

## **Análisis del progreso genético obtenido en el esquema de selección de la raza ovina manchega**

J.J. Jurado\*, M. Serrano\*, M<sup>a</sup> D. Pérez-Guzmán\*\*

\*Dpto. de Mejora Genética Animal y Biotecnología. Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA). Carretera de La Coruