparable con (o superior a) el valor de cría de la población del núcleo puede entrar en el núcleo. En ese caso pueden, se pueden adquirir por la compañía, o contratado por la organización de mejoramiento. Esto se llama un programa de cría y mejoramiento de núcleo abierto.

Los programas de cría y mejoramiento de núcleo abierto pueden considerarse para especies donde los programas de cría actuales tienen una estructura plana: caballos, perros, ovejas y cabras. Entonces el mejoramiento genético puede ser generado en una situación controlada y los machos del núcleo pueden ser utilizados ampliamente por los criadores privados. En los perros los programas de mejoramiento de núcleo abierto se desarrollan para la cría de perros de trabajo y para lazarillos, incluso se establecen programas de núcleo cerrado.

12.4.1. Capítulo 12.4.1: Ejemplo: un programa de cría de núcleo abierto: el programa lechero CRV

El objetivo de mejoramiento e índice de selección del CRV

Para su núcleo, el CRV utiliza como objetivo de mejoramiento (2014): "una vaca lechera sana y duradera que dará una óptima contribución a los beneficios de la granja". Para la selección de los progenitores, para conformar el núcleo animal, el CRV de los Países Bajos usa su propio índice. Este 'índice CRV' pone mucho énfasis en la salud y longevidad, como se puede ver a continuación:

El peso relativo de producción, salud y conformación en la construcción del índice CRV:



Cada una de estas tres categorías es un subíndice en el que, respectivamente, una serie de caracteres de producción, longevidad y salud, y una serie de rasgos de conformación se combinan en una sola figura.

Los rasgos de estas tres categorías tienen su origen en varias fuentes. Una fuente importante es el servicio de registro de leche. Por razones de gestión, a los agricultores les gusta conocer los datos individuales de producción de leche (kg y composición).

Los datos de conformación son recopilados por inspectores que visitan las granjas regularmente. Los rasgos de longevidad y salud se registran aparte del del conformación y producción de leche. Para diseminar el mejoramiento genético mediante los toros seleccionados, se usa otro índice de selección: el NVI. El NVI es el índice de mérito total que se utiliza en los Países Bajos y Flandes para el ranking de toros con el objetivo de poner esos toros en la parte superior y que sean capaces de producir hijas que más se acerquen a la meta nacional de cría.

El NVI se deriva de una fórmula que tiene en cuenta tres componentes diferentes: producción, salud y conformación. A continuación, se dan los rasgos subyacentes y su contribución al NVI:

| | |
|---|---|
|  | INET 21% |
|  | Longevidad 19% |
|  | Salud de la ubre 9% |
|  | Fertilidad 3% |
|  | Ubre 2% |
|  | Patas & Pezunas 6% |
|  | Facilidad de parto 3% |
|  | Salud de la pezuna 6% |
|  | costos de alimentación ahorrados 3% |

Respuesta de selección obtenida en la población productora de leche:

En el cuadro que figura a continuación, la ganancia genética (en valores de reproducción) en la población de producción a partir de la selección con NVI después de una generación (por ejemplo, con la selección con la fórmula NVI la próxima generación de animales tendrá un valor de cría 272 kg superior al valor de cría de la actual generación de animales:

| Rasgo | Ganancia genética | Valor |
|------------------------------------|-------------------|-------|
| Grasa | 15.9 | Kg |
| Proteína | 10.5 | Kg |
| Lactosa | 14.3 | Kg |
| Longevidad | 214 | Días |
| Salud de la ubre | 2.0 | Pnt |
| Ubre | 1.0 | Pnt |
| Patas & pezuñas | 1.5 | Pnt |
| Intervalo de partos | 0.8 | Pnt |
| Intervalo primer - último servicio | 1.2 | Pnt |
| Facilidad de parto (paternal) | 1.6 | Pnt |
| Facilidad de parto (al nacer) | 0.9 | Pnt |
| Vitalidad (paternal) | 0.8 | Pnt |
| Vitalidad (materno) | 1.0 | Pnt |
| Salud de la pezuña | 2.0 | Pnt |
| Costos de alimentación ahorrados | 14.7 | Euro |

Fuente: <https://www.crv4all-international.com/es/about-crv/about-dutch-proofs/>

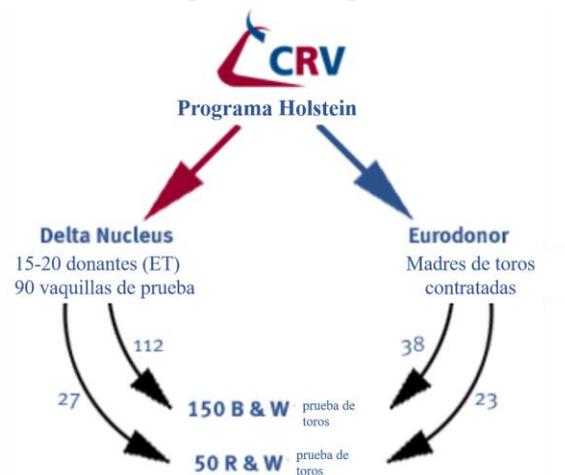
La estructura del programa de mejoramiento de CRV

Paralelamente, el CRV realiza un programa de mejoramiento para el ganado Holstein Frisones blanco y negro (B&W) y para el rojo y blanco (R&W). Las hembras seleccionadas provienen del núcleo con animales que posee el CRV (donante Delta) y de productores en las poblaciones de todo el mundo (donante Euro). Entre estos últimos, las hembras seleccionadas se inseminan con un semental de elección del CRV. El primer ternero que nace producto de esta inseminación se ofrece primero a la venta a CRV. Este esquema hace del núcleo del CRV un núcleo "abierto". La descendencia de las hembras Euro seleccionadas con el mayor índice CRV se añaden al plantel de hembras Delta, que pertenecen al CRV.

En este grupo CRV se seleccionan los padres y madres para criar la próxima generación. Dentro del esquema Delta se aplica la Fecundación In Vitro (FIV). A partir de ovocitos de vaquillas de un año de edad se recogen y fertilizan en un laboratorio con el semen de un semental seleccionado. De esta manera, nace la progenie de los hermanos completos y medio hermanos (machos y hembras) a través de madres adoptivas. Los mejores machos y hembras, los que tienen la mayor predicción para el índice CRV, se seleccionan para usarlos como sementales en el núcleo y en la producción, y las hembras, en cambio, para integrar el núcleo Delta. Cuando se dispone de suficientes embriones de una ternera por medio de la FIV, la ternera es inseminada y transportada a una de las cabañas de pruebas de CRV. Aquí, las vaquillas son criadas hasta su primer parto y posteriormente se someten a pruebas en condiciones uniformes para la producción de leche y conformación en su primer lactancia. Los resultados de la prueba (propia performance) se utilizan para calcular un valor de cría realizado. Anualmente 100 vaquillas Delta y 150 vaquillas del donante Euro se prueban en las cabañas bajo contrato de CRV. Las mejores vaquillas se utilizan nuevamente como donantes en su primera lactancia, y una parte de los embriones obtenidos se venden también a las granjas de producción.

En el esquema que figura a continuación (2014) de los 150 toros de prueba de B&W sólo 38 procedían de donantes en granjas de producción. De los 50 toros R&W, 23 eran de tales donantes. En el núcleo Delta se aplica una intensa selección al año de edad en vaquillas: de 15 a 20 son madres de 90 vaquillas de prueba y de 112 toros de prueba. Son seleccionadas por su valor de cría estimado, hoy en día un valor de reproducción genómica (ver más adelante).

Anualmente CRV produce 5700 embriones dentro del programa Delta y 3000 embriones dentro del programa de donantes Euro. Y, además, algunos embriones son comprados en el mercado norteamericano. La selección en los terneros machos nacidos es muy intensa: 1 de cada 15 es utilizado como un joven semental en la población de producción.



Selección genómica en el programa de cría de ganado lechero CRV (comunicación personal Marieke de Weerd, noviembre de 2013)

Para las empresas de reproducción comercial, el atractivo de la selección genómica consiste en dos factores. En primer lugar, es posible calcular las diferencias en el valor de cría entre hermanos completos antes de que tengan sus propios registros fenotípicos o registros de su progenie. El análisis del SNP deja claro qué genes de los padres se transmiten a cada uno de los hijos. En segundo lugar, los animales jóvenes que deberían haber sido probados antes de obtener un valor de cría exacto, pueden ser usados intensivamente directamente después de la pubertad. La precisión del valor de cría genómico se acerca a la precisión obtenida después de las pruebas de progenie. De esta manera, el intervalo generacional en los programas de cría con selección genómica se ve acortado. Esto acelera la ganancia genética de los programas de mejoramiento.

En el pasado, el CRV aplicó pruebas de progenie para criar los toros que fueron utilizados intensivamente por los ganaderos. Los ganaderos lecheros compraron, en promedio,

aproximadamente el 25% del semen de toros jóvenes sin probar. El CRV vendió en un corto plazo 1000 dosis de semen de estos toros. Esto resultó cuatro años más tarde en al menos 50 hijas de un toro sin probar con una primera lactancia completada. Posteriormente, se llevó a cabo la selección de los mejores toros. la selección de los mejores toros se llevó a cabo, y los mejores toros probados se utilizaron en gran medida por los productores de leche (el 75% de las inseminaciones realizadas en las granjas lecheras).

En este esquema tradicional de pruebas, la selección de las madres y los toros jóvenes se realiza en el año 0, el nacimiento de los toros jóvenes probados es en el año 1, su semen se recoge y se utiliza en el año 2, sus terneros nacen en el año 3, sus vaquillas comienzan a producir leche en el año 5 y terminan su primera lactancia en el año 6. Entonces, los toros probados son seleccionados con los primeros datos de lactancia de sus hijas. Después del sexto año, se utilizan intensivamente y su progenie se vuelve productiva en el año 10. En este esquema tradicional de pruebas, se necesitan 10 años para la selección de madres y sementales para obtener un aumento de los beneficios para los productores de leche.

Hoy en día (2014) se utiliza la selección genómica, que conduce a un aumento en el uso de toros jóvenes por los productores de leche. Esto es debido al hecho de que la exactitud de su valor de cría genómico se aproxima a la exactitud del valor de cría de los sementales probados basados en los datos fenotípicos de sus hijas. Véase la figura de abajo donde consta que la fiabilidad es la (exactitud)².



Dentro del programa de cría de CRV la selección genómica de las jóvenes madres de toros disminuye también su edad en la selección. Hoy en día, el 75 por ciento de las madres de toros jóvenes son vaquillas de un año de edad y el 25 por ciento son vaquillas de primer parto. En el esquema tradicional las madres de toros jóvenes tenían al menos una lactancia completa en el momento de la selección. Un porcentaje cada vez mayor de los toros jóvenes con valor de cría genómico se utilizan como padres de la nueva generación de toros jóvenes. En el esquema tradicional sólo los toros probados eran padres de los toros jóvenes a ser probados. Todos estos hechos disminuyen drásticamente el intervalo generacional en el programa de cría de CRV y acelera el mejoramiento genético al menos por un factor de 2.

Otro efecto de la selección genómica son los costos relativamente pequeños de las pruebas genómicas. Por lo tanto, anualmente 2600 animales son probados mediante variantes de SNPs. Posteriormente, y basado en su valor de cría genómico, uno de cada 15 es seleccionado para ponerlo en el programa de cría y mejoramiento. Esta aguda selección, incluso dentro de un grupo de hermanos completos, es muy atractiva. En el programa, el número de toros jóvenes seleccionados para un alto elevado de cría aumenta. Los toros que tienen que esperar cuatro años por los datos de producción de leche de su progenie, disminuyen bruscamente. Esto tiene un efecto muy favorable en los costos del programa de cría de selección genómica en comparación con el

esquema tradicional, que cuenta con una gran cantidad de toros "en espera", esperando durante años antes de que sus hijas completen su primera lactancia.

El CRV está cooperando con muchas empresas de cría en otros países europeos para crear una gran población de referencia. Hoy en día (2014) la población de referencia consiste de aproximadamente 30.000 toros con prueba de progenie que también fueron testeados genéticamente (SNPs). Este elevado número es la razón por la que la precisión del valor de cría genómico de los toros jóvenes sin probar se acerca mucho a la precisión del valor de cría de los toros con prueba de progenie.

El valor de la selección genómica dentro de las granjas de producción lechera

En los establecimientos lecheros una gran proporción de las vacas se tiene que usar como madre de la próxima generación de vacas lecheras. Esta baja intensidad de selección se puede aumentar de dos maneras: 1) aumentando la longevidad y con ello el número de partos por vaca y 2) mediante el uso de semen sexado, porque entonces el cambio para obtener un ternero de reemplazo es del 90 % en lugar del 50 %. En una situación de mayor intensidad debido a la baja tasa de reposición y al uso de semen sexado, se calcula que la selección genómica en terneras jóvenes nacidas es rentable para el ganadero.

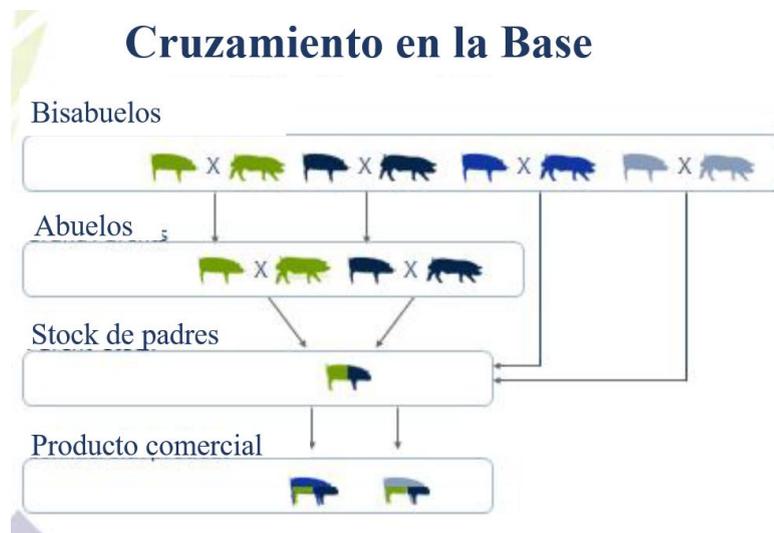
12.5. Capítulo 12.5. Programa de cría y mejoramiento con estructura piramidal

En muchos programas de cría el registro de caracteres es costoso, y, por lo tanto, el número de animales de los cuales se lleva un registro es reducido, en relación con toda la población de animales. Entonces, el mejoramiento genético se realiza con un número limitado de animales en los que se practica la selección. Posteriormente, los animales seleccionados se utilizan para difundir el mejoramiento genético realizado en la población registrada en toda la población. La selección de un número limitado de animales, la multiplicación en la siguiente generación con un número mucho mayor de animales y la producción de los animales de "producción" en grandes cantidades en la última generación, lleva a una estructura piramidal de dicho programa de cría y producción.

La difusión de la respuesta de selección depende de la estructura de los programas de cría. En los programas de cerdos y aves de corral comerciales, la selección se lleva a cabo en la parte superior del programa de cría. A través de unas pocas "generaciones que se multiplican" la respuesta de selección obtenida en la parte superior se difunde en los animales que producen carne o huevos. A modo de ejemplo, vea la siguiente figura donde se describe la estructura del programa de cría y mejoramiento de gallinas ponedoras de Hendrix-Genetics (ISA).



Dentro de los planes de cría comercial, por ejemplo, de aves de corral y cerdos, la respuesta a la selección se realiza en líneas especializadas. En los programas de cría comercial de aves de corral (pollos de engorde, o pollos parrilleros) normalmente se aplica un cruce de cuatro vías. Las dos líneas femeninas se seleccionan por su fertilidad y calidad de los huevos y las líneas masculinas por sus características de crecimiento. El cruce da como resultado un alto número de pollos sanos debido a la plena explotación de la heterosis. En el esquema de cría anterior, la selección tiene lugar en las líneas puras en un número limitado de bisabuelos. Cuando los bisabuelos seleccionados se multiplican en un número suficiente, se cruzan. El intervalo generacional en las líneas de selección de aves de corral es muy bajo, menos de un año para acelerar la respuesta de selección. El cruce de la línea A*B da la progenie AB (F1) que actúa como bisabuelo, y el cruzamiento C*D, da la línea CD (F1), que actúan como abuelos. Las líneas puras y las filiales 1 (F1) son propiedad de la compañía de cría para proteger las características de sus líneas y el mejoramiento genético realizado en las mismas. Tienen la posibilidad, manteniendo diferentes líneas de selección para crear animales que puedan producir para diferentes mercados y ofrece la oportunidad de una rápida reacción ante cambios en el mercado. En los programas comerciales de cría de cerdos se suele aplicar un cruce a tres bandas. Se muestra a continuación, a modo de ejemplo, el programa Hypor en 2014.



12.5.1. Capítulo 12.5.1: Ejemplo: programa de cría con una estructura piramidal: el El programa Topigs

Base: cruzamientos de tres vías

Los lechones Topigs utilizados para la producción de carne de cerdo son cruzamientos de tres vías: son la progenie de cerdas y verracos cruzados de una línea de sementales. Topigs trabaja con dos líneas de cerdas, Topigs 20 y Topigs 40, que se cruzan para producir las cerdas F1 que posteriormente se cruzan con un verraco de una de las cuatro líneas de sementales: Tempo, Talent, Top Pi y Tybor. La línea Topigs 20 es una línea de selección que fue creada a partir del cruzamiento cruce entre las líneas Landrace y Large White. La línea Topigs 40 es una línea de selección que fue creada a partir del cruzamiento entre las grandes líneas blancas (Large White). Las dos líneas de cerdas difieren ligeramente en los caracteres del objetivo de mejoramiento. Cuando se cruzan, los rasgos maternos de la cerda F1 (cerda Topigs) muestran heterosis, lo cual es una razón importante para obtener una excelente madre que da a luz un lechón F2 extra en comparación con el promedio de Topigs 20 y Topigs 40. Esto resulta en una cerda robusta que es capaz de amamantar y destetar a todos los lechones nacidos mediante cruzamientos con una de las líneas de sementales. Los caracteres del objetivo de reproducción de las líneas maternas y paternas (las dos líneas maternas y las cuatro líneas paternas difieren entre sí en los pesos dados a los diferentes caracteres del objetivo de reproducción).

Pruebas de estructura y rendimiento en las líneas Topigs

El estado de salud es muy importante para una compañía de cría y mejoramiento. El transporte de un animal vivo o de semen/embriones entre granjas y entre países nunca puede propagar enfermedades. Por lo tanto, dentro de la estructura de cría se inició el proceso de conversión a una estructura internacional de cría SPF. El objetivo es establecer 3 granjas con núcleos genéticos SPF, cada una con un mínimo de 250 GGPS (bisabuelos) por línea materna, y un mínimo de 600 cerdas. La inseminación artificial se utiliza con mayor intensidad porque el semen supone menos amenazas para la salud que un reproductor vivo, y puede utilizarse para el intercambio mundial de material genético para conectar las líneas de cría de todo el mundo y la IA en las granjas se utiliza para reducir los intervalos generacionales. Se aplica una prueba de rendimiento en las líneas maternas.

Una línea materna consiste en más de 2000 cerdas de bisabuelo (GGPS) y de abuelo (GPS) probadas en cuanto a fertilidad y rasgos maternos. Producen más de 7500 cerdas jóvenes que se someten a pruebas de rendimiento para determinar sus características de crecimiento y la composición de carcasa. Unas 1200 de estas 7500 cerdas jóvenes reemplazan a las cerdas GGPS y GPS. Anualmente se seleccionan 40 verracos GGP con una alta intensidad de los 2500 verracos de rendimiento probados por año. Para los verracos, la ingesta de alimento es un factor de fertilidad y permanencia para la selección de las cerdas GP y GGP. También se aplica una prueba de rendimiento en las líneas de sementales.

Explicación e información adicional al esquema de crianza para las líneas de sementales: cada línea de sementales consiste en 500 cerdas GGP que son reemplazadas cada año (intervalo generacional corto). Producen 3500 cerdas jóvenes que se someten a pruebas de rendimiento para determinar sus características de crecimiento y composición de la canal. De ellas, 500 son seleccionadas para ser reemplazadas. Anualmente se seleccionan 40 verracos de núcleo GGP con una intensidad muy alta de 3500 verracos cuyo rendimiento se comprueba en cuanto a caracteres de crecimiento, composición de la canal e ingesta de alimento. De cada núcleo de 50-100 crías cruzadas (F2) se conoce el rendimiento de crecimiento, y a unas 25 crías de pura raza de estos verracos se les disecciona la carcasa y se evalúa la calidad de la carne.

Estimación del valor de la cría

Topigs opera una base de datos muy grande para las diferentes líneas. Semanalmente se actualizan los datos de más de 300000 cerdas con datos de más de 750 granjas de cría en más de 25 países. Los datos se recogen de todos los niveles de la pirámide de reproducción y producción simultáneamente. Los valores de cría semanales se renuevan. Los valores de cría se calculan en un modelo animal de rasgos múltiples con un procedimiento mixto-BLUP. Para cada animal se calcula el valor del índice Topigs para la clasificación y selección. Topigs comenzó con la selección genómica especialmente para la fertilidad y los caracteres de calidad de carne y de canal.

Combinación de rendimiento de pura raza y mestizo

En toda la pirámide de reproducción el registro del pedigrí se hace cuidadosamente. Esto facilita la recolección de datos de todos sus descendientes de la GGP en tres generaciones hasta los terminadores. Como en las generaciones siguientes el número de progenie se multiplica, en pocos años se dispone de una gran cantidad de datos por GGP. Todos estos datos se almacenan y se utilizan para la estimación del valor de cría. Los datos relevantes son la supervivencia de las cerdas, la ganancia en condiciones prácticas, los datos de la matanza, especialmente sobre la composición del canal y la calidad de la carne. Para obtener una mejor predicción de estos caracteres y de los de fertilidad y supervivencia, se desarrolla la selección genómica, que puede utilizarse para seleccionar animales GGP con mayor precisión en una fase temprana de la pirámide de cría.

A modo de ejemplo, se describen las principales cualidades de una de las líneas de cerdas del programa Topigs, Topig 20:

La cerda Topigs 20 es un animal F1 basado en la línea-Z y la línea-N.

Las cualidades de esta cerda son:

- Alta fertilidad
- Gran número de lechones por camada
- Excelentes habilidades maternas
- Cerda autosuficiente y dócil con patas robustas
- Produce lechones vigorosos con una alta ganancia diaria y baja tasa de conversión de alimento

Fuente: <https://topignorsvin.com.ar/productos/sow-lines/>

A modo de ejemplo, se describen las principales cualidades de una de las líneas de sementales del programa Topigs, Talent:

“El macho ideal para sistemas de alto peso de venta (130 a 140 kg)”

“Calidad de carne con alta eficiencia de producción”

El macho Talent proviene de la línea-D de Topigs Norsvin. El producto de este macho sobresale en la etapa de finalización, combinando gran eficiencia alimenticia con gran calidad de canal y de carne. Las cualidades del producto del Talent son:

- Alto peso de venta con rendimiento eficiente: combina alta ganancia diaria con baja conversión alimenticia
- Cerdos de venta uniformes y vigorosos
- Mayor tamaño y calidad de jamón
- Gran calidad de canal y de carne
- Menor costo de producción

Fuente: <https://topignorsvin.com.ar/products/tn-talent/>

Imágenes no traducidas (Anexo)

Objectives dam lines

- Gain 30 – 120 kg
- Feed intake 30 – 120 kg
- Fat depth
- Loin depth
- Boar taint
- Conformation & legs
- Total number born
- Stillborn piglets
- Mothering ability
- Vitality of the piglet
- Number of teats
- Age at 1st insemination
- Prolonged interv. wean-insem.
- Stayability of the sow
- Birth weight
- Litter birth weight variation
- Farrowing rate

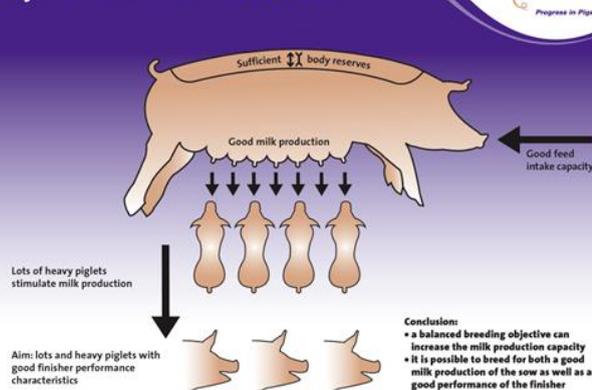


Objectives sire lines

- Gain 30 – 120 kg
- Feed intake 30 – 120 kg
- Fat depth
- Loin depth
- Water Binding Capacity
- Intra Muscular Fat
- Meat color
- Boar taint
- Vitality of the piglet
- Conformation & legs



Dynamic robustness of the TOPIGS sow



GN Performance testing system Dam lines

- > 2000 (G)GP sows
- Fertility, stayability, teats, piglet weighing protocol
- > 7500 gilts performance tested/year
- Life gain, test gain, US loin & fat
- 60% replacement (> 100% in the GGPS)
- 40 GGP boars selected/year
- > 2500 boars performance tested/year
- Life gain, test gain, US loin & fat, feed intake (FCR)
- Additional sow performance data commercial farms (CCPS):
- Fertility, stayability
- >= 20,000 sows per line



GN Performance testing system Sire lines

- 2x 250 GGP sows
- 100% replacement
- 3500 gilts performance tested/year
- Life gain, test gain, US loin & fat
- 40 GGP boars selected/year
- 3500 boars performance tested/year: till av. 120 kg
- Life gain, test gain, US loin & fat, feed intake (FCR)
- Per nucleus boar:
 - 50–100 crossbred finisher offspring performance (CCPS)
 - 25 dissected pure line animals (kg loin & meat quality)



Breeding value estimation

- Best Linear Unbiased Prediction (BLUP):
 - Data from all relatives
 - Simultaneous correction for Herd-Year-Season effects
- Multitrait animal model
- MixBLUP software
- TOPIGS Selection Index (TSI) recalculated weekly
- Genomic selection included
- Large datasets
- Validation: 1 unit breeding value = 1 unit phenotypic expression



12.6 Capítulo 12.6. Aspectos clave en los programas de mejoramiento

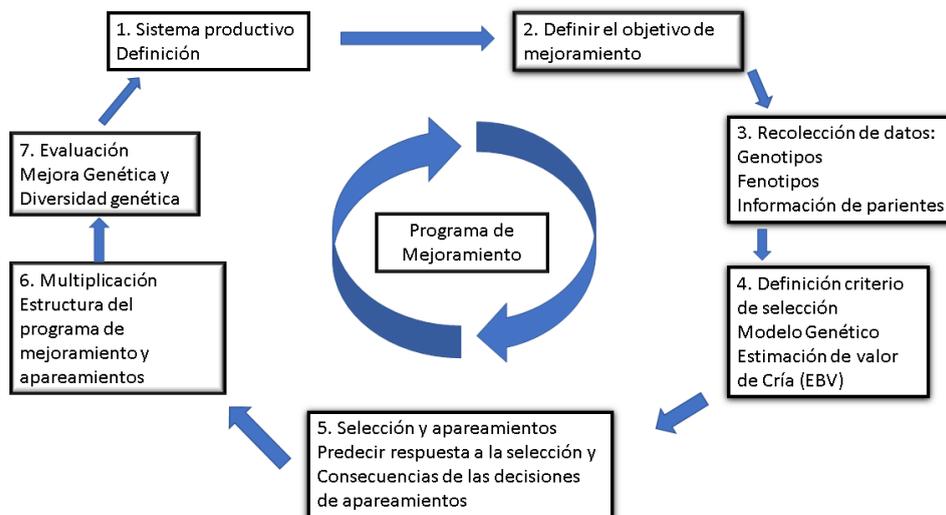
1. Un programa o esquema de cría y mejoramiento genético tiene como objetivo definir la meta de cría para la producción de una próxima generación de animales. Es la combinación del registro de los rasgos de selección, la estimación de los valores de cría, la selección de los progenitores potenciales y un programa de apareamiento para los progenitores seleccionados que incluye métodos de reproducción (artificial) apropiados.
2. En un programa de cría, la tenacidad, la precisión y la disciplina de los criadores activos es crucial. Son cruciales: la tenacidad con respecto al objetivo de la cría, la precisión en la recolección de fenotipos, genotipos y registro de pedigrís y, por último, pero no menos importante, la disciplina en la selección y el apareamiento. Todos son factores humanos importantes que deben mantenerse bajo control.
3. En las especies animales mantenidas con fines de compañía o de ocio el control sobre el programa de cría por parte de las asociaciones de cría es muy poco estricto. Estos programas tienen una estructura plana: casi todas las hembras pueden ser seleccionadas y en la mayoría de los casos la asociación de la raza sólo tiene un incidencia en la selección de los machos.
4. En la producción porcina y avícola (carne de cerdo, huevos y carne de pollo) los programas de cría comercial tienen un control total sobre todas las actividades de cría. Poseen un número limitado de animales reproductores que forman parte de sus líneas de selección. En estas líneas las empresas determinan el objetivo de la cría, realizan la recopilación de datos y la estimación del valor de la cría, y se encargan de la selección y el apareamiento de los padres para producir una nueva generación.
5. Los programas de cría con un núcleo abierto se encuentran entre los programas de cría con una estructura plana y suelta y los programas de cría con una estructura piramidal totalmente controlada. En estos programas de núcleo abierto una parte de la población es propiedad de un número limitado de criadores y/o una compañía de cría. Esta parte se utiliza para seleccionar los toros y para seleccionar las madres de los toros para la próxima generación.

Capítulo 13: Evaluación del programa de cría y mejoramiento genético

Tabla de contenidos

- 1 Capítulo 13.1: ¿Cómo medir la mejora genética?
- 2 Capítulo 13.2: Tendencia genética
- 3 Capítulo 13.3: ¿Qué podría estar influyendo en la respuesta realizada a la selección?
- 4 Capítulo 13.4: Límites de selección
- 5 Capítulo 13.5: Cuestiones prácticas que influyen en la respuesta a la selección
- 6 Capítulo 13.6: Genotipo por interacción del medio ambiente
 - 6.1 Capítulo 13.6.1: Los requisitos previos determinan el entorno
 - 6.2 Capítulo 13.6.2: Consecuencias de GxE para el programa de cría y mejora genética
 - 6.3 Capítulo 13.6.3: Respuesta correlacionada
 - 6.4 Capítulo 13.6.4: Limitación de los recursos
 - 6.5 Capítulo 13.6.5: Papel del medio ambiente
 - 6.6 Capítulo 13.6.6: Evidencia del modo de asignación de recursos
 - 6.7 Capítulo 13.6.7: Correlaciones y genotipo por interacción ambiental
- 7 Capítulo 13.7: Soluciones a correlaciones indeseables
- 8 Capítulo 13.8: Expectativas futuras: ¿a dónde ir desde aquí?
- 9 Capítulo 13.9: Equilibrio entre progreso y diversidad genética
- 10 Capítulo 13.10: Aspectos clave del capítulo sobre evaluación de la cría y mejora genética

Después del diseño e implementación del programa de cría y mejora genética es esencial evaluar el resultado: ¿qué tan grande es la respuesta genética a la selección? Si todo salió según lo planeado, esto se asemejará a su respuesta genética prevista. Sin embargo, en algunas situaciones la respuesta genética pronosticada y realizada será diferente. En ese caso es esencial averiguar y hacer ajustes cuando sea necesario. Hemos alcanzado el paso 7 en el ciclo del programa de cría y mejora genética: evaluación del programa de mejora genética. En este capítulo discutiremos una serie de cuestiones que deben ser consideradas que el éxito se puede mantener o mejorar en la próxima generación. Por supuesto, el tema importante para la evaluación es ver si la respuesta que se ha logrado es aproximadamente la misma que se predijo. Si no, usted necesita averiguar las razones por las que este puede ser el caso. ¿La calidad de la grabación pedigrí y fenotipo es sin errores? ¿Se han utilizado para la cría animales seleccionados para la mejora genética? ¿Es el entorno de selección un buena representación del entorno que la descendencia necesita para realizar en? En otras palabras: ¿hemos seleccionado a los animales adecuados? ¿Podría ser que la población haya alcanzado un límite de selección? Otro punto de evaluación es qué otros cambios se han producido que no se anticiparon. ¿La selección para mejorar los rasgos en el objetivo de reproducción también ha causado (no deseado) respuesta en otros rasgos? La evaluación de un programa de mejora genética no sólo implica evaluar la práctica de mejora genética. También implicará mirar hacia el futuro. ¿Ha habido algún cambio en la legislación o en la situación del mercado, o se esperan cambios en un futuro próximo? ¿Qué está haciendo tu competidor? ¿Qué debe hacer para mantener/ampliar su cuota de mercado? Usted ve que a pesar de que el programa de mejora genética está en funcionamiento, todavía requiere esfuerzo para mantenerlo de esa manera.



Aparte del progreso genético que se ha logrado, los programas de reproducción deben evaluarse en otro aspecto importante: ¿a qué costo se ha mantenido? ¿Está bajo control la tasa de endogamia? Si no, ¿qué se podría cambiar para mejorar eso? Esta evaluación de la diversidad genética es muy importante en la evaluación del programa de mejora genética. Sin diversidad genética no hay futuro para el programa de mejora genética, y una disminución de la diversidad genética resulta en un aumento de la endogamia depresión y la frecuencia de los trastornos genéticos en la población. La evaluación del programa de mejora genética desde el punto de vista de la diversidad genética se discutirá en un capítulo 14.

1. Capítulo 13.1: ¿Como medir la mejora genética?

La mejora genética indica cuánto mejor son los animales genéticamente en la generación actual en comparación con la anterior. Para poder determinar la mejora genética, es necesario conocer el potencial genético de los animales. No se puede medir el potencial genético real. Pero si los valores de reproducción de los animales se pueden estimar con muy alta precisión, utilizando información sobre muchas crías, por ejemplo, estos pueden utilizarse como una buena aproximación del verdadero potencial genético. Aparte de la alta precisión, el VC también debe estimarse sin sesgo de efectos sistemáticos. Por ejemplo, los animales que son alimentados con un alimento de alta calidad pueden funcionar sistemáticamente mejor a los animales que son alimentados con alimentos simples. Si el VC no se corrige para este efecto, el VC de los animales que fueron alimentados con la será sesgado hacia arriba. Su rendimiento fue mejor, pero no por su genética. Para obtener la mejor estimación del VC es necesario estimarlos utilizando BLUP, que puede tomar estos efectos sistemáticos de alimentación, alojamiento, temporada u otras influencias ambientales en cuenta (ver capítulo sobre la clasificación de los animales).

En resumen, es posible obtener una buena aproximación del mejoramiento genético a través de las generaciones cuando el VC se estiman con gran precisión y utilizando BLUP. El mejoramiento genético realizado o la respuesta genética realizada pueden ser determinados tomando la diferencia entre el promedio del VC en ambas generaciones.

Respuesta realizada a la selección - generación media de VC t+1 – generación media de VC t

Esta fórmula simple dará la mejor aproximación posible de la respuesta genética realizada. Recuerde que la respuesta genética pronosticada se calcula como

$$\Delta G = \frac{i * r_{IH} * \sigma_a}{L}$$

La diferencia entre la respuesta realizada y la predicha es lo que requiere evaluación. Cuanto menor sea la diferencia, mejor se asemeja la realización a la predicción y menos evaluación se requiere. Sin embargo, si la diferencia es sustancial, es esencial averiguar qué la causa.

Así:

El mejoramiento genético realizado puede determinarse tomando la diferencia en el promedio del VC, por ejemplo, entre generaciones

2. Capítulo 13.2: Tendencia Genética

Para tener una impresión de la respuesta genética realizada a largo plazo, es posible evaluar las tendencias genéticas a través de generaciones. Una tendencia genética es una compilación del promedio del VC por generación, e indica la dirección de cambio a través de las generaciones. A menudo se visualiza en un gráfico y es útil para comprobar si hay cambios inesperados desviaciones de la linealidad, por ejemplo, debido a un límite de selección. La figura 1 muestra la tendencia genética de la producción de leche en Holanda ganado lechero en blanco y negro de 1995 a 2013, expresado por año de nacimiento, en lugar de por generación. Razón por la que es que en el ganado lechero las generaciones no son discretas, sino que se superponen porque algunas vacas envejecen más que otras. Por expresando una tendencia genética por año de nacimiento se supera este solapamiento en generaciones. También proporciona más información sobre lo que ha sucedido durante un período de tiempo definido. El VC se estima en relación con el promedio del VC en 2009. En términos técnicos: 2009 fue el año de referencia. Los animales con un potencial genético superior a la media en 2009 tienen VC superior a 0, y los animales con potencial genético inferior a la media de 2009 tienen un VC negativo. En la figura

están los promedios anuales de los VC. El hecho de que haya un aumento del VC, indica una tendencia genética positiva. Los animales son mejorados genéticamente a través de los años de nacimiento, por lo que la selección ha sido exitosa. En la misma cifra también ver la tendencia fenotípica de la producción de leche (la línea verde que comienza justo debajo de la tendencia genética en 1995). El hecho de que ambas tendencias tengan aproximadamente la misma pendiente indica que los factores ambientales como el manejo, la alimentación, el alojamiento han estado apoyando, y no limitando la expresión de la mejora genética.

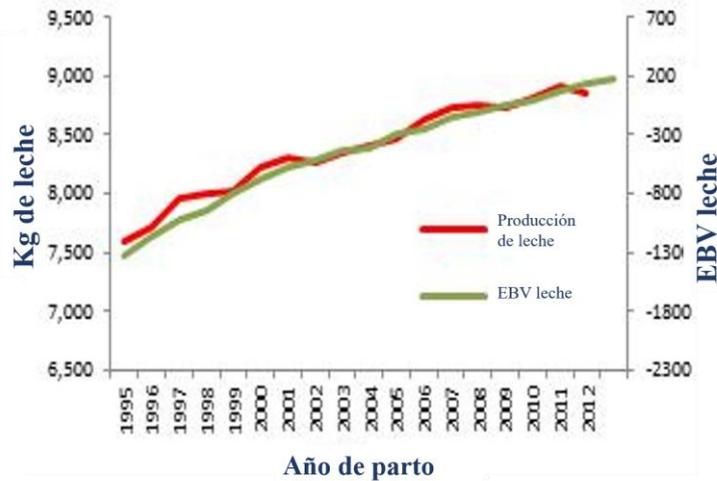


Figura 1. El aumento de la producción de leche en el ganado lechero neerlandés entre 1995 y 2013, y el aumento del VC desde 1995. Aunque la escala se expresa de manera diferente, ambos aumentan aproximadamente 1500 kg.

Definición

Una tendencia genética representa la respuesta genética realizada a lo largo de un período de tiempo (por ejemplo, años o generaciones)

3. Capítulo 13.3: ¿Qué podría estar influyendo en la respuesta realizada a la selección?

La respuesta genética predicha a la selección se utiliza para hacer un plan, para diseñar el esquema de mejora genética. Después, se registra la ganancia genética, pero a menudo no se compara con las predicciones. Es una pena, porque la diferencia entre la respuesta de selección pronosticada y la realizada proporciona una indicación del éxito realizado del programa de mejora genética. Por lo tanto, es muy sabio monitorear porque proporciona una visión sobre el éxito del programa de mejora genética y en aspectos que no van como usted planeó inicialmente ellos.

Las suposiciones que no se realizan

¿Por qué habría una diferencia entre la respuesta genética estimada y la respuesta genética realizada? Considere la fórmula para predecir la respuesta a la selección y evaluar cada uno de los componentes. ¿Sus valores reales eran los mismos que se usaban en la predicción?

Intensidad de la selección

Para empezar, la intensidad de selección realizada puede haber sido menor que la utilizada para predecir la respuesta. Por ejemplo, algunos de los animales que fueron seleccionados por alguna razón no pudieron participar en la mejora genética. Esto significa que los animales menos

superiores habrán tomado su lugar, lo que habrá disminuido la respuesta genética realizada a la selección. O algunos de los animales seleccionados se utilizaron como padres mucho más que otros. Esto afectará a la respuesta de selección.

Precisión de la selección

El siguiente componente es la precisión de la selección. Esto está influenciado por la heredabilidad y las fuentes de información, por ejemplo, el rendimiento propio frente a las pruebas de hermanos. Las fuentes de información se ven influenciadas con bastante facilidad. Si en la ecuación de predicción se suponía que el VC de todos los animales se basaría en 5 crías cada uno, y en realidad algunos animales tenían menos descendencia, esto reducirá la precisión. Del mismo modo, también podría ser que, en lugar de 5, algunos animales tenían 8 crías. Esto mejorará la precisión de su VC, y así aumentará la probabilidad de seleccionar los mejores animales genéticamente para la mejora genética. La heredabilidad no puede ser influenciada fácilmente. Como hemos visto en el capítulo sobre modelos genéticos, una forma potencial de aumentar la heredabilidad es mejorando el método de medición para obtener el fenotipo. La heredabilidad también puede cambiar debido a un cambio en la variación genética aditiva.

Desviación de la norma genética aditiva

El siguiente componente de la fórmula es la desviación estándar genética aditiva, que es la raíz cuadrada de la varianza genética aditiva. La varianza genética aditiva se estima combinando la información fenotípica y las relaciones genéticas aditivas entre los animales. Véase el capítulo sobre modelos genéticos. Hace uso del hecho de que los animales relacionados son más parecidos que los animales no relacionados.

Sin embargo, si estas relaciones de pedigrí no son registradas con precisión, los animales relacionados (en papel) ya no funcionan de manera tan parecida. Las similitudes entre los animales pueden asignarse a las relaciones genéticas. Los errores de pedigrí reducen así el tamaño de la variación genética aditiva estimada.

Incluso si el registro del pedigrí fuera correcto y la varianza genética aditiva estimada es tan exacta como sea posible, aun así la estimación puede cambiar algo a través de las generaciones. Como hemos visto en el capítulo sobre las relaciones y la endogamia, hay algunas fuerzas que tendrán una influencia en la variación genética aditiva, aunque los cambios no serán grandes de generación en generación. A más largo plazo, sí que marca la diferencia. Por lo tanto, es importante reestimar la variación genética aditiva de forma regular. Las posibles razones para el cambio son que la selección aumenta la frecuencia de los alelos deseados. La deriva genética, sin embargo, puede causar que los alelos que fueron bajo selección disminuyan, en lugar de aumentar, la frecuencia. Las mutaciones pueden crear nuevas variaciones, que no pueden ser predichas a mano.

Intervalo generacional

El último componente de la ecuación de predicción es el intervalo de generación. Esto sólo importa si decide expresar la respuesta por año, en lugar de por generación. Determinar el intervalo de generación puede ser bastante complicado, ya que han visto en el capítulo sobre la respuesta genética a la selección. Casi nunca es lo mismo para todas las familias, así que hay que asumir un promedio. En la vida real, el intervalo de generación puede ser más largo o más corto de lo previsto, lo que hace que la respuesta genética realizada por año sea diferente de la uno.

Así:

Cuando no se produce la respuesta genética prevista a la selección: ¿todas las suposiciones con respecto a los componentes de la ecuación de predicción se cumplieron?

4. Capítulo 13.4: Límites de Selección

Una razón para no cumplir con la respuesta esperada a la selección puede ser que la población está alcanzando un límite de selección. Un límite de selección indica que la población ha llegado al punto en que ya no es posible realizar más cambios. Esto puede deberse al hecho de que no hay más variación genética, pero hay otras razones.

Límite debido a la selección natural opuesta

En la Figura 2 se ve un ejemplo de una población que aparentemente ha alcanzado un límite de selección. La línea alta sigue respondiendo a la selección y está creciendo cada vez más. La línea baja, por otro lado, ha disminuido linealmente en tamaño durante aproximadamente 25 generaciones, pero luego disminuyó aún más ya no era factible. A pesar de que la selección era en los pollos más ligeros cada generación, la siguiente generación ya no estaba siendo más ligera. No está claro por qué es así. Los resultados de la selección siempre se expresan a nivel fenotípico. Podría ser que las aves genéticamente más pequeñas mostraron el mismo fenotipo que las aves genéticamente más grandes, por lo que la selección direccional ya no era posible. En ese caso, este límite de selección representa un límite fisiológico, en lugar de una variación genética limitada. Cuál de los dos era el caso podría ser probado seleccionando las aves ligeras hacia arriba de nuevo. Si eso es todavía posible, entonces la variación genética todavía está presente. Otra razón para alcanzar el límite de selección podría ser que las aves más pequeñas ya no eran capaces de reproducirse. Ese sería un ejemplo típico de selección natural que trabaja en la dirección opuesta de la selección artificial. Los límites de selección debido a la selección natural opuesta generalmente son difíciles de deshacer. En algunos casos, una mejora del medio ambiente puede quitar el límite de selección natural.

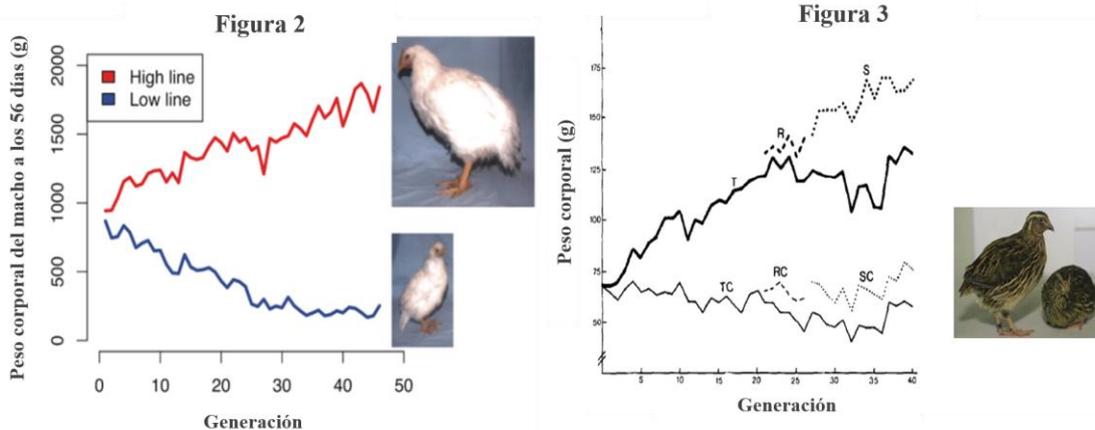


Figura 2. Promedios fenotípicos a lo largo de generaciones de selección divergente en cuernos de pierna blancos. De Johanssen y otros, 2010 Genoma amplio efecto de la selección divergente a largo plazo DOI: 10.1371/journal.pgen.1001188.

Figura 3. Selección para el aumento del peso corporal a las 4 semanas de edad bajo diferentes ambientes nutricionales en codorniz. La línea T alcanzó un límite de selección alrededor de la generación 25. Este límite desapareció después de mejorar la dieta (línea R y S). Después de Marks, 1996. Ciencia de las Aves 75:1198-1203.

Limitar el medio ambiente para expresar el potencial genético

Por ejemplo, para mostrar potencial de crecimiento, los animales requieren suficiente ingesta de nutrientes. Si esos nutrientes no están disponibles, no pueden mostrar su potencial genético y solo crecen a medida que la ingesta de alimentos los lo permita. Esto se muestra en un experimento de selección a largo plazo en la codorniz, donde en algún momento se produjo una

meseta de selección (ver figura 3, la línea sólida). Una meseta de selección parece ser la misma que un límite de selección, sólo que se puede elevar cambiando el entorno. Esto no es posible con un límite de selección real. La meseta de selección en la codorniz se elevó mejorando la calidad de la alimentación. Con este experimento se demostró claramente que los límites a la selección en algunos casos en realidad pueden ser mesetas porque son causadas por límites en el medio ambiente, más que por la genética.

Hay tres razones principales para la aparición de un límite de selección:

- *la pérdida de la diversidad genética (irreversible)*
- *oponerse a la selección natural a través de la reducción de la fertilidad o incluso de la mortalidad (generalmente irreversible)*
- *entorno limitante para expresar el potencial (a menudo reversible)*

5. Capítulo 13.5: Aspectos prácticos que incluyen en la respuesta a la selección

La tendencia de la mejora genética realizada no siempre es la misma que la tendencia de la mejora genética prevista. En la práctica generalmente no es más alto de lo esperado, pero puede ser más bajo. Si es menor de lo esperado, como organización de mejora genética es esencial averiguar por qué es así. Ya hemos discutido los posibles problemas con la diferencia entre la respuesta de selección prevista y la realizada. Si estas cuestiones se mantienen a lo largo de las generaciones, esto influirá en la tendencia genética. Pero hay algunas razones adicionales que discutiremos.

Una razón obvia es que los animales que fueron seleccionados y utilizados como animales reproductores, no eran tan buenos como se esperaba. Esto puede haber sido causado por el hecho de que algunos animales estaban puntuando sistemáticamente mejor que otros debido a un tratamiento que no se incluyó como efecto sistemático en el valor de cría estimado (los detalles van más allá del alcance de este curso). Esta mejor puntuación ha sido asignada a su potencial genético. Por lo tanto, todos estos animales tienen un VC sobreestimado, que los colocó más altos en el ranking, entonces deberían tenerse basados en su potencial genético. Cuando ha quedado claro cuál es el efecto sistemático que causa esta sobreestimación de parte del VC, esto se puede hacer fácilmente.

Un cambio en el objetivo de cría entre el momento de la predicción y la realización muy probablemente resultará en una diferencia entre la respuesta de selección observada y la predicha. Las predicciones se hicieron utilizando el viejo objetivo de cría y mejora genética, pero los animales ya se seleccionan utilizando el nuevo objetivo de cría y mejora genética a la selección ligeramente modificada. Obviamente, esto resultará en una diferencia entre la respuesta genética pronosticada y la obtenida. Relacionado con esto, a pesar de que el objetivo de reproducción sigue siendo el mismo, un cambio en el registro de fenotipo puede tener consecuencias similares. Por ejemplo, la introducción de equipos nuevos y mejorados mejorará la precisión de las mediciones, lo que puede tener un efecto cada vez mayor en la heredabilidad (véase el capítulo sobre los modelos genéticos), que a su vez tiene un efecto cada vez mayor en la precisión de la selección, y por lo tanto en la respuesta realizada a la selección. La solución a ambos problemas es ajustar la respuesta prevista a la nueva situación y comparar la recién pronosticada con la selección realizada respuesta.

Así:

Las desviaciones de la tendencia genética esperada pueden deberse a un cambio en el objetivo de la cría o a un cambio en el tipo de registro del fenotipo.

6 . Capítulo 13.6: Fenotipos por interacción genotipo con el medio ambiente

Fenotipos por interacción genotipo x medio ambiente

Un caso especial es cuando la selección se basa en el rendimiento de los animales que viven en un entorno diferente del uno en el que su descendencia va a vivir. Esto significa que hay un riesgo potencial de seleccionar los animales que pueden ser los mejores en el entorno de los padres, pero no en el de los hijos. Este riesgo es insignificante cuando ambos ambientes son similares. Sin embargo, puede convertirse en un problema si estos entornos son obviamente diferentes. Por ejemplo, en la lechería el toro de ganado puede haber sido seleccionado en base al mejor rendimiento de sus hijas en Holanda. También es utilizado como padre de las vacas en España. Sin embargo, sus hijas no pueden soportar muy bien el calor y rinden menos que porque la producción de leche. En España en cambio, requiere tolerar altas temperaturas, mientras que esto es mucho menor en los Países Bajos. Otro toro también se utiliza como semental en España. Tiene un EBV más bajo en los Países Bajos porque sus hijas no eran las mejores. Sin embargo, es muy popular en España porque allí sus hijas tienen alto rendimiento. En otras palabras, ser capaz de expresar el mismo rasgo: la producción de leche, el potencial genético de una vaca en España tiene que ser ligeramente diferente a la de una vaca en los Países Bajos. Requiere la capacidad de tolerar altas temperaturas. Por lo tanto, el mejor toro de España no es el mejor toro de los Países Bajos, ya que ambos ambientes requieren genotipos ligeramente diferentes. Esta reordenación de los animales según la combinación específica de genotipo y ambiente se llama Interacción con el Genotipo-Ambiente o GxE. El "genotipo" puede referirse a animales individuales, como estos dos toros lecheros, pero también puede representar los promedios de la población, en lugar de los animales individuales.

Por lo tanto:

Interacción entre el genotipo con el medio ambiente (GxE) = cuando la diferencia de rendimiento de dos genotipos depende del entorno en el que se mide el rendimiento.

GxE puede referirse a un cambio en el tamaño de la diferencia de rendimiento, o a un cambio en la clasificación de los animales, en diferentes ambientes

6.1 Capítulo 13.6.1: Requisitos previos para determinar el entorno

El medio ambiente puede considerarse como un conjunto de requisitos previos. Un animal se desempeña mejor si posee todos los requisitos previos para ese entorno. Si faltan algunos, el rendimiento se reduce. Cada entorno tiene su propio conjunto de requisitos previos. Sin embargo, algunos entornos son tan parecidos que los animales pueden utilizar el mismo conjunto de requisitos previos. Cuanto más diferentes sean los dos entornos, más importante es tener los requisitos específicos requisitos previos para gestionar en cualquiera de los entornos. A veces, los prerrequisitos son incluso adversos: si tienes la una, no puedes tener la otra. Por ejemplo, si tienes un pelaje grueso para tolerar el frío, no puedes soportar el calor.

Estos prerrequisitos adversos se llaman compensaciones. Un animal puede ser capaz de manejar un prerrequisito, para ejemplo digiriendo alimentos de baja calidad, pero eso requiere un tipo de fisiología de la digestión que hace imposible. Crecen muy rápido cuando la calidad del alimento es buena. Puedes ser bueno en una cosa, pero eso significa automáticamente que no eres tan bueno en otra cosa. A menudo, el cumplimiento de un requisito previo en un entorno sólo causa un pequeño efecto negativo en rendimiento en el otro entorno. Lo contrario puede ser mucho más problemático: no ser resistente a una infección puede ser bastante problemática en un ambiente con esa infección.

El tamaño de la interacción genotipo x ambiente

Para obtener información sobre el tamaño de GxE, puede trazar el rendimiento de diferentes genotipos en varios entornos, en un gráfico. En el eje de las x-de un gráfico de este tipo está el gradiente ambiental, por ejemplo, la temperatura, o el contenido de proteínas en la dieta, o algún

otro componente en el entorno de los animales. En el eje de las y-está el rendimiento de los animales en los ambientes. La gráfica resultante se denomina norma o umbral de reacción. La pendiente del umbral de reacción le dirá cuán sensible es el genotipo. Una pendiente horizontal indica la ausencia de sensibilidad a los entornos que se consideran. Una pendiente indica que el rendimiento en un entorno es mejor que en el otro. Los umbrales de reacción paralela indican que los dos genotipos son igualmente sensibles a los cambios en el medio ambiente el rango ambiental. Sin embargo, si un umbral de reacción es más empinado que la otra, esto es una indicación de que un genotipo es más sensible a un cambio en el medio ambiente que el otro y sólo entonces llamamos una interacción genotipo ambiente. En la situación extrema, los umbrales de reacción incluso se cruzan entre sí. Eso significa que en un entorno la única población sería mejor, mientras que en el otro ambiente de la otra población sería mejor.

En la figura 4 es un ejemplo de ambos tipos de umbrales de reacción para indicar la GxE. En la figura superior las líneas de reacción no son paralelas, pero no cruzan, lo que indica que una población sigue siendo superior a la otra en ambos entornos. En la figura inferior las líneas de reacción están cruzando, lo que indica que la superioridad genética cambia con el cambio ambiental. Las líneas de reacción en estas figuras son líneas rectas porque sólo se consideran dos entornos. Pueden volverse no lineales cuando se incluyen más entornos y, por lo tanto, se comparan varias prestaciones. Las normas de reacción no horizontales indican que algunas razas son más capaces de tratar con entornos menos optimizados que otras.

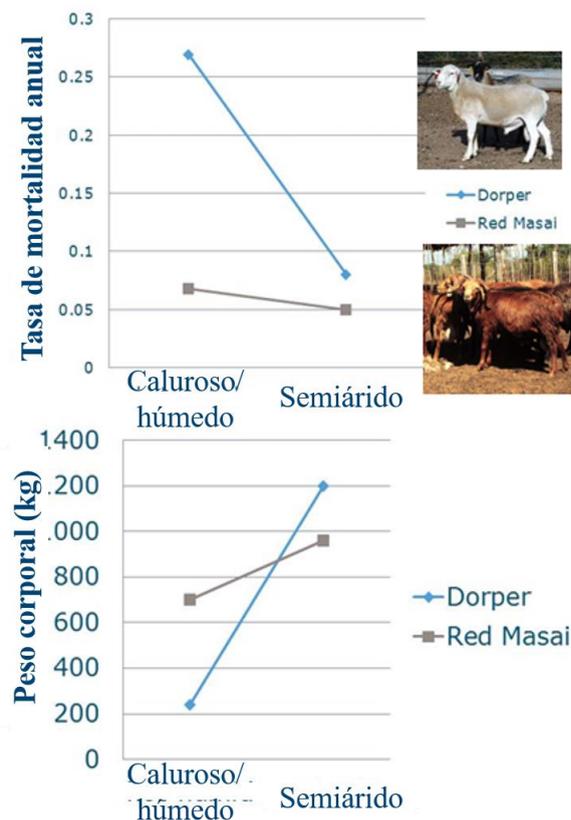


Figura 4. Dos ejemplos de GxE en las ovejas crían Dorper y Red Masai. En el gráfico superior, las normas de reacción no paralelas son una indicación de la mayor sensibilidad del Dorper a condiciones semiáridas que el Masai Rojo, expresada en la tasa de mortalidad. Pero la tasa de mortalidad del Dorper sigue siendo mayor en ambos ambientes. En el gráfico inferior el GxE es más fuerte e indica que el Dorper es más pesado en condiciones de calor y humedad, mientras que el Masai Rojo es el más pesado en el semiárido condiciones.

Así:

Una línea de reacción representa el rendimiento de los genotipos (es decir, animales o poblaciones) en una serie de entornos. Las líneas de reacción no paralelas de los genotipos indican la presencia de un genotipo por la interacción del medio ambiente

6.2 Capítulo 13.6.2: Consecuencias de la interacción GxE para un programa de cría y mejora

La interacción genotipo-ambiente ocurre en cualquier situación en la que una población es más sensible a los cambios que otras, indicada por una pendiente más pronunciada en la línea de reacción. ¿Cuáles son las consecuencias para el programa de cría y mejora genética? ¿Cuándo hay que tener en cuenta que la descendencia debe funcionar en un tipo diferente de ambiente en el que los padres han sido seleccionados?

Una respuesta a estas preguntas está en la correlación genética entre el rendimiento en ambos ambientes. Si la correlación es baja, o incluso negativa, la selección basada en el rendimiento en un entorno puede dar lugar a un bajo rendimiento de la descendencia en el otro medio ambiente. Por ejemplo, si selecciona los animales con mejor rendimiento en un entorno optimizado de todas las maneras posibles (alojamiento perfecto, alimentación, atención médica, etc.), usted puede obtener los animales con el mejor potencial genético para su rasgo de interés en ese ambiente. Sin embargo, si utilizara a esos animales como padres para descendencia en un ambiente más promedio, pueden tener un desempeño, pero porque no tienen en cuenta los requisitos previos que se necesitan para funcionar en ese entorno promedio. La correlación genética entre el rendimiento en dos ambientes es una medida de la aplicación del genotipo en un entorno es actuar en el otro entorno. En otras palabras, esa correlación genética proporciona una indicación de si el mismo programa de cría y mejora genética puede utilizarse para ambos ambientes o no. Obviamente, las pruebas de rendimiento de hermanos o descendientes en el entorno en el que se supone que la descendencia debe realizar es información muy valiosa para optimizar las decisiones de selección.

Si el mismo programa de cría se supone que sirve a una gama demasiado amplia de ambientes, puede ser más prudente dividir el programa de cría en dos. Esa decisión dependerá del resultado de una serie de preguntas. ¿Cuál es el progreso genético ahora y cómo mejorará eso cuando el programa de cría se divida? Muy importante en relación con que es su posición competitiva con respecto a otros que operan en el mismo mercado. Como empresa de cría, puedes ahorrar dinero manteniendo un solo programa de cría, pero puedes perder mucho más al perder la ganancia genética, y por lo tanto la cuota de mercado, a su competidor. Obviamente este es el caso de la cría de animales de granja, pero también es el caso ¿en la cría de caballos de montar!

El KWPN, por ejemplo, ha decidido dividir su programa de cría en dos: uno para la doma y uno para el salto de obstáculos. Los criterios de selección para ambas especialidades son diferentes. Sementales para la doma la especialización ya no se pone a prueba en sus habilidades de salto, sino que deben tener excelentes umbrales y mostrar verdaderas potencial en la prueba de rendimiento. Los sementales para la especialización en salto no son castigados por tener menor umbral superiores, pero deberían mostrar un potencial real para el salto de obstáculos. La idea era que esto permitiría más el progreso genético a través de la especialización. Había costos involucrados, pero la idea era que los beneficios superan los costos y la cuota de mercado podría aumentar aún más. Porque la división del programa de cría en dos ha sido relativamente reciente, los resultados no han sido evaluados todavía. Pero los resultados preliminares sugieren que desde el punto de vista del progreso genético la separación ha sido un éxito.

Una regla empírica para llevar a cabo un programa de cría es que, si la correlación genética entre el rendimiento en dos ambientes cae por debajo de 0,6, así que, si se requiere una

genética diferente para funcionar bien en cualquiera de los ambientes, vale la pena dividir el programa de cría en dos: uno para cada ambiente. Una correlación superior a 0,6 indica que, aunque la selección de los padres puede ser subóptima, aun así, supera los costos de funcionamiento dos programas de cría separados. Los costos no sólo implican las consecuencias financieras, sino los costos con respecto a la pérdida de la respuesta genética a la selección si se reduce el tamaño de la población, y con respecto al mantenimiento de la diversidad (de las dos poblaciones más pequeñas).

Entonces:

Dos ambientes requieren programas de cría separados si la correlación entre el rendimiento en ambos ambientes es menor de 0,6.

6.3 Capítulo 13.6.3: Respuesta correlacionada

Como hemos visto en el capítulo sobre la respuesta a la selección, a veces es posible utilizar el rendimiento para un rasgo como indicación de rendimiento para otro, potencialmente más difícil o costoso de medir el rasgo. Este tipo de rasgo se llama un rasgo ***indicador o marcador*** y debido a su correlación con el rasgo en el objetivo de cría, basado en la selección en este rasgo marcador mejora automáticamente el rasgo en el objetivo de cría y mejora genética. Cuanto más fuerte sea la correlación, mayor será la respuesta a la selección en el rasgo del objetivo de cría y mejora genética. Este es un ejemplo de hacer uso de correlaciones existentes con una clara ventaja para el programa de cría y mejora genética. La correlación se utiliza como herramienta para la selección.

Ligamiento

Existen correlaciones por varias razones. Una razón es que los genes que están involucrados en el rasgo correlacionados se encuentran cerca (ligados) con los que están involucrados en el rasgo bajo selección. Por lo tanto, los eventos de recombinación entre ellos son raros, y el alelo del rasgo correlacionado a menudo se hereda junto con el alelo positivo del rasgo bajo selección. En términos técnicos, esto se llama que están en desequilibrio de ligamiento: combinaciones de alelos de ambos genes se heredan juntas (haplotipos). Por ejemplo, si un gen que está involucrado en el tamaño adulto está estrechamente ubicado en cromosoma cercano a un gen involucrado en la displasia de cadera en perros, los alelos para el tamaño y la displasia de cadera se heredan juntos (véase la figura 5). Si el alelo para el tamaño grande está cerca del alelo para la presencia de displasia de cadera, y el alelo para tamaño pequeño está cerca del alelo para la ausencia de displasia de cadera, entonces hay una correlación negativa entre la displasia de cadera y el tamaño. Esto es causado por el hecho de que estos genes casi siempre heredan juntos y la combinación de alelos es indeseable en una raza que se selecciona para gran tamaño.

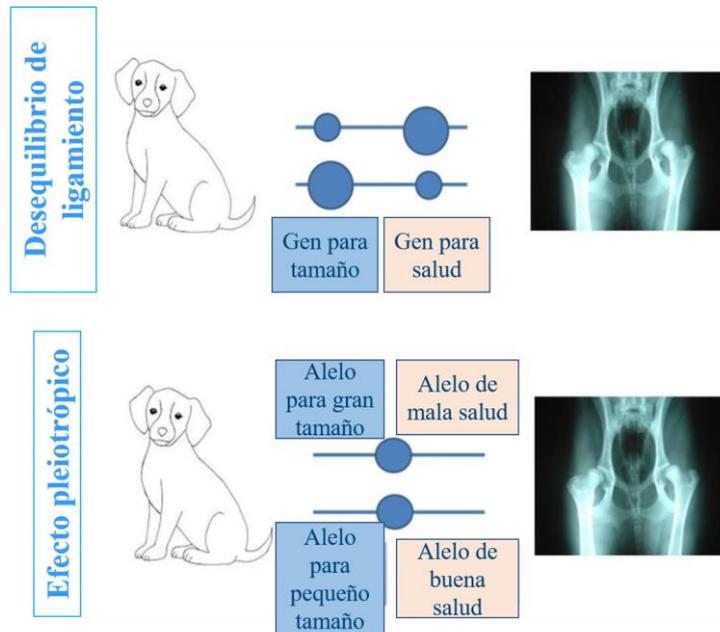


Figura 5. Dos causas de correlaciones genéticas. Desequilibrio de ligamiento ó ligamiento, donde los genes que afectan a diferentes rasgos no se heredan de forma independiente, y el efecto pleiotrópico, donde un gen afecta a múltiples rasgos. *Fig. superior:* Ligamiento, representados el gen del tamaño y el de salud en displasia. *Fig. inferior:* Efecto Pleiotrópico, el alelo del tamaño grande está asociado a la displasia y el del tamaño pequeño al de buena salud.

Efectos pleiotrópicos

También puede existir una correlación genética porque el gen que afecta al rasgo también está influyendo en otro rasgo. Esto se denomina efecto pleiotrópico del gen. Por ejemplo, si un gen que afecta el tamaño adulto en perros también está afectando el riesgo de desarrollar el tamaño de la displasia de cadera en perros, y el alelo que resulta en perros grandes también está resultando en un mayor riesgo, entonces la selección para el tamaño adulto resultará en una cadera más pobre calidad (véase la figura 5).

6.4 Capítulo 13.6.4: Recursos limitantes

Una tercera razón para la existencia de una correlación, a menudo negativa, entre el rasgo bajo selección y la sensibilidad ambiental no tiene mucho que ver con las ubicaciones en el genoma o con múltiples funciones de genes individuales. Tiene más que ver con el hecho de que el animal tiene que "tomar decisiones" sobre en qué gastar sus recursos. En primer lugar, estas no son decisiones conscientes. Las llamamos opciones porque los recursos gastados en un proceso o rasgo no se pueden gastar en otra cosa. El mecanismo detrás de la "toma de decisiones" en qué gastar los recursos no está muy claro todavía, pero la mayoría probablemente consisten en una combinación de genética, y factores tales como la etapa de la vida del animal, condición, salud, y una serie de otros factores. Si los recursos necesarios para los diversos los procesos disponibles dependerán de la disponibilidad y la calidad de los recursos disponibles, pero también de la capacidad de ingesta del animal. Piense en la capacidad de ingesta de piensos en ganado lechero. Algunas vacas no pueden ingerir suficiente alimento para mantener la condición corporal. Gastan todos los recursos en la producción de leche, pero tienen capacidad de ingesta de piensos restringida, por lo que también tienen que utilizar algunas de sus reservas de recursos en su condición corporal.

Así:

Las correlaciones genéticas pueden existir por varias razones:

- **El desequilibrio de ligamento o ligamiento**
- **Efecto pleiotrópico**
- **Asignación conflictiva de recursos**

Algunos animales tienen flexibilidad para cambiar los recursos a diversos procesos, pero no es completa. Parece que algunos animales son más capaces de hacer eso que otros, y hay indicios de que esto es heredable. Por supuesto, hay un componente hereditario para alimentar la capacidad de alimentación o toma de alimento. Así que, si componemos un modelo muy simple, podemos decir que la ingesta de alimento debe dividirse en cualquier cosa relacionada con la supervivencia, por un lado, y reproducción por el otro. Esto se ilustra en la figura 6A. Ahora si ponemos al animal en un ambiente más exigente, para sobrevivir necesitará obtener más recursos para la supervivencia. Si es posible, aumentará su ingesta de alimento. Sin embargo, si ya estaba en su máximo, tendrá que desplazar los recursos asignados a reproducción a la supervivencia (figura 6B). En este entorno existe una correlación negativa entre supervivencia y reproducción. Se logra una mejor supervivencia a expensas de la reproducción.

En los animales domésticos, los criterios de selección pueden considerarse parte de la «supervivencia». Después de todo, si no son lo suficientemente buenos, no se seleccionan y ya no forman parte de la población reproductora. Desde la perspectiva de la cría y mejora genética están 'muertos'. El ganado lechero, por ejemplo, se selecciona para una alta producción de leche. Las vacas de alta producción a menudo tienen más problemas de fertilidad que las vacas de menor producción. Podemos usar el modelo de asignación de recursos para obtener información sobre por qué puede ser. Las vacas no pueden gastar sus recursos tanto en la supervivencia (por ejemplo, la producción de leche) al mismo tiempo. Las vacas que más gastan en leche estaban en beneficio selectivo (tenían un mayor potencial de supervivencia). Podrían lograrlo aumentando la ingesta de piensos, pero también desplazaron los recursos de la reproducción, lo que resulta en una correlación negativa entre la producción y reproducción de leche. Esto es lo que pudo haber pasado.

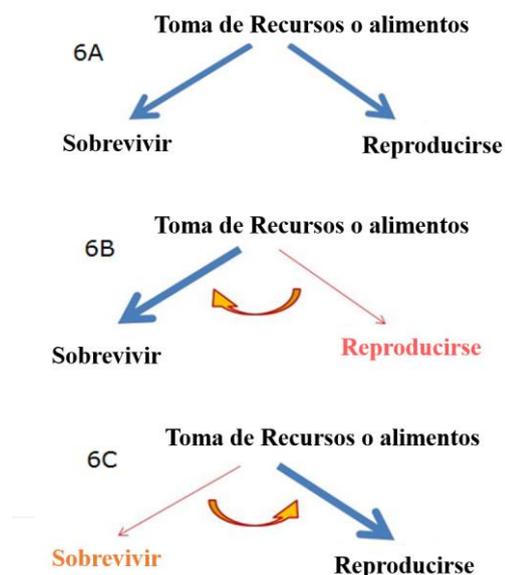


Figura 6. El modelo simple de asignación de recursos. 6A muestra el modelo básico: los recursos deben dividirse entre rasgos relacionados con la supervivencia y la reproducción. 6B representa una situación en la que se necesitan más recursos para sobrevivir. Para lograrlo, es necesario quitar recursos a la reproducción. Esto puede conducir a un rendimiento reproductivo reducido. 6c muestra la situación

opuesta: los recursos son necesarios para la reproducción, y se quitan de la supervivencia para alcanzar la cantidad requerida. Esto puede conducir a un conflicto entre la supervivencia y la reproducción.

6A: Toma de Recursos o alimentos: Puede derivar en supervivencia o reproducción.

6B: Toma de recursos o alimentos Puede derivar en supervivencia o reproducción, en este caso se deriva más a supervivencia que a reproducción

6C: Toma de recursos. En este caso el animal deriva todos los recursos a la reproducción en vez de la supervivencia

6.5 Capítulo 13.6.5: Rol del medio ambiente

El medio ambiente también puede mejorarse de modo que se deba asignar menos recursos a la supervivencia y se puedan gastar más en reproducción, lo que ocurre en la figura 6C. Los animales que tengan la mayor proporción de sus recursos asignados a la reproducción tendrán la mayor parte de la próxima generación. Por lo tanto, la presión de selección se realizará automáticamente en la gran proporción de recursos asignados a la reproducción. Se puede imaginar que después de un número de generaciones los animales que **asignan más a la supervivencia se han reducido en número**. En este entorno eso no es un problema, porque sólo se requieren recursos limitados para la supervivencia. Sin embargo, si pones esos animales en un ambiente de peor calidad, ya no podrán sobrevivir. **Se ha desarrollado una correlación negativa entre la reproducción y la supervivencia**. Este es otro tipo de correlación negativa que, con la producción de leche y reproducción, a pesar de que las razones de su desarrollo son similares. En este caso los animales son muy reproductivos, pero necesitan un buen ambiente para la supervivencia. En el caso anterior los animales tenían muy buena "supervivencia" (es decir, la producción de leche), pero a expensas de la reproducción.

En nuestras especies animales de granja modernas se producen ambos tipos de correlación negativas. Hemos seleccionado a los animales para un rendimiento muy alto y, al mismo tiempo, intentamos optimizar su entorno para que pudieran mostrar su potencial. Al hacerlo, hemos creado animales que funcionan muy bien en condiciones optimizadas. Sin embargo, también se han vuelto más sensibles a una disminución de la calidad ambiental en comparación con lo que no fueron seleccionados. Por ejemplo, los engordes se han vuelto bastante sensibles a las fluctuaciones de la temperatura ambiente. El rango en el que se sienten cómodos se reduce mucho en comparación con el de, por ejemplo, gallinas ponedoras. Por supuesto, hay algo más que recursos involucrados, pero el principio de no tener que lidiar con un ambiente exigente para que todo el esfuerzo se pueda aplicar y poner el criterio de selección (de crecimiento) por ejemplo.

6 Capítulo 13.6.6: Evidencia de recursos de alojamiento. Modelo de alojamiento

Aunque se trata de un modelo simple, las direcciones de la respuesta de selección se producen en la realidad. Para ilustrar lo siguiente, en la figura 7 se ven los resultados de un experimento de selección en ratones. Una población de ratones se dividió en dos y se mantuvo en dos dietas diferentes con respecto a las proteínas contenido durante 6 generaciones. Luego se pusieron en el entorno opuesto y se midió su rendimiento de crecimiento. Ambas subpoblaciones tuvieron un mejor desempeño en su propio entorno. Sin embargo, el grupo que fue seleccionado en la dieta alta en proteínas sufrió mucho más en el otro ambiente que el grupo que fue seleccionado en la dieta baja en proteínas. Los resultados se presentan como normas de reacción en la figura 7. El hecho de que no sean paralelos, e incluso el cruce, muestra que se puede crear el genotipo por interacción ambiental en un número limitado de generaciones. Poblaciones, o razas, se ajustan a su entorno.

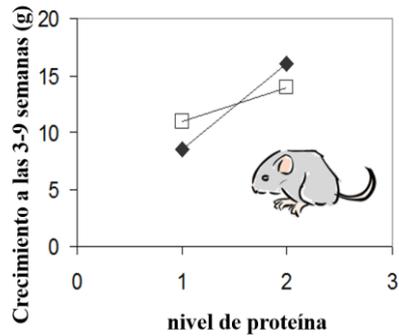


Figura 7. Una población de ratones se dividió en dos y se crió en dos dietas con un nivel de proteína diferente. En generación 7 su actuación fue registrada en ambas dietas. Cada población tuvo un mejor desempeño en su propia dieta.

6.7. Capítulo 13.6.7: Correlación genotipo ambiente

Un último punto, relacionado con la interacción genotipo ambiente, es que las correlaciones entre rasgos pueden diferir entre ambientes. Incluso pueden cambiar de señal. Por ejemplo, la edad en la madurez (cuando los animales son capaces de reproducirse) está correlacionada positivamente con el crecimiento en una buena calidad medio ambiente. Los animales que crecen grandes maduran más tarde que los animales que permanecen más pequeños. En un entorno pobre, sin embargo, esto puede revertirse. A pesar de que no hay reclasificación en tamaño, hay reclasificación en quién madura primero. La razón podría ser que los animales más pobres en el buen ambiente alcanzaron el tamaño adulto antes y podrían comenzar a invertir en reproducción antes. En el ambiente pobre, sin embargo, pueden haber luchado para crecer a tamaño adulto por alguna razón, y comenzó la reproducción más tarde. Este es un ejemplo extremo, donde el signo de las correlaciones incluso cambia. Pero es bueno darse cuenta de que las correlaciones entre los rasgos pueden cambiar entre entornos. Bueno tener es tener en cuenta cuando se utilizan los rasgos indicadores para la selección. Ejemplo: los resultados de un entorno no se pueden traducir automáticamente a otros entornos.

En resumen, hay diferentes razones para la presencia de correlaciones genéticas. Algunos pueden desarrollarse como consecuencia de la estrategia de selección, mientras que otros se basan en el genoma. Es importante ser conscientes de la presencia de correlaciones genéticas, porque implica que la selección por un rasgo trae consecuencias para otros rasgos. Hacemos uso de eso con rasgos indicadores, pero ¿qué hacer con correlaciones indeseables?

7. Capítulo 13.7: Soluciones a las correlaciones indeseables

A veces dos rasgos se correlacionan de una manera desfavorable. Por ejemplo, la producción de leche en vacas (pero también en otras especies) está correlacionada negativamente con la fertilidad. Los animales de alta producción a menudo tienen más dificultades para quedar preñadas de nuevo. Sin embargo, hay animales que combinan alta producción con buena fertilidad. Si se seleccionan para la cría y mejora genética, la producción de leche se puede mejorar sin disminuir la fertilidad. El hecho de que dos rasgos estén indeseablemente correlacionados no significa automáticamente que no puedan mejorarse población. A menos que la correlación entre ambos rasgos sea 1 o -1, siempre habrá algunos animales que tengan el genotipo deseado para ambos rasgos. Obviamente, la ganancia genética para cada uno de los rasgos será menor que si su correlación hubiera sido deseable. Porque algunos de los mejores animales para ese rasgo no serán muy buenos en el otro y esos no deben ser seleccionados. Así que la intensidad de la selección disminuye.

Como hemos visto en el capítulo sobre la clasificación de los animales, la selección en múltiples rasgos simultáneamente se puede aplicar para rasgos que están ambos en el objetivo de cría y mejora genética. En el capítulo 2 sobre la definición del sistema de producción y el objetivo de reproducción, han aprendido cómo se pueden sopesar los rasgos en un índice (valor único). Los pesos pueden ser el valor económico del rasgo: ¿cuánto beneficio se puede obtener de 1 unidad de rasgo genético de mejora? Pero a veces la economía no es la mejor manera de sopesar los rasgos bajo selección y las ganancias deseadas serían una mejor opción. Por ejemplo, si se esperan cambios en el mercado o legislación en el futuro, entonces los pesos de selección se pueden definir en función de la rapidez con la que deben cambiar para cumplir con estas expectativas.

Del mismo modo, a veces la presión social es grande para cambiar el resultado del programa de cría y mejora genética. Por ejemplo, los engordes deben crecer menos rápido, o ciertas razas de perros deben tener que respirar libremente en lugar de tener ciertos aspectos, o los terneros deben poder nacer sin cesárea. Aunque desde la perspectiva económica directa el peso de la selección debe ser pequeño, la sociedad exige lo contrario. Aparte de servir a los consumidores, por lo que su mercado, tomar la demanda social sería también es prudente para mantener una buena reputación. Y una buena reputación es muy importante para mantener y aumentar la cuota de mercado.

Así:

Incluso si una correlación genética entre dos rasgos es indeseable, la selección de ambos rasgos es todavía posible. Aunque la respuesta genética se verá afectada por una menor intensidad de selección

8. Capítulo 13.8: Expectativas futuras ¿Qué dirección tomar?

La cría y mejora genética consiste en predecir el futuro. Los cambios en su programa de cría y mejora genética realizados hoy, sólo se mostrarán dentro de unas pocas generaciones. Por supuesto, no es posible predecir el futuro en detalle, pero es posible prever algunos cambios generales. Por ejemplo, ¿habrá cambios en la legislación en un futuro próximo que afectarán a su producto? Los cambios en la legislación con respecto al alojamiento, por ejemplo, influirán en el tipo de animal que necesitará producir. Los animales que siempre han sido seleccionados por estar alojados solos, que de repente necesitan vivir en grupos, muy probablemente no tendrán mucho éxito. Del mismo modo, si se va a modificar la legislación sobre exportaciones, la empresa productora debe ser consciente de ello. Si ya no se permite el descuerne (corte de cuernos), o el corte de la cola, o el recorte del pico en aves, las empresas de cría y mejora genética deben tener animales seleccionados que se desempeñarán bien sin esas intervenciones.

Legislación

La notificación de un cambio en la legislación suele hacerse con mucha antelación. Sin embargo, los cambios en el mercado son mucho menos predecibles. ¿Cómo será la situación económica de sus clientes en el futuro? ¿Y el mercado seguirá exigiendo pechuga de pollo o se desplazará hacia las carcasas completas, por ejemplo? ¿La doma permanecerá como popular como lo es hoy en día o el nuevo jinete estrella equino será un saltador de espectáculos o un eventer, resultando en un aumento demanda de esos caballos? Predecir los cambios del mercado es una profesión en sí misma.

Relacionado con la demanda del mercado está la cuota de mercado. Si su programa de cría tiene éxito, su mercado puede expandirse.

¿Está preparado para las nuevas demandas de ese mercado? Por ejemplo, si empieza a vender a otras partes del mundo, ¿los animales que se requieren allí son los mismos que se requieren aquí?

¿Hay alguna interacción entre el genotipo y el medio ambiente esperada? Si es así, ¿qué tan grande es? ¿Necesitas crear una nueva población para ese propósito o puedes arreglarte con la actual? De ser así, ¿qué tan grande es? ¿Necesitas crear una nueva población para ese propósito o puedes manejarse con su población actual? ¿Es posible seleccionar sus animales aquí o necesita seleccionar sus animales cerca de donde está su nuevo mercado para que puedan adaptarse al nuevo entorno?

Evolución del mercado

¿Y cuál es su posición en el mercado en relación con su competidor? ¿Está operando en el mismo mercado o puede ir a un mercado diferente? ¿Cuáles son sus puntos fuertes y cuáles son los puntos fuertes del producto de la competencia? Es importante tener una buena impresión del mercado en su conjunto: ¿cuál es la demanda, quiénes son los jugadores en el mercado, cuáles son sus planes, cuál es la calidad de su producto, etc.

Ciencia y tecnología

Un último componente al que hay que prestar atención son los nuevos desarrollos tecnológicos. La nueva tecnología puede hacer posibles cosas que antes no eran posibles. Pero, al menos tan importante es, si su competidor está usando la tecnología y Ud. no lo, puede perder su ventaja la cuota de mercado y luego salir del negocio. Eso, por lo tanto, muy importante estimar los valores de cría utilizando la información genómica, incluso antes de que esté completamente claro cuáles son los beneficios. Porque si no lo usa y su competidor lo hace, y parece ser una tecnología beneficiosa, es demasiado tarde.

Habría perdido la ventaja que podría haber mantenido si hubiera utilizado la tecnología desde el principio. En la práctica esto es lo que ocurre muchas veces. Las nuevas tecnologías se adoptan antes de que esté completamente claro lo beneficioso que serán, porque los competidores también lo están usando. Para evitar llegar demasiado tarde, es importante saltar a tiempo.

Entonces:

El futuro con respecto a los límites (legislación) y las oportunidades (expansión del mercado) puede predecirse en cierta medida. Es importante hacerlo.

9. Capítulo 13.9: Equilibrio entre el progreso y la diversidad genética

Como hemos visto en el capítulo sobre la evaluación de la diversidad genética, hay varios conflictos de intereses entre mantener la diversidad genética y lograr una respuesta genética. Lo más obvio es la intensidad de la selección. Una mayor intensidad de la selección significa seleccionar relativamente pocos animales para la cría. Pocos animales para la cría da como resultado una mayor tasa de endogamia y, por lo tanto, la pérdida de diversidad genética. Relacionado con eso: el uso de los mejores animales más intensamente que otros animales pueden dar lugar a una mayor ganancia genética, pero es desastroso para el mantenimiento de la diversidad genética en el futuro.

Todo programa de cría debe ser consciente de las dos caras de la moneda. No hay una solución lista para todos, específicas situaciones requerirán formas específicas de equilibrar el progreso genético y la diversidad genética.

10. Capítulo 13.10: Las cuestiones clave del capítulo sobre la evaluación de la programa de reproducción

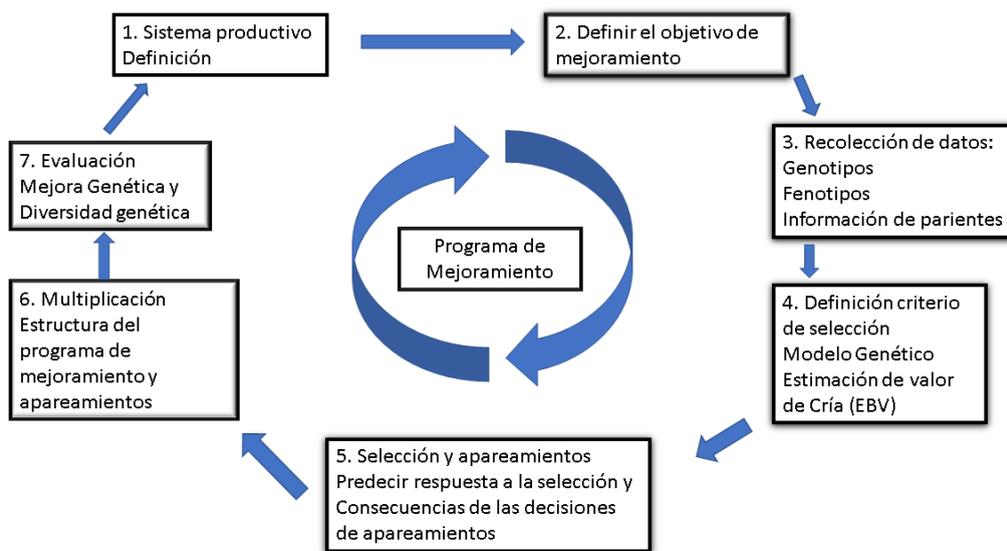
1. La mejora genética realizada se puede determinar tomando la diferencia en VC promedio.
2. Hay tres razones principales para la existencia de un límite de selección:
 - a. Pérdida de diversidad genética (irreversible)
 - b. Oponerse a la selección natural a través de la reducción de la fertilidad o la mortalidad (generalmente irreversible)
 - c. Limitar el entorno para expresar potencial (a menudo reversible)
3. Una tendencia genética representa la respuesta genética realizada a lo largo de un período de tiempo (por ejemplo, año o generaciones)
4. Las desviaciones de la tendencia genética esperada pueden deberse a un cambio en el objetivo de reproducción o en el registro de fenotipos.
5. Interacción del genotipo-medio ambiente, fijarse que se clasifican los animales en función de su EBV calculado entre distintos ambientes.
6. Un patrón de reacción representa el rendimiento de los genotipos en una serie de entornos.
7. Dos ambientes requieren programas de cría separados si la correlación entre el rendimiento en ambos ambientes es menor de 0,6.
8. Las correlaciones genéticas pueden existir por varias razones:
 - a. El efecto pleiotrópico
 - b. Desequilibrio de ligamiento
 - c. Asignación conflictiva de recursos
1. Incluso si una correlación genética entre dos rasgos es indeseable, la selección de ambos rasgos es todavía posible. Aunque la respuesta genética se verá afectada por una menor intensidad de selección
9. El futuro con respecto a los límites (legislación) y las oportunidades (expansión del mercado) puede predecirse en cierta medida. Es importante hacerlo.

Capítulo 14: Manteniendo la diversidad genética

Tabla de contenido

- 1 Capítulo 14.1: La diversidad genética
 - 1.1 Capítulo 14.1.1 diversidad genética en los perros
 - 1.2 Capítulo 14.1.2 diversidad genética en animales de granja
 - 1.3 Capítulo 14.1.3 Importancia de la variación entre razas
 - 1.4 Capítulo 14.1.4 Origen de las diferencias entre razas
 - 1.5 Capítulo 14.1.5 Origen de las diferencias dentro de las razas
- 2 Capítulo 14.2: Plan global de la FAO para los animales de granja
 - 2.1 Capítulo 14.2.1: Un ejemplo de la utilización de una raza conservada para la investigación
 - 2.2 Capítulo 14.2.2: Un ejemplo de la utilización de una especie rara
- 3 Capítulo 14.3: La conservación de las razas en los Países Bajos
 - 3.1 Capítulo 14.3.1: Reactivación de la vaca holandesa nativa rojo y blanco Frison
- 4 Capítulo 14.4: El uso de las genealogías para medir la diversidad genética
- 5 Capítulo 14.5: El impacto de la información genética del ADN en la medición la diversidad
 - 5.1 Capítulo 14.5.1: pangenómicos de patrones de diversidad
 - 5.1.1 Capítulo 14.5.1.1: Un ejemplo de haplotipos: grupos B-sangre del ganado
 - 5.1.2 Capítulo 14.5.1.2: Un ejemplo de introgresión: Booroola alelo en Texel ovejas
- 6 Capítulo 14.6: monitoreo de las poblaciones
 - 6.1 Capítulo 14.6.1: Endogamia limitada y voluntaria
 - 6.1.1 Capítulo 14.6.1.1: Outcross es muy eficaz para reducir la endogamia
 - 6.2 Capítulo 14.6.2: Tamaño de la población
 - 6.3 Capítulo 14.6.3: La población ideal
 - 6.4 Capítulo 14.6.4: Control de la tasa de endogamia
 - 6.5 Capítulo 14.6.5: Relación entre la relación genética aditiva y la endogamia
- 7 Capítulo 14.7: Prevención de la endogamia
 - 7.1 Capítulo 14.7.1: expansión del tamaño de la población
 - 7.2 Capítulo 14.7.2: Las restricciones en el uso de los padres
 - 7.3 Capítulo 14.7.3: esquemas de apareamiento para controlar y gestionar la relación
- 8 Capítulo 14.8: Aspectos clave sobre la diversidad genética

En los capítulos anteriores hemos aprendido que los programas de cría están configurados para crear el mejoramiento genético. La variación genética de los rasgos que deben mejorarse es de crucial importancia. Este aspecto está plenamente reconocido en el capítulo anterior, donde se evaluó el mejoramiento genético realizado. Además de la mejora obtenida, la relación genética entre los animales en una población es importante. Cuando se incrementa como consecuencia de la elección de los padres, en un futuro animales fuertemente relacionados tienen que ser apareado. Entonces, los efectos endogamia se vuelven relevantes: la depresión endogámica y la aparición de defectos genéticos recesivos. La variación genética de los rasgos y la variación en la composición de las genealogías es relevante en la evaluación de programas de cría. Que son aspectos de la diversidad genética que se deben evaluar de forma continua cuando se ejecuta un programa de cría. La variación genética de los rasgos en un programa de cría o de un programa de producción (estructura piramidal en cerdos y aves de corral de cría) no se limita a la varianza genética de la raza en juego. Puede extenderse a la variación genética en las especies que se son utilizados en un programa de mejoramiento con cruzamientos. Por lo tanto, la atención a la diversidad genética no se limita a la diversidad genética dentro de una raza, pero comprende la diversidad genética dentro y entre las razas. Por lo tanto, la conservación de razas es importante como se explicará también en este capítulo. En la serie vamos a discutir: ¿cuál es la diversidad genética, ¿cómo podemos medirlo, ¿cuál es el valor de la conservación de las razas, la importancia de la relación entre los animales para evitar la endogamia dentro de una raza y cómo podemos evitar incrementos excesivos en relación en un programa de cría.



Al escribir este capítulo se utilizan con frecuencia dos libros: “Utilización y conservación de los recursos genéticos de animales de granja” (editor de Kor Oldenbroek; Wageningen Academic Publishers, 2007) y “Het Fokken van rashonden” (Kor Oldenbroek en Jack Windig, Raad van Beheer op Kynologisch gebied en Nederland, 2012; en holandés).

1. Capítulo 14.1: La diversidad genética

La humanidad ha domesticado más de 30 especies de animales para fines agrícolas (14 de estas especies son responsables de más del 90% de los alimentos producidos por animales). Además de otras especies animales son domesticados por motivos de ocio o para una variedad de otros servicios para la humanidad (manía, vigilancia, gestión de la naturaleza, caza, etc.). Dentro de estas especies animales se observa una gran cantidad de variación. Los animales de una especie difieren más o menos en una gran cantidad de rasgos: muestran la diversidad en casi todos los rasgos. Una diversidad que tiene un origen genético.

Dentro de las especies, se reconocen los *landraces*: estos animales se parecen entre sí, pero todavía se pueden observar diversidad de una gran cantidad de caracteres fenotípicos. A partir de las razas locales, la humanidad creó razas estandarizadas (y más tarde, de estas, líneas de selección especiales). En las razas estandarizadas los animales se parecen más entre sí que en las razas locales. Son más uniformes; pero aun así entre los individuos de razas estandarizadas la diversidad puede ser observada. Para concluir: dentro de las poblaciones animales (especies o razas terrestres o líneas de selección) existe diversidad que tiene un origen genético. El origen está determinado por el hecho de que los animales difieren en su composición de ADN: dentro de una especie más que en una raza autóctona, dentro de una raza autóctona más que en una raza estandarizada y dentro de una raza estandarizada más que una línea. Una definición amplia de la diversidad genética es:

Definición:

La diversidad genética es el conjunto de diferencias entre las especies, las razas dentro de las especies y los individuos dentro de razas, expresadas como consecuencia de las diferencias en su ADN.

1.1 Capítulo 14.1.1 Diversidad genética en los perros

El perro es eminentemente ilustrativo para el concepto de diversidad genética. La humanidad ha domesticado a los lobos. Después de la gente de la domesticación mantuvo "perros de pueblo" pertenecientes a landraces (entiéndase landrace como: *“Una raza local es una variedad domesticada, localmente adaptada y tradicional de una especie”*) desarrolladas por selección natural y adaptados a los entornos locales donde se mantenían. De esta manera, entre las razas locales, las diferencias en los caracteres se desarrollaron basados en las diferencias en el ADN. En los últimos 200-150 años se desarrollaron razas estandarizadas que difieren enormemente en fenotipo: conformación (por ejemplo, para un peso corporal de 1 a 100 kg), color del pelo, de manto y en el comportamiento.

En todo el mundo se desarrollaron cientos de razas estandarizadas. Estos desarrollos se vieron facilitados por el hecho de que, en los perros, unos pocos genes con múltiples alelos son responsables de estos rasgos de conformación y apariencia. Por lo tanto, los perros comparten un ADN similar porque todos tienen al lobo como ancestro y pertenecen a la especie del perro, pero difieren en los alelos para ciertos genes que crean la diversidad entre las razas (y en menor medida dentro de las razas).

1.2 Capítulo 14.1.2 Diversidad genética en animales de granja

En los animales de granja, la variación entre razas en el rendimiento es importante en el inicio de un programa de cría o actividades de granja. ¿Cuál será la mejor raza dadas las circunstancias de producción y qué raza se ajusta mejor a nuestro objetivo de cría definido? En los últimos 50 años la observación de diferencias sustanciales de raza, especialmente en ganado vacuno, cerdos y aves de corral, ha dado lugar a una fuerte selección de razas, que todavía estaban desarrolladas. Muchas razas y líneas de selección se dejaron de lado en este proceso.

La especialización tuvo lugar en la producción animal y sólo unas pocas razas fueron consideradas como las mejores en la producción de leche, carne de vacuno, cerdo, huevos o pollos de engorde. Esta concentración global en unas pocas razas se ve reforzada por la aplicación de la tecnología moderna en los programas de cría que requieren grandes inversiones. Esas inversiones sólo son rentables cuando el mejoramiento genético realizado en los programas de cría puede difundirse ampliamente: cuando se puede vender mucho material de cría y el mejoramiento genético se hace rentable en mucha descendencia. La concentración mundial en un número limitado de razas hace que un número cada vez mayor de razas se consideren no rentables y, por lo tanto, conlleva un riesgo de extinción.

1.3 Capítulo 14.1.3 Importancia de la variación entre razas

La pregunta clave de estos desarrollos es: ¿qué proporción de la variación genética se encuentra entre las razas? Si este parámetro es típicamente pequeño, entonces se puede esperar que la variación dentro de las razas pueda ser utilizada en los programas de selección para superar las debilidades de los rasgos cuando surjan. Si la variación entre razas es grande, entonces puede no ser en absoluto realista esperar una respuesta de selección adecuada dentro de las razas. Esta es una razón importante para estar alerta ante la posibilidad de extinción de las razas.

Ejemplo: En la actualidad, muchos criadores de ganado frisón Holstein comienzan a realizar cruces con razas suizas, alemanas, francesas y escandinavas de doble propósito para mejorar las características de salud y aptitud física de su ganado. Experimentan un deterioro de esos rasgos y no esperan poder detener este proceso cuando continúen la cría pura con frisonas Holstein. Las razas francesa y escandinava tienen mejores características de salud y aptitud física y en los sistemas de cruce estables (de rotación) estas características reciben un impulso adicional por la heterosis.

Cuando la producción ganadera requerida tiene que adaptarse rápidamente a nuevos desafíos, entonces la variación entre razas puede ser de gran ayuda. Por lo tanto, la conservación de las razas con una diversidad de rasgos es una respuesta estratégica racional e importante a las incertidumbres de las circunstancias de la producción y la evolución del mercado en la actualidad. A grandes rasgos, parece que la variación entre razas representa aproximadamente la mitad de la variación genética total dentro de una especie. En forma de fórmula:

$$\sigma^2_s = 0,5 \sigma^2_B + 0,5 \sigma^2_w$$

σ^2_s = variación genética entre especies

σ^2_B = variación genética entre razas

σ^2_w = variación genética dentro de la raza

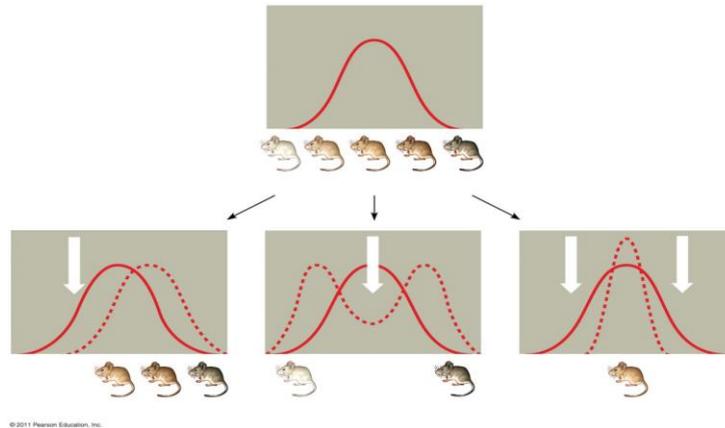
1.4 Capítulo 14.1.4 Origen de las diferencias entre razas

Las diferencias entre razas se han desarrollado mediante una combinación de cuatro fuerzas evolutivas: la deriva genética, la migración, la selección y la mutación.

La deriva genética es un término que designa las fluctuaciones aleatorias de las frecuencias alélicas debidas a los procesos de muestreo aleatorio que intervienen cuando los genes se transmiten de padres a hijos, y es uno de los fenómenos vinculados a la endogamia. Desempeña un papel más importante en poblaciones más pequeñas. Con el tiempo, la deriva genética dará lugar a un aumento de las diferencias genéticas entre dos razas extraídas de la misma población y luego mantenidas en aislamiento.

La migración de los individuos que se desplazan de una raza a otra, actúa contra la consanguinidad, ya que disminuye las diferencias genéticas que existen entre las razas y aumenta la variación dentro de la raza receptora. Si se produce la selección, los portadores de alelos favorables tienen una ventaja selectiva en la siguiente generación. La selección puede conducir a

la convergencia o divergencia entre las razas en función de los objetivos de selección utilizados en cada raza. En el ganado, la selección puede ser tanto artificial como natural; por ejemplo, la selección natural habrá desempeñado un papel importante en la mejora de la capacidad de adaptación de determinadas razas mantenidas durante muchas generaciones en entornos con problemas específicos, por ejemplo, sequías periódicas. La ventaja selectiva de los alelos favorables se ilustra en la figura siguiente:



Cuando los ratones de color tienen una ventaja selectiva, los alelos de los ratones menos coloreados desaparecen en las generaciones futuras, cuando los ratones marrones tienen una desventaja, sus alelos marrones desaparecen y los ratones blancos y grises sobreviven, y cuando los ratones marrones tienen ventajas, los alelos de los blancos y los grises desaparecen.

En general, la mutación del genoma aumenta la diferenciación genética entre las razas y crea diversidad genética. Sin embargo, la mutación se produce con una frecuencia baja y, en ausencia de selección, la influencia de la mutación sólo se puede medir a lo largo de un número relativamente grande de generaciones. Sin embargo, en algún momento del pasado, la mutación ha sido responsable de la creación de los polimorfismos que constituyen el núcleo de toda la diversidad genética.

1.5. Capítulo 14.1.5 Origen de las diferencias dentro de las razas

Dentro de las razas de la deriva genética, la migración, la selección y la mutación son también actores relevantes. Además de estas fuerzas evolutivas, la forma en que se crea la raza es esencial para la variación genética dentro de la raza establecida hoy en día.

Por ejemplo, en los perros (estandarizados) las razas se crearon cruzando a menudo sólo unos pocos animales de un número limitado de razas. Su descendencia fue seleccionada de acuerdo con un estricto estándar de cría. Una raza de perro suele basarse en un número limitado de animales fundadores y esta es la causa de que a menudo se establezca una variación genética limitada dentro de las razas de perros.

Por ejemplo, en el caso de los cerdos y el ganado vacuno, las razas se desarrollaron a partir de razas autóctonas mediante el sacrificio de los animales que no se ajustaban al estándar de cría (ni el color correcto ni la conformación incorrecta) y mediante la promoción del uso de machos que se ajustaban perfectamente al estándar de cría.

La deriva genética puede evitarse cuando las razas se mantienen en gran número.

La migración de los animales tiene a menudo un efecto positivo en el tamaño de la variación genética dentro de una raza. En términos prácticos: cuando las regulaciones del libro genealógico permiten que animales de fuera de las razas puedan ser utilizados (bajo ciertas regulaciones) en esa raza, la variación genética se ampliará. Por lo tanto, es muy recomendable trabajar con libros genealógicos "abiertos" en lugar de cerrar la raza para los animales de fuera.

La selección de animales como padres para la próxima generación también podría tener un impacto negativo bastante alto en la variación genética dentro de una raza cuando la selección es

muy intensa. Entonces sólo se seleccionan unos pocos padres que determinan la variación genética en la siguiente generación. La mutación es a corto plazo de menor importancia para la variación genética dentro de las razas. La tasa de mutación es estimado tan bajo, que en un corto período de tiempo el número de animales dentro de las razas es demasiado pequeño para tener la oportunidad de que se produzca una mutación.

2. Capítulo 14.2: Ejemplo: El plan mundial de la FAO para los animales de granja recursos genéticos

En los años sesenta del siglo pasado, las comunidades científica y agrícola llamaron la atención sobre la alta tasa de erosión de los recursos genéticos animales. En Europa, los agricultores estaban abandonando las zonas rurales donde había mucha diversidad de razas y muchas razas locales fueron sustituidas por unas pocas razas muy promocionadas y seleccionadas intensivamente. Esas razas intensamente seleccionadas también se exportaron a países en desarrollo fuera de Europa y sustituyeron a razas que estaban bien adaptadas a circunstancias y sistemas de ordenación que se desviaban mucho de los de Europa. En 1992 la FAO puso en marcha un programa de acción especial para la gestión mundial de los recursos genéticos de los animales de granja, que en 2007 fue sustituido por un "Plan de acción mundial" tras la publicación del estado de los recursos genéticos animales. En la FAO

La terminología recursos genéticos animales se refiere al número de razas dentro de una especie. La situación de las razas a nivel mundial se ilustra en la figura de la derecha:

La FAO presta mucha atención a la definición de la situación de riesgo de las razas. No se trata simplemente de una cuestión de número de animales. Por supuesto que es un criterio principal, pero hay más: ¿las hembras sólo se utilizan para la cría pura o se utilizan más o menos para el cruce? Un factor decisivo es la capacidad reproductiva de la raza: ¿produce una hembra cientos de crías al año como en el caso de la cría comercial de aves de corral o produce una hembra en promedio un reemplazo en diez años como en el caso de los caballos? La FAO utiliza los criterios: no estar en situación de riesgo, ser vulnerable, estar en peligro y ser crítica para calificar la situación de riesgo de una raza. En la figura siguiente se puede ver cómo funciona esto para las razas de especies con una capacidad reproductiva alta y baja:

En función de la situación de riesgo de una raza, son apropiadas diferentes estrategias de gestión para utilizar la raza y salvaguardar su conservación. La FAO ha elaborado un bonito diagrama de flujo para encontrar la estrategia apropiada para una raza que depende de su estado de riesgo. Para las razas en situación de riesgo se considera en primer lugar el valor de una raza: por ejemplo, para la relación con otras razas (¿es una raza única?), la presencia de rasgos de adaptación especiales, el valor de su uso en la sociedad y el valor histórico cultural. Tras esta consideración se puede concluir que vale la pena conservar la raza y se pondrá en marcha un programa de conservación. Este puede ser un programa de conservación in vivo o in vitro.

Definiciones

La conservación in vivo es la conservación mediante el mantenimiento de poblaciones vivas mantenidas en condiciones normales de explotación y/o dentro de la zona en la que evolucionaron o se encuentran normalmente.

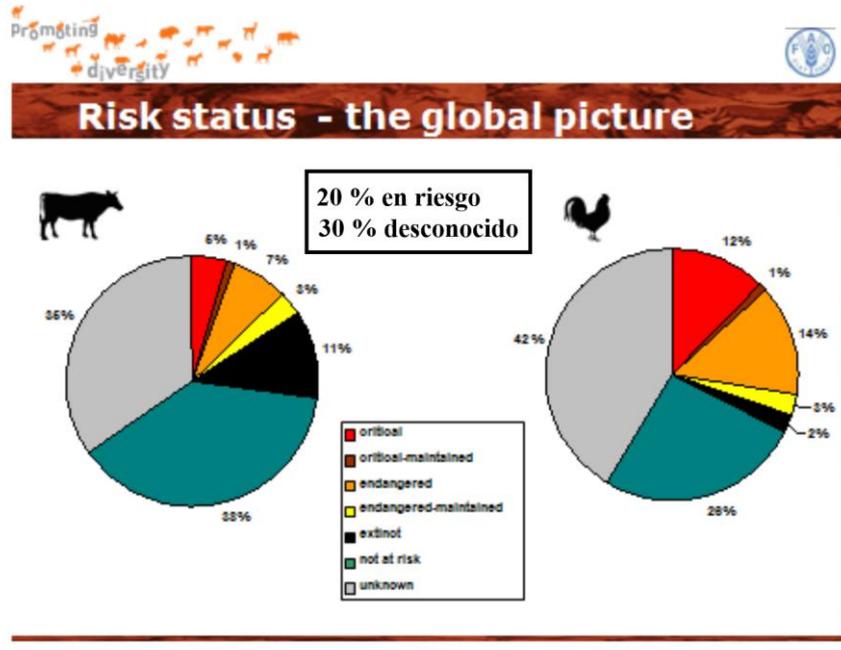
La conservación in vitro (crio) es el almacenamiento de gametos de embriones en nitrógeno líquido

Para las razas que no están en riesgo o que potencialmente lo están, el mejoramiento genético es todavía posible en los programas de cría. Por supuesto, las posibilidades son limitadas para las razas potencialmente en riesgo, debido al bajo número de animales que pueden ser utilizados para la cría. Para estas razas, se podrían desarrollar programas de conservación. Se trata de programas de cría en los que la prioridad es minimizar la relación entre los progenitores, en lugar de maximizar la mejora genética. Como se explicará en detalle más adelante en los programas de conservación, un número relativamente alto de toros y madres tienen que ser seleccionados como padres para la próxima

generación. En los programas de conservación se estimulan largos intervalos de generación y los progenitores

con semen conservado en un banco de genes puede ser utilizado cuando parece que tienen un número muy bajo de descendientes en la población viva hoy en día.

La conservación in vivo de una raza requiere un programa de cría bien diseñado que tenga en cuenta el pequeño número de animales y que sea seguido estrictamente por los criadores y evaluado con frecuencia. El principal objetivo de la conservación in vivo es facilitar el uso de las razas en el área rural para 1) la gestión de la naturaleza, 2) la producción de productos regionales con un alto valor aditivo y 3) el mantenimiento de las actividades históricas culturales.



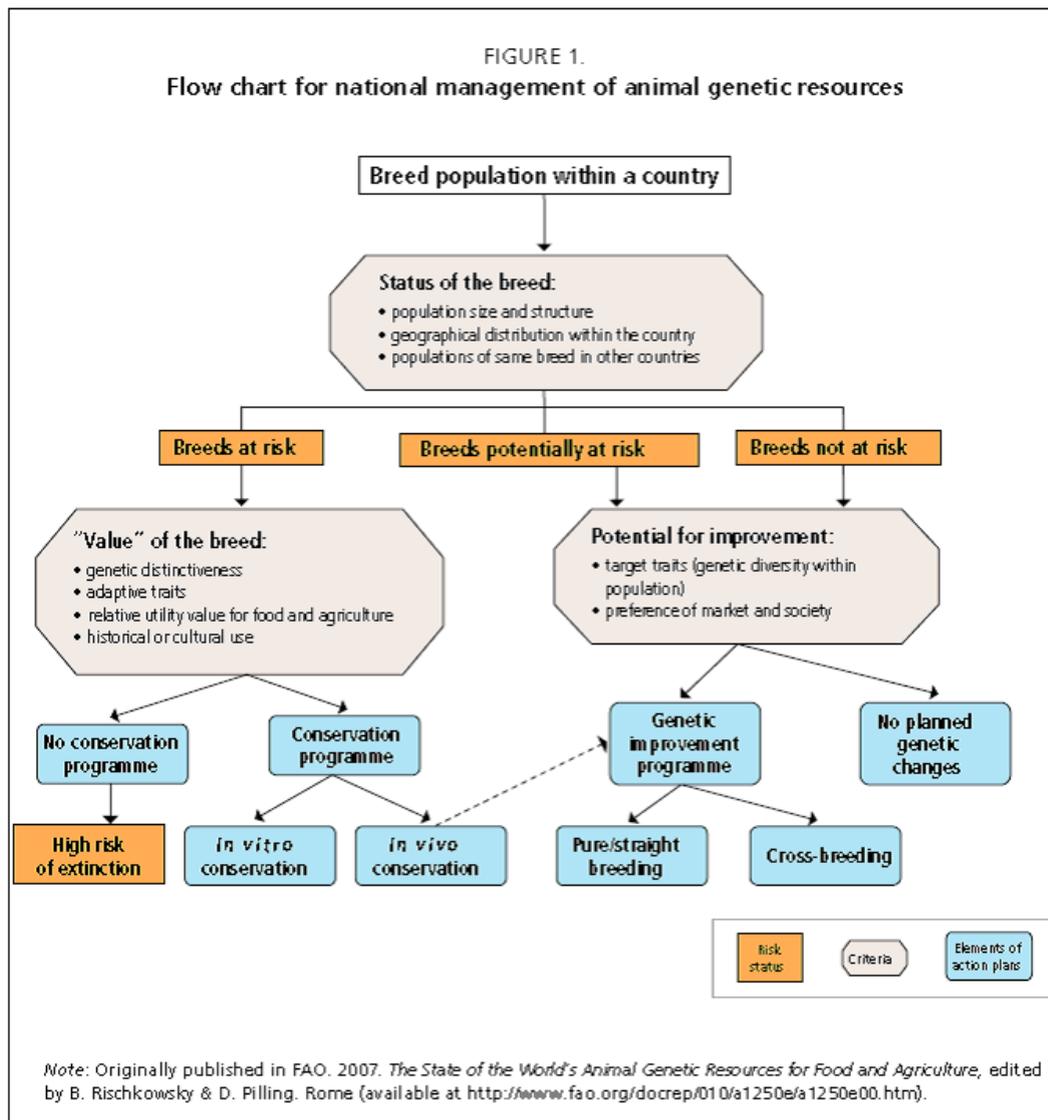
Categorías de riesgo de acuerdo a la capacidad reproductiva de la especie

| Capacidad reproductiva | machos (n) | Hembras (breeding) n | | | | | | |
|------------------------|------------|----------------------|-----------|-------------|---------------|---------------|---------------|----------|
| | | ≤100 | 101 - 300 | 301 - 1 000 | 1 001 - 2 000 | 2 001 - 3 000 | 3 001 - 6 000 | >6 000 |
| Alto* | ≤5 | critical | critical | critical | critical | critical | critical | critical |
| | 6 - 20 | critical | critical | critical | critical | critical | critical | critical |
| | 21 - 35 | critical | critical | critical | critical | critical | critical | critical |
| | >35 | critical | critical | critical | critical | critical | critical | critical |
| Baja** | ≤5 | critical | critical | critical | critical | critical | critical | critical |
| | 6 - 20 | critical | critical | critical | critical | critical | critical | critical |
| | 21 - 35 | critical | critical | critical | critical | critical | critical | critical |
| | <35 | critical | critical | critical | critical | critical | critical | critical |

critical = crítico | critical-maintained = amenazado | endangered = vulnerable | endangered-maintained = Sin riesgo

* Especies con elevada capacidad reproductiva= cerdos, conejos, perros, aves, etc.

** Especies con baja capacidad reproductiva= caballos, burros, bifalvos, ovejas, vacas, camélidos, etc. conejos, perros, aves, etc.



2.1. Capítulo 14.2.1: Un ejemplo de la utilización de una raza conservada para la investigación

Caso: coloración lateral, un ejemplo de variación genética conservado para investigación

La coloración lateral es un fenotipo heredado dominante del ganado caracterizado por la polarización de los sectores pigmentados en los flancos, el hocico y las puntas de las orejas. También se conoce como "lineback" o "witrik" (que significa espalda blanca), ya que los animales de color suelen mostrar una banda blanca a lo largo de su columna vertebral. En algunos países los animales se cruzan para conservar este patrón de coloración, por lo que es un carácter conservado. Existen reportes de esta coloración en animales de la Edad Media europea, y que está segregando en muchas razas de ganado vacuno en todo el mundo (Belgian Blue, algunas razas nórdicas, witrik sueco, etc.). El análisis genético de los animales con esta característica dio como resultado que el origen de este carácter es producto de fragmentos que se han duplicado e intercambiado entre los cromosomas 6 y 29 (Durkin, et al, 2012).

Este estudio marca el primer estudio de un fenotipo cuyo origen son genes duplicados, que se ubican en diferentes cromosomas. El mantenimiento de muchas razas de ganado bovino con este patrón de coloración facilitó la detección de un mecanismo genético, previamente desconocido en animales.

2.2.Capítulo 14.2.2: Ejemplo del uso de una raza rara

Texto no traducido

Doubling the price of Drenthe Heath lambs in the Netherlands

The Drenthe Heath sheep arrived in the northeastern part of the Netherlands 6 000 years ago. They were kept and survived on this region's infertile sandy heathlands. Through adaptation and natural selection the Drenthe Heath sheep became a rather small animal with sturdy legs and low fleshiness. As a result, the carcass weight and the meat-to-bone ratio are low relative to standard meat-sheep breeds. It is the only Dutch sheep breed with horns. Nowadays, the flocks are primarily used for nature management. They are guided by shepherds, a sight that tourists visiting the area find very appealing. Approximately 2 000 ewes are registered in the Drenthe Heath Sheep Herdbook. Recently, the owners of three flocks have started to market their lambs as *Drènts Heidelao*m, an organic product. The lambs are produced in a well-defined market chain. This has doubled the price the shepherds get for lambs, relative to the anonymous lamb market.

The production chain was set up as follows. First, the organic management of the flock and the organic growing of the lambs until slaughter were organized. These management practices are controlled and verified by Skal*, the Netherlands' official certification and inspection body for organic production. Second, a small local abattoir was contracted to slaughter the lambs in the most humane manner possible. Third, arrangements were made for the carcasses to be transported and sold to a specialized butcher producing organic lamb chops, ham of lamb and lamb sausages. These products are sold by the butcher at organic farmers' markets in cities in the western part of the Netherlands. Fourth, together with the Foundation for Conservation of the Drenthe Heath Sheep, the Slow Food organization in the Netherlands was consulted. Because of the special natural management and nutrition of the sheep and lambs, Drenthe Heath lamb has a special "wild" taste. Because of this and the cultural-historic significance of the sheep and the product, Drenthe Heath lamb was recognized by the Slow Food organization as part of the Ark of Taste (a catalogue of heritage foods that are often at risk of extinction). Fifth, arrangements were made for collaboration among flocks and this resulted in a "Presidium"*** of the Slow Food organization: Drenthe Heath Lamb or in the language of the region, *Drènts Heidelao*m.

* <http://www.skal.nl/english/tabid/103/language/nl-nl/default.aspx>

** A "Presidium" is a small project to support groups that champion the production and marketing of an artisan food that addresses economic, environmental, cultural and/or social objectives that are considered favourable by the Slow Food organization.



3. Capítulo 14.3: La conservación de las razas en los Países Bajos

In vivo

En los Países Bajos, la Fundación Holandesa de Razas Raras (en holandés: Stichting Zeldzame Huisdierrassen: SZH) estimula la conservación in vivo de las razas nativas holandesas. Existen más de 70 organizaciones de razas y están conectadas a la SZH. El nativo se define como presente y criado en el país por más de 6 generaciones durante más de 40 años. El número de razas en los grandes animales (de granja) es bastante limitado: 7 razas de ganado vacuno, 2 razas de cerdos, 4 razas de caballos, 8 razas de ovejas, 3 razas de cabras, 9 razas de perros y 7 razas de conejos. Hay numerosas razas autóctonas holandesas de pollo y otras aves (por ejemplo, el ganso y la paloma).

La SZH presta servicios a las organizaciones de cría y a los criadores de tres maneras diferentes: 1) supervisión de las razas y desarrollo y evaluación de los programas de cría, 2) creación de conciencia y de materiales educativos y 3) estimulación del uso de razas raras en la gestión de la naturaleza y en la producción de productos regionales para nichos de mercado. El principal problema genético de las razas raras es la relación entre los animales de las poblaciones pequeñas y la amenaza de la endogamia. En estrecha colaboración con el Centro de Recursos Genéticos de los Países Bajos (CGN), las organizaciones de razas reciben asesoramiento sobre cómo minimizar el aumento del parentesco y la endogamia en estas pequeñas y raras razas. En estrecha colaboración SZH y CGN conservan el semen de los machos de las razas raras y en algunas razas, el programa de cría se apoya en el uso de semen de "banco de genes".

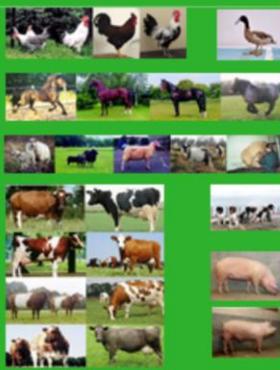
In vitro

En los Países Bajos, el Centro de Recursos Genéticos de los Países Bajos (CGN) se encarga de la conservación in vitro de la diversidad genética comprendida en las razas de animales de granja actualmente presentes en los Países Bajos.

Se trata de las razas o líneas de selección ampliamente utilizadas de las empresas de cría y las razas autóctonas. El CGN tiene un banco de genes en el que se almacena principalmente semen en nitrógeno líquido. En el caso del ganado, son muestras de toros de razas ampliamente utilizadas (25 dosis de cada toro que entra en el programa de cría) o de razas raras (400 dosis de toros seleccionados/disponibles, recogidos en granjas donde se utilizan para el servicio natural). En el caso de los cerdos, una vez cada 10 años se toma una instantánea de los verracos en las estaciones de IA, de los verracos de diferentes líneas de selección o de las dos razas autóctonas raras. En las aves de corral y los pájaros se almacena semen de machos de razas raras. En los perros se ha empezado a congelar el semen de los machos de razas raras. La siguiente diapositiva ofrece una visión general de la colección del banco de genes en 2013.

CGN: Colección genética Holandesa

| Especie | Razas | Machos | Straws |
|---------|-------|--------|--------|
| Bovino | 9 | 7-4095 | 181753 |
| Perro | 2 | 3-7 | 162 |
| Cabra | 2 | 6-25 | 3820 |
| Caballo | 5 | 8-20 | 18200 |
| Cerdo | 16 | 7-47 | 69981 |
| Pollo | 20 | 5-19 | 18827 |
| Oveja | 7 | 12-68 | 221147 |




WAGENINGEN UR
For quality of life


 Centre for Genetic Resources, The Netherlands (CGN)

La conservación in vivo e in vitro es complementaria: cuando se hacen ambas cosas, se garantiza la flexibilidad de los programas de cría al salvaguardar las razas raras y se tiene la posibilidad de utilizarlas para las actividades actuales. Los bancos de genes pueden desempeñar un papel importante en el apoyo a las pequeñas razas raras y pueden ayudar a hacer que estas poblaciones vuelvan a ser viables. Esto se ilustra con el ejemplo de la vaca frisona holandesa roja y blanca:

3.1. Capítulo 14.3.1: El resurgimiento de la vaca frisona roja y blanca nativa de Holanda

Alrededor del 1800 la población de ganado en la provincia de Frisia consistía principalmente en ganado de Red Pied. Muchos antepasados rojos fueron importados de Dinamarca y Alemania después de los brotes de "peste bovina". Desde 1879, el libro genealógico del ganado de Frisia registraba animales rojos y blancos. Más tarde, empujado por los mercados de exportación, el blanco y negro se convirtió en un color más popular que el rojo y el blanco. Para los criadores de blanco y negro era una pena obtener un ternero rojo y blanco de padres blancos y negros. Un semental con una fuerte influencia en la población roja y blanca fue llamado "Foundling" y fue abandonado por su criador blanco y negro.

En 1970 sólo 50 granjeros con 2500 animales se unieron a la Asociación de Criadores de Ganado Frisón Rojo y Blanco. Luego, después de un corto período de especialización e intensificación en la producción lechera (1970-1990) y de la importación de frisonas Holstein de Estados Unidos y Canadá, en 1993 sólo quedaron 21 animales de pura raza: 17 hembras y 4 machos. Un grupo de propietarios preocupados creó la Fundación para el ganado frisón rojo y blanco autóctono y esta fundación se puso en contacto con el Banco de Genes de Animales, que acababa de crearse.

Se desarrolló conjuntamente un programa de cría. El semen de los "viejos" sementales del banco de genes se utilizó para criar hembras bajo contrato. Los machos nacidos posteriormente fueron criados por el criador, que obtuvo un subsidio del banco de genes.

El semen de estos jóvenes machos se recogía y conservaba y podía utilizarse en nuevos contratos. De esta manera, la raza aumentó en número: en 2004 se registraron 256 hembras y 12 machos vivos. De 43 machos, 11780 dosis de semen son almacenadas por el banco de genes y están disponibles para la IA. Sólo unas pocas hembras siguen siendo utilizadas para la producción de leche y su leche se utiliza para la producción de queso. La mayoría de las hembras son mantenidas por aficionados como vacas nodrizas.



4. Capítulo 14.4: El uso de pedigrís para medir la genética diversidad

Teóricamente, podemos estimar el grado de diversidad entre las razas mediante experimentos sencillos, a menudo costosos, en los que animales de un gran número de razas diferentes se mantienen juntos en el mismo entorno. Proporcionando: 1) el número de animales por raza sea suficientemente grande, de modo que los errores en la estimación de la media de la raza sean insignificantes en comparación con la escala de diferencias entre razas, y 2) las razas sean una muestra totalmente representativa de las razas disponibles, la varianza σ^2 puede derivarse de la media de la raza. El entorno de las pruebas y la diferencia de las respuestas en otros entornos son cuestiones de investigación importantes que tienen repercusiones mundiales en la agricultura, el medio ambiente y la conservación. Dada esta incertidumbre, es importante que los entornos de ensayo sean directamente pertinentes al entorno previsto para la aplicación. En los años setenta del siglo pasado se hicieron muchas comparaciones de razas a nivel mundial en el ganado lechero y de carne y en los cerdos. Sin embargo, la mayoría de los experimentos se llevaron a cabo con un número limitado de razas en diferentes entornos. Este hecho hizo que el cálculo de la varianza entre razas fuera menos fiable.

Cuantificar la cantidad de variación genética de un rasgo dentro de una raza también es difícil e implica asociar las similitudes genéticas conocidas entre los individuos con las similitudes en los fenotipos. Una fuente importante de información fiable sobre la relación es el pedigrí, es decir, un registro de padre y madre de cada individuo, acumulado a lo largo de generaciones.

A falta de información detallada sobre el ADN de los animales individuales, que seguirá siendo el caso para la mayoría de las poblaciones durante algún tiempo en el futuro, es necesario identificar estas relaciones mediante la observación y el registro de los pedigrís de los animales, al menos con la profundidad suficiente para identificar los progenitores y las madres responsables de estas relaciones entre los animales individuales. Cuanto más profundo sea el pedigrí, mejor se podrá calcular la verdadera relación. Por lo tanto, en cada generación el número de progenitores aumenta exponencialmente (2^n).

Es generalmente aceptado que se requiere un pedigrí completo en cinco generaciones para establecer la relación. Como parámetro para la calidad de la información del pedigrí en una población, se utiliza la integridad del pedigrí. Puede calcularse como el porcentaje de pedigrís completos, por ejemplo, en cinco o seis generaciones.

5. Capítulo 14.5: El impacto de la información del ADN en la medición de la diversidad genética

En el último decenio se ha reducido enormemente el costo de la información sobre el genotipo, lo que hace que dicha información sea mucho más asequible para la ciencia y para las aplicaciones comerciales. Esto está abriendo nuevas oportunidades para evaluar la diversidad genética. Se han utilizado varios tipos de marcadores diferentes en los estudios científicos y su popularidad ha cambiado con los avances de la tecnología.

Por lo tanto, los marcadores informativos de ADN pueden ayudar a la medición de la diversidad de dos maneras. La primera forma es superar el problema de que en algunas especies puede ser imposible o muy costoso observar directamente el pedigrí, por ejemplo, en muchas especies de peces; y mediante el genotipado de un pequeño número de marcadores polimórficos (digamos 10 a 20 micro satélites), elegidos para ser informativos, en toda la descendencia y todos los posibles padres, es posible identificar los progenitores y las madres de casi toda la descendencia. El segundo implica el genotipado extensivo (digamos 50.000 SNP's) en todos los cromosomas del genoma para estimar la proporción real de ADN compartido por los hermanos u otros parientes con mayor precisión que simplemente utilizar la expectativa de compartir el ADN entre parientes que proporciona el pedigrí.

Sin embargo, la disponibilidad de ADN nos permite medir la diversidad de diferentes maneras, ya que podemos obtener la secuencia de nucleótidos de los individuos en zonas específicas del genoma e identificar los alelos que están presentes en una población en cada posición y los genotipos de cada individuo.

Entre las opciones para abordar la diversidad genética con esta información figuran las siguientes:

1. Examinar la diversidad en la frecuencia de los alelos, definiendo la frecuencia de los alelos de un individuo como 0, $\frac{1}{2}$ o 1, dependiendo de si lleva 0, 1 o 2 copias del alelo. Este rasgo puede tratarse como si fuera un rasgo continuo, y se puede medir la diversidad, tanto entre las razas como dentro de ellas. Nótese que en este enfoque la media de la raza es la estimación de la frecuencia de los alelos para la raza. Por ejemplo, si dos razas se fijan para diferentes alelos, entonces no se observará diversidad dentro de las razas y toda la diversidad estará entre las razas.
2. Las medias de la raza para las frecuencias de varios alelos, generalmente de loci no vinculados, se combinan por alguna función predefinida para medir lo que se denomina una distancia genética entre las razas. Existen varias medidas de distancia de este tipo, que no se discutirán aquí.
3. En lugar de utilizar la frecuencia de los genes, se puede medir la frecuencia de los heterocigotos. Un heterocigoto tiene dos alelos diferentes en un locus, y es función de las frecuencias de los alelos y del apareamiento de los parientes y las tasas de supervivencia.

La justificación para ello es que en ausencia de diversidad no habrá heterocigotos en la población. Las comparaciones fiables entre razas deben hacerse sobre conjuntos muy densos de marcadores, lo que puede ser posible en muchas especies, en las que los chips de ADN pueden contener más de 50.000 marcadores.

4. Otra medida simple pero limitada de la diversidad es contar el número de alelos diferentes que aparecen en la población para un conjunto de loci, siendo tanto más diversos cuantos más alelos. El recuento del número de alelos en cada raza y el número compartido con cada una de las demás razas ofrece la oportunidad de examinar las diferencias entre las razas. Una variación de esto es contar el número de "alelos privados", donde un "alelo privado" se define como un alelo que se encuentra en una raza, pero no en otra.

El enfoque de conteo para medir la diversidad parece menos valioso que la medición de las propias frecuencias de los alelos. Sin embargo, las observaciones sobre los alelos privados pueden ser muy útiles de otras maneras, por ejemplo, en estudios en los que está en juego la conservación de

las razas y en los esquemas de trazabilidad (¿esta carne es realmente producida por una raza con este raro alelo?)

5.1 Capítulo 14.5.1: Patrones de diversidad en todo el genoma

Una suposición importante en los estudios con marcadores que utilizan ADN "no funcional" (no responsable de la producción de una proteína) es que estos marcadores son neutros, es decir, no están asociados con alelos de rasgos en selección. La cuestión de la neutralidad de los marcadores es importante, ya que se supone que estos marcadores cambian de frecuencia sólo por deriva genética, y no por deriva y selección. La neutralidad de un locus puede diferir entre las razas, ya que: i) una raza puede tener alelos importantes que no están presentes en otra; y ii) las diferentes razas de ganado estarán sujetas a diferentes criterios de selección, que estarán dominados en gran medida por los objetivos de selección de los criadores en cuestión.

El genoma está organizado en cromosomas y esto introduce el fenómeno de la vinculación de los alelos en diferentes loci (cuando no se produce una recombinación entre estos loci durante la meiosis, estos alelos se transfieren como una combinación fija de alelos de una generación a la siguiente). Una consecuencia de la vinculación es que los alelos que están en el mismo cromosoma y cerca de una nueva mutación favorable tenderán a aumentar de frecuencia junto con la mutación en un proceso denominado "autostop".

Es muy probable que los alelos muy vinculados a la mutación también se fijen en la población. Por lo tanto, esta región del cromosoma, muy cercana al locus seleccionado, mostrará una diversidad muy baja en los loci vecinos dentro de una raza. Por consiguiente, un examen de la diversidad alélica en todo el genoma puede mostrar pautas de regiones de gran diversidad y por regiones de diversidad relativamente baja. Esta pauta de diversidad dentro del genoma se denomina firma de selección o huella de selección y puede indicar loci importantes para la domesticación, o para las características de determinadas razas, o simplemente regiones muy conservadas para la especie en su conjunto, ya sea silvestre o domesticada. La búsqueda eficaz de huellas de selección no ha hecho más que empezar en las especies de ganado con la disponibilidad de marcadores de todo el genoma, como los SNP..

Definiciones

El autostop es el cambio en la frecuencia de un alelo debido a la selección en un locus estrechamente vinculado con un alelo positivo. La firma de la selección o huella de la selección es el patrón de la reducción de la diversidad vecina en un cromosoma a un gen que ha sido fuertemente seleccionado a favor o en contra dentro de una población

En términos más generales, la expansión de la información del ADN permitirá estudiar la diversidad de combinaciones alélicas en los loci distribuidos por todo el genoma. Este tipo de diversidad dentro de las razas dependerá no sólo de las frecuencias alélicas sino también del grado de vinculación del desequilibrio de los alelos (LD) que se observe. Este LD, la transferencia de una combinación fija de alelos de una generación a la siguiente, puede surgir de la historia de la raza del tamaño de la población y de la gestión de la población a lo largo del tiempo. Por ejemplo, en el pasado, la combinación de alelos estaba presente en el número limitado de animales utilizados para la cría en una generación (el uso intensivo de un semental popular o un cuello de botella genético) o se introdujeron en la raza por introgresión.

Definiciones

La vinculación es el fenómeno por el cual los alelos de los loci que están cerca de un cromosoma y que han sido heredados juntos de un progenitor de un individuo tienden a transmitirse juntos a la descendencia de un individuo.

Cuanto más cerca están los loci en un cromosoma, más fuerte es este fenómeno. Cuando los loci están en cromosomas diferentes, esta tendencia está completamente ausente. El desequilibrio de los enlaces es una combinación fija de alelos en los haplotipos. Con el tiempo, los eventos de recombinación entre los loci eliminarán esta combinación, más rápidamente cuanto más lejos

estén los loci unos de otros El cuello de botella es un período en el que el número de padres utilizados para reproducir la raza era particularmente pequeño. En tal período la deriva genética es alta debido a una marcada reducción en el tamaño de la población

La introgresión es la transferencia de un alelo o conjunto de alelos de una raza a otra. Esto se logra mediante el cruce de un número de padres de la raza donante a la raza receptora, seguido de un retrocruzamiento sistemático a la raza receptora, con los padres elegidos para ser portadores de los alelos deseados. Se pueden utilizar marcadores para detectar estos portadores

5.1.1 Capítulo 14.5.1.1: Un ejemplo de haplotipos: Grupos de sangre B de ganado

En la literatura sobre grupos sanguíneos de ganado se pueden encontrar ejemplos de combinaciones de alelos vinculados, un haplotipo, que estaba presente en unos pocos animales utilizados intensivamente. El grupo sanguíneo B en el ganado está determinado por loci vinculados en el cromosoma 12. Cada uno de los 20 loci diferentes es responsable de la producción (o la ausencia) de un factor antigénico, una proteína, que puede establecerse en el laboratorio. En el ganado se determinan más de 300 grupos sanguíneos B que difieren en la combinación de factores antigénicos. Se descubrió que los grupos sanguíneos B de los sementales de uso intensivo y su hijo dieron un fuerte aumento de la frecuencia de ese grupo sanguíneo en la población. Los alelos de los diferentes factores antigénicos están situados en el cromosoma 12 de la siguiente manera:

__Q__Y2__G__D'__G'__G''__F'__F'1__BKP'__I1__J'__K'__I2__O1__O3A__I''__I'__

Por ejemplo, cuando se utiliza intensamente un semental con el haplotipo BO1Y2D', la frecuencia de esta combinación de alelos enlazados, este haplotipo responsable de este grupo sanguíneo B aumenta en la población.

5.1.2 Capítulo 14.5.1.2: Un ejemplo de introgresión: Alelo de Booroola en ovejas de Texel

Un ejemplo de introgresión de alelos vinculados se encontró en la raza Texel, donde se utilizaron ovejas merinas portadoras del alelo Booroola para la introgresión. El alelo Booroola aumenta el tamaño de la camada: cuando es heterocigótico presente en una oveja + 1 cordero y cuando es homocigótico + 2 corderos. En un experimento, las ovejas de Texel se aparearon con carneros merinos portadores del alelo. Los F1 se aparearon (retrocruzados) con animales de la raza Texel. La intención era incorporar sólo los alelos Booroola mientras se mantenían lo más posible todos los demás alelos de la raza Texel. Este proceso de introgresión se aceleró con el uso de un marcador genético para el alelo Booroola. En la fase experimental, la presencia del alelo Booroola reveló dar lugar a un marcado aumento en el porcentaje de los corderos que nacen muertos. En las generaciones siguientes, este efecto indeseado de más corderos muertos desapareció lentamente. La explicación fue que

en la oveja merina utilizada, muy cerca del gen Booroola se vinculó un gen en el cromosoma que dio lugar a un mayor porcentaje de lamas nacidas muertas. Con la selección para un alto tamaño de camada en combinación con la selección contra los corderos muertos, el vínculo entre los alelos de la población desapareció lentamente.

6. Capítulo 14.6: Seguimiento de las poblaciones

Los programas de cría no sólo deben ser evaluados por el mejoramiento genético realizado sino también por la cantidad de endogamia. La endogamia tiene lugar cuando se aparean animales emparentados, que tienen una relación genética aditiva diferente de cero. Su descendencia es consanguínea. Y como hemos visto, el coeficiente de consanguinidad es igual a la mitad de la relación genética aditiva de los padres. La endogamia puede conducir a la expresión de defectos recesivos monogénicos y a la depresión de la endogamia.

La consanguinidad da homocigosidad en muchos loci y luego desaparecen los efectos de dominancia favorables. A este respecto, la endogamia tiene el efecto opuesto al del mestizaje. Allí hemos visto que el mestizaje conduce a la heterosis, especialmente en los rasgos de salud y estado físico. Los signos de depresión por consanguinidad también son mayores para estos rasgos. A continuación, se muestran ejemplos de endogamia en los rasgos de producción:

Inteeltdepressie in de landbouw

| Species | trait | Afname door 10% inteelt |
|---------|-----------------|-------------------------|
| koeien | Melkgift | 3.2% |
| schapen | Vachtgewicht | 5.5% |
| | Lichaamsgewicht | 3.7% |
| varkens | Aantal biggen | 3.1% |
| | Lichaamsgewicht | 4.3% |
| muisen | Aantal jongen | 7.2% |
| | Lichaamsgewicht | 0.6% |
| mais | Planthoogte | 2.1% |
| | Zaadopbrengst | 5.6% |

6.1 Capítulo 14.6.1: La endogamia voluntaria y restringida

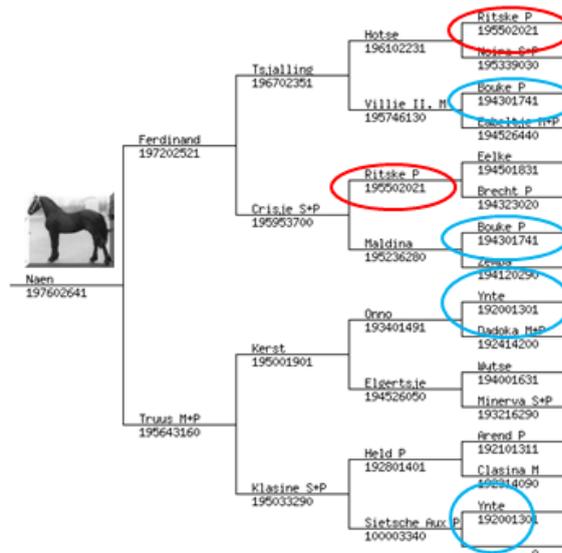
La endogamia puede tener lugar de dos maneras diferentes en una población: 1) los criadores aparean intencionalmente un padre y una madre que están más relacionados entre sí que en promedio en la población. Esto se denomina consanguinidad voluntaria. 2) los criadores tienen que aparearse con sementales y madres que están emparentados debido a que todos los animales de la población están emparentados entre sí. Esto se denomina consanguinidad restringida y será el principal tipo de consanguinidad que discutiremos cuando supervisemos las poblaciones. La consanguinidad restringida es causada por el tamaño limitado de las poblaciones reproductoras cerradas, como es el caso de muchas razas.

En cada generación posterior del pedigrí el número de antepasados aumenta exponencialmente. Por ejemplo, en la generación 10 un animal tiene $2^{10} = 1024$ antepasados. En la mayoría de las razas en el período en que vivieron los antepasados de la generación 10, se utilizaron menos de 1024 animales para la cría. Así pues, más allá del pedigrí, los mismos animales aparecen en el pedigrí del padre y de la madre: están emparentados y, por lo tanto, su descendencia se convierte en endogámica. Esto subraya que cuanto más profundo sea el pedigrí, mejor será la relación entre el padre y la madre. Dado que la consanguinidad (limitada) es en realidad un problema en la cría de perros, la mayoría de los ejemplos que presentaremos, se originarán en las razas de perros.

6.1.1 Capítulo 14.6.1.1: Un cruce es muy eficaz para reducir la endogamia

La endogamia tiene lugar cuando se aparean animales emparentados, un padre y una madre. Entonces su descendencia es consanguínea. Cuando el padre es consanguíneo y la madre es consanguínea, pero no comparten antepasados comunes, no están emparentados, por lo que su descendencia no es consanguínea. En otras palabras, la endogamia no es hereditaria. Cuando se utiliza un macho de otra raza en una población ese macho no tiene antepasados comunes con ninguna de las hembras de la raza en cuestión. Incluso cuando esta raza tiene un alto coeficiente medio de consanguinidad, toda la descendencia del padre "extranjero" tiene un coeficiente de

consanguinidad de cero. Un cruce es muy eficaz para reducir la consanguinidad y para reducir los problemas de consanguinidad. El cruce puede ilustrarse con el pedigrí de un animal individual en el que el padre y la madre no están emparentados. En el pedigrí de Naen que se muestra a continuación, el padre Ferdinand es consanguíneo: sus padres Tsjalling y Crisje comparten Ritske P y Bouke P como antepasados comunes. La presa Truus es endogámica: sus padres Kerst y Klasine comparten Ynte como común antepasado. Pero, en base a las 5 generaciones de este pedigrí, el hijo Naen de Fernando y Truus no es consanguíneo porque Fernando y Truus no están emparentados: no comparten un ancestro común. Los criadores prácticos llaman a este apareamiento dentro de una raza a menudo un "cruce"



6.2 Capítulo 14.6.2: Tamaño de la población

La población a vigilar consiste en todos los animales que pueden aparearse: el tamaño máximo de la población reproductora. Mirando hacia atrás en la historia de una raza, el tamaño de su población varía.

Por lo tanto, el primer parámetro a monitorear es el tamaño de la población. Una población grande tiene la ventaja de tener menos posibilidades de deriva aleatoria y de consanguinidad limitada. En las poblaciones reproductoras comerciales bien gestionadas, el tamaño de la población se determina antes de que comiencen los programas de cría y se mantiene en todas las generaciones posteriores. Pero en las razas menos controladas, por ejemplo, en caballos o perros, depende de varios factores cómo se desarrolla el tamaño de la población. En los perros la popularidad de la raza puede cambiar; en los caballos los bajos precios de los potros pueden llevar a menos apareamientos y a largo plazo a una disminución del tamaño de la población.

El número de crías nacidas por año es el segundo parámetro para vigilar el tamaño de la población. A lo largo de los años presenta la estabilidad de una raza: ¿hay un aumento (favorable) o una disminución (desfavorable)? Pero en la cría de animales sabemos que no todos los animales nacidos serán utilizados para la cría de la próxima generación. No se seleccionan para la cría o el propietario no quiere criar con el animal. Esto último se ve a menudo en las especies que no se mantienen con fines comerciales: perros y caballos.

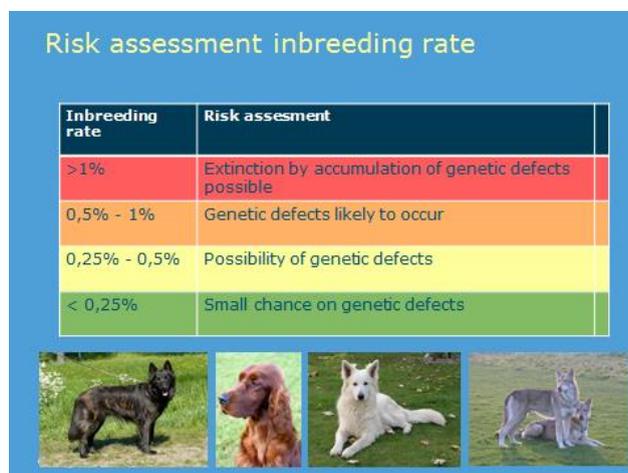
6.3. Capítulo 14.6.3: La población ideal

En la población ideal la consanguinidad se encuentra en un nivel muy bajo, las mutaciones con efectos adversos no aparecen y no se produce la pérdida aleatoria de alelos de baja frecuencia. Por lo tanto, la población ideal es grande y se utilizan muchos machos y hembras para la cría. Esto disminuye el apareamiento forzado de animales emparentados, los portadores de alelos raros producen de hecho progenie y los portadores de mutaciones con efectos adversos no se han utilizado para producir progenie.

La población ideal es grande: la literatura científica aboga por el uso de más de 100 animales como padres para la próxima generación. Esto facilita la selección natural para eliminar las mutaciones con efectos adversos, evita la pérdida aleatoria de alelos raros y mantiene una gran variación genética en la población. Además del tamaño de la población, la estructura de la población contribuye a la población ideal. La estructura depende, entre otras cosas, de la contribución de los progenitores al número de crías. Cuando esta contribución es proporcional (uniformemente repartida) entonces la relación genética media no aumenta más de lo necesario. Cuando unos pocos progenitores dominan como padres de la prole, entonces la relación entre los animales aumenta bruscamente en las siguientes generaciones y, en consecuencia, la endogamia aumentará considerablemente. Véase también la explicación de las contribuciones genéticas en el capítulo "apareamiento". El número de toros y madres y la variación en el número de sus crías determinan la composición genética de la siguiente generación de su progenie. La variación en el número de su descendencia es de gran importancia. En los programas de cría bien controlados se intenta mantener esta variación lo más pequeña posible: se intenta conseguir un número igual de individuos seleccionados de la progenie. Pero en muchas especies las madres dan a luz a múltiples crías y entonces la variación en el tamaño de la camada está siempre presente. En los programas de cría menos controlados, a menudo se encuentra mucha variación en el número de crías por progenitor. La popularidad de los sementales es responsable de ello: los campeones de exhibición se utilizan ampliamente y a menudo ilimitadamente como sementales. El número de animales que contribuyen en diferente medida a la próxima generación es crucial en la gestión de una población cuando se pretende reducir la tasa de endogamia.

6.4 Capítulo 14.6.4: Vigilancia de la tasa de endogamia

Para evitar problemas de consanguinidad, la aparición de defectos genéticos recesivos y la depresión por consanguinidad, la tasa de consanguinidad ΔF debe ser inferior al 0,5% por generación. A nivel internacional se acuerda que el 0,5% de consanguinidad es el valor máximo aceptable. Cuanto mayor sea la tasa de consanguinidad estimada por generación, mayor será la probabilidad de que se produzcan problemas de consanguinidad, como se ilustra a continuación



La tasa de consanguinidad ΔF puede calcularse simplemente por año calculando el coeficiente de consanguinidad de todos los animales nacidos en años posteriores y para calcular la diferencia de los coeficientes de consanguinidad entre dos años posteriores.

La tasa de consanguinidad ΔF por generación puede calcularse primero calculando el coeficiente de consanguinidad de todos los animales nacidos en un año. En segundo lugar, se debe calcular el intervalo de generación, que es el período de tiempo necesario para renovar la población de los progenitores.

Definición

El intervalo generacional de los padres y las madres es la edad media del progenitor cuando nace su reemplazo. El intervalo de generación para la población es entonces el promedio de estos dos valores ya que los hombres y las mujeres contribuyen cada uno con la mitad de los genes para renovar la población

Los coeficientes de consanguinidad se promedian a lo largo de la generación 1 y la posterior generación 2. La diferencia se divide por el intervalo medio de la generación:

$$\Delta F = (F2 - F1) / GI,$$

donde F2 y F1 son los coeficientes medios de endogamia y GI es el intervalo de generación.

Un intervalo de generación corto acelera no sólo el mejoramiento genético, sino también el índice de consanguinidad por año. En las poblaciones pequeñas en las que el mejoramiento genético no tiene la máxima prioridad, se recomienda un intervalo de generación largo. Así, por ejemplo, se dispone de más tiempo para vigilar los resultados de los planes de apareamiento y para realizar los apareamientos que se pretendían, pero que hasta ahora no han dado lugar a descendencia.

Para un cálculo fiable de la tasa de consanguinidad es importante que los pedigríes estén completos a lo largo de 5 generaciones de antepasados. La incompletitud conduce a una subestimación de los coeficientes de consanguinidad y las tasas de consanguinidad.

6.5 Capítulo 14.6.5: Relación entre la genética aditiva: parentesco y endogamia

Al igual que para la tasa de consanguinidad, se puede calcular la tasa de relación genética aditiva. A nivel de población los coeficientes de consanguinidad son también iguales a la mitad de las relaciones aditivas de los progenitores. Cuando en una población se produce un apareamiento aleatorio, la relación aditiva media es el doble del coeficiente de consanguinidad medio. Pero cuando se practica la consanguinidad voluntaria, el coeficiente medio de consanguinidad es superior a la mitad de la relación genética aditiva media.

Cuando se evita la consanguinidad en la población, el coeficiente medio de consanguinidad es inferior a la relación genética aditiva media. Esto último se observa a menudo cuando la endogamia se señala como un problema en una población. La reacción lógica de los criadores es aparearse con padres menos emparentados. Los coeficientes de consanguinidad disminuyen, pero en la población la relación aditiva media no cambia e incluso puede aumentar. Y después de unas pocas generaciones la posibilidad de aparearse con padres menos emparentados ya no existe. La mejor estrategia de apareamiento se esbozará más adelante en este capítulo.

Este fenómeno se ilustra a continuación en una raza de perro:

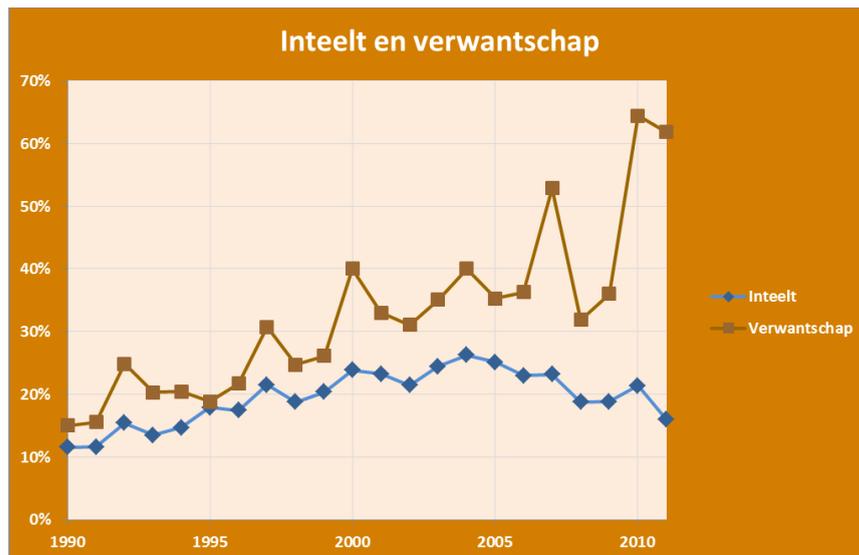


Figura 1: consanguinidad y relación en una raza de perro, donde a partir de 2005 el coeficiente medio de consanguinidad disminuye al aparearse con individuos menos emparentados, pero donde la relación media sigue aumentando debido a la popularidad de unos pocos sementales.

7. Capítulo 14.7: Prevención de la endogamia

A largo plazo, la relación aditiva media de la población determina la consanguinidad limitada. Por consiguiente, la prevención de la endogamia (forzada) depende en gran medida de los métodos de gestión de las relaciones entre los animales de la población. En las poblaciones de cría comercial se aplica un gran esfuerzo para gestionar esto, aunque los efectos aleatorios (por ejemplo, un animal seleccionado no produce ninguna descendencia) podrían perturbar las intenciones del programa de apareamiento.

En los programas de cría menos controlados es muy difícil realizar programas de gestión para controlar las relaciones.

Entonces es prudente dar a los criadores en el interior las implicaciones de los parientes de apareamiento y estimular a los criadores individuales para que apliquen apareamientos que en conjunto tengan un efecto favorable sobre la relación aditiva media. Un consejo de apareamiento (qué sementales pueden aparearse con esta presa individual para minimizar el aumento de la relación en la población) podría ser de gran ayuda.

¿Qué medidas ayudarán a detener en una población el aumento de la relación aditiva media y, por lo tanto, tendrán un efecto favorable sobre la tasa de consanguinidad? Tres medidas podrían ser eficaces:

1. 1. La expansión del tamaño de la población efectiva
2. 2. Restricciones en el número de hijos por progenitor
3. 3. Esquemas de apareamiento para controlar y manejar las relaciones

7.1 Capítulo 14.7.1: Ampliación del tamaño de la población

La primera medida de expansión es disminuir la intensidad de selección en los sementales y presas: se seleccionan más sementales y presas como padres para la siguiente generación. Esto facilita la inclusión de toros y presas de toda la población, garantizando la presencia de la variación total en los pedigrís. Una alta intensidad de selección funciona en la dirección opuesta: puede fácilmente llevar a un número limitado de padres seleccionados que no representen la variación total de los pedigrís. Especialmente un número limitado de sementales seleccionados, como suele ocurrir en los programas de cría menos controlados (caballos y perros), aumenta la futura relación de parentesco en la población y conduce a futuros apareamientos (limitados) entre las crías de tales sementales, lo que da lugar a la endogamia. Así pues, el uso de más toros y

madres tiene un efecto favorable de la relación genética aditiva media, pero hay que tener en cuenta que da lugar a una menor mejora genética.

La segunda medida de expansión consiste en importar en una población nativa animales de la misma raza que viven en otros países. En las poblaciones extranjeras de la misma raza se pueden encontrar animales con un pedigrí que contiene ancestros no presentes o menos presentes en los pedigrís de los animales nativos. Gracias al desarrollo de las técnicas de reproducción es posible importar semen o embriones de animales extranjeros y producir descendencia en la población nativa. Gracias a estos pedigrís extranjeros la relación genética aditiva media en la población nativa disminuye. Este método puede ser utilizado a veces en perros y caballos, pero cuando se dispone de pedigrís profundos, a menudo aparecen los mismos antepasados tempranos. La raza se compone de un número limitado de ancestros y su descendencia se extiende por países.

La tercera expansión consiste en cruzar un número limitado de padres seleccionados con padres seleccionados de otra raza. En la mayoría de los casos es conveniente comprar el semen de un número limitado de sementales seleccionados de otra raza e inseminar un número seleccionado de madres de su raza con este semen. La elección de la raza "extranjera" es crucial:

cuando la diferencia en conformación y tamaño, en rasgos de adaptación y en rasgos de objetivo de cría es grande, llevará muchas generaciones obtener descendencia aceptable y será difícil conseguir el apoyo de los criadores individuales para el cruce. En muchas especies y razas, la "pureza de la raza" es una cuestión real que debe tenerse en cuenta y el estándar de cría no debería verse amenazado.

El segundo y tercer método de expansión puede verse obstaculizado por las grandes diferencias genéticas entre las

poblaciones en los rasgos del objetivo de reproducción (nivel y combinación de rasgos).

El esquema de mestizaje apropiado que se aplicará tiene la estructura del esquema de introgresión (véase el capítulo sobre mestizaje):

$$\begin{array}{c} A * B \\ \downarrow \\ F_1 (AB) * A \\ \downarrow \\ F_2 * A \text{ etc} \end{array}$$

Donde la raza A es la raza pura original y B es la raza "extranjera" seleccionada. Sólo se utilizan animales de la raza B para producir el F1. En la F1 y la F2 los animales son seleccionados, en la medida de lo posible, por los rasgos del objetivo de cría en juego

en la raza pura original A. Podría ser prudente que la organización de cría mantenga el control total sobre el uso de la F1 y animales F2. Cuando los rasgos de estos animales parecen estar muy lejos del objetivo de la cría de la raza A, entonces siempre debería ser posible terminar la introgresión de sus genes en la raza A.

Este método de cruce sólo se recomienda cuando la tasa de endogamia en la población es tan alta que los defectos genéticos son una verdadera amenaza para la "fusión" de la población. En algunas razas de perros se considera la introgresión y en el pasado en la raza de caballo Gelderlander holandés la introgresión ha tenido lugar unas cuantas veces.

¿Por qué estas tres medidas aumentan el tamaño efectivo de la población? Las tres dan como resultado una mayor variación de los ancestros en el pedigrí de los animales seleccionados y, por lo tanto, una endogamia menos restringida en su progenie.

La introducción de animales de otra raza es muy efectiva en este sentido. Entonces, los padres y las madres se aparean sin ancestros comunes en sus pedigrís, lo que resulta en una fuerte disminución de la relación aditiva media y en un coeficiente de consanguinidad de cero en los animales F1.

7.2 Capítulo 14.7.2: Restricciones en el uso de los padres

En los planes de cría bien establecidos y controlados, se pretende utilizar los sementales y las madres seleccionados con la misma intensidad. En la siguiente generación obtienen un número igual de crías. De esta manera se mantiene la variación genética de la población. Todos los antepasados en los pedigrís de los padres regresan todos en los pedigrís de los animales en la siguiente generación.

Estos esquemas de crianza son óptimos y sostenibles: en las generaciones futuras todas las oportunidades de selección siguen estando presentes. En las poblaciones menos controladas tenemos muchos ejemplos (en razas de vacas lecheras, caballos y perros) de sementales que fueron muy utilizados en el pasado. Ese uso excesivo de unos pocos animales reproductores tiene un marcado efecto creciente de la relación aditiva media en la población, lo que causa problemas de endogamia en las generaciones futuras.

En las poblaciones crean cuellos de botella genéticos en las poblaciones. El uso excesivo de toros populares a menudo lleva a un uso limitado de otros toros o incluso a descuidar toros que fueron seleccionados para su uso. Eso contribuye a los efectos de los cuellos de botella genéticos. La primera reacción para evitar el uso excesivo de unos pocos animales seleccionados es restringir su uso: un ejemplo es el número máximo de apareamientos que puede realizar un semental. En los programas de cría menos controlados esto a menudo conduce a la obsesión de los criadores individuales y los propietarios de los toros. Como regla general, un semental no debe producir más del 5 % del número total de crías en la siguiente generación. Una reacción positiva al uso excesivo es hacer y propagar un plan en el que todos los toros seleccionados obtengan un número igual de crías. Se acercan a los esquemas óptimos y sostenibles de programas de cría bien controlados.

7.3 Capítulo 14.7.3: Esquemas de apareamiento para controlar y manejar la relación

En los programas de reproducción controlada existen programas de apareamiento que serán utilizados durante muchas generaciones. Se caracterizan por dos principios: 1) cada semental y cada madre tendrá crías de las que se seleccionará al menos un individuo (macho o hembra) como progenitor en la siguiente generación y 2) se aplicará el apareamiento circular, lo que implica que, cuando se utilicen 25 sementales, pasarán 25 generaciones antes de que sus crías se apareen mutuamente y comience la endogamia en este semental. Estos sistemas se aplican en la cría comercial de cerdos y aves de corral para mantener y desarrollar las líneas de selección de pura raza.

En los programas de cría menos controlados, por ejemplo, en ovejas de brezo, se aplica el apareamiento circular entre los rebaños participantes:

círculos de carnero. En estos rebaños de ovejas del brezal se mantiene un gran número de hembras junto con varios carneros. Esto implica que de cada oveja de brezo se desconoce el padre. A continuación, se muestra la ilustración circular:

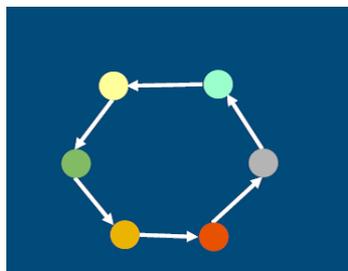


Figura 2: Ejemplo de un círculo de carnero. Cada mancha de color es un rebaño. La bandada roja siempre (anualmente) obtiene carneros jóvenes de la bandada amarilla oscura y entrega anualmente carneros jóvenes a la bandada gris, etc.

En este ejemplo de la figura 2 participan 6 bandadas diferentes en el círculo. Esto implica que se necesitan 6 generaciones para que un carnero con $1/6$ de los genes del rebaño rojo sea utilizado de nuevo a través de carneros nacidos en el rebaño amarillo oscuro del rebaño rojo y se produzca por primera vez la endogamia. Cuando participan más bandadas, se necesitan más generaciones para que comience la consanguinidad y el nivel de consanguinidad disminuye. Es un esquema muy efectivo para mantener la consanguinidad a un nivel bajo y crear una baja tasa de consanguinidad. Cuando se considera la posibilidad de aplicar un plan, deben estudiarse y discutirse a fondo las diferencias genéticas entre los bandos y el orden fijo de intercambio de carneros. El criador debe aceptar que siempre recibe carneros del mismo rebaño. Para la selección y el apareamiento en el núcleo del programa de cría de ganado lechero se desarrolla el método de las contribuciones óptimas. El valor de la cría de los sementales y las madres es mayor que la relación de los sementales y las madres con el promedio del núcleo. Para cada individuo los programas dan el número de apareamientos que deben realizarse. Las parejas de apareamiento se emparejan de acuerdo a su relación mutua con el objetivo de una baja relación entre los animales de cada pareja. Fuera del núcleo, los sementales y las madres se combinan en un programa de asesoramiento de sementales. Este programa tiene como objetivo compensar los apareamientos: los rasgos débiles en el valor reproductor de la madre se compensan con rasgos fuertes en el valor reproductor.

Para los apareamientos individuales una directiva práctica es no aparearse con toros y presas que comparten ancestros comunes en tres generaciones. Esto significa que la relación aditiva entre los sementales y las madres es siempre inferior al 12,5 % y la descendencia tendrá un coeficiente de consanguinidad inferior al 6,25 %.

Nota: el valor de un banco de genes en los programas de apareamiento

En el caso de poblaciones pequeñas, los bancos de genes ofrecen la oportunidad de volver a utilizar los toros cuando el uso inicial no dio lugar (accidentalmente) a una descendencia que pueda ser utilizada para la cría posterior. Por ejemplo, en Suecia, desde la introducción de la inseminación artificial, se almacena en el banco de genes una cantidad de semen de cada toro que entra en la IA. Allí, los estudiantes de IA tienen la oportunidad de recurrir a un toro cuando sea relevante

8. Capítulo 14.8: Aspectos clave sobre la diversidad genética

1. La diversidad genética es el conjunto de diferencias entre especies, razas dentro de una misma especie e individuos dentro de una misma raza, expresadas como consecuencia de las diferencias en su ADN.
2. En los animales de granja, la variación entre razas en el rendimiento es importante en el inicio de un programa de mejoramiento o actividades de la granja. ¿Cuál será la mejor raza dadas las circunstancias de producción y qué raza se ajusta mejor a nuestro objetivo? La concentración mundial en un número limitado de razas hace que un número cada vez mayor de razas se considere no rentable y, por consiguiente, conlleva un riesgo de extinción, lo que reduce la variación entre razas.
2. La variación entre razas es el resultado de la deriva aleatoria, la migración, la selección y la mutación. Las razas estandarizadas se crearon a partir de las razas Landrace y las líneas de selección a partir de las razas estandarizadas, sobre la base del cruce y la selección posterior.
3. La conservación *in vivo* de una raza requiere un programa de cría bien diseñado que tenga en cuenta el pequeño número de animales y que sea seguido estrictamente por los criadores y evaluado con frecuencia. El principal objetivo de la conservación *in vivo* es facilitar el uso de las razas en el área rural para 1) la gestión de la naturaleza, 2) la producción de productos regionales con un alto valor aditivo y 3) el mantenimiento de las actividades históricas culturales.

4. La conservación in vivo e in vitro es complementaria: al hacer ambas cosas, se garantiza la flexibilidad de los programas de cría mediante la salvaguardia de las razas raras y se tiene la posibilidad de utilizarlas para las actividades actuales. Los bancos de genes pueden desempeñar un papel importante en el apoyo a las pequeñas razas raras y pueden contribuir a que esas poblaciones vuelvan a ser viables.
5. Una fuente importante de información fiable sobre la variación genética de una raza es el pedigrí, es decir, un registro de padre y madre de cada individuo, acumulado a lo largo de generaciones. Es necesario identificar estas relaciones mediante el registro de los pedigríes de los animales, al menos con la profundidad suficiente para identificar los progenitores y las madres responsables de estas relaciones entre los animales individuales. Cuanto más profundo sea el pedigrí, mejor se podrá calcular la verdadera relación.
6. Por lo tanto, los marcadores informativos de ADN pueden ayudar a la medición de la diversidad genética de dos maneras. La primera forma es superar el problema de que en algunas especies puede ser imposible o muy costoso observar el pedigrí directamente. Mediante el genotipado de un pequeño número de marcadores polimórficos en todas las crías y todos los posibles padres, es posible identificar los progenitores y las madres de casi todas las crías. La segunda consiste en el genotipado extensivo de todos los cromosomas del genoma a fin de estimar con mayor precisión la proporción real de ADN que comparten los hermanos u otros parientes, en lugar de limitarse a utilizar la expectativa de compartir el ADN entre parientes que proporciona el pedigrí.
7. Las poblaciones reproductoras deben ser vigiladas para determinar el tamaño de la población, la tasa de consanguinidad y el intervalo de generación
8. La tasa de endogamia puede disminuirse mediante la ampliación del tamaño de la población efectiva, la restricción del número de hijos por progenitor y los planes de apareamiento para controlar y gestionar las relaciones. Un cruce es muy eficaz a este respecto.
9. En el caso de poblaciones pequeñas, los bancos de genes ofrecen la oportunidad de volver a utilizar los progenitores cuando el uso inicial no dio lugar (accidentalmente) a una descendencia que pueda utilizarse para la cría posterior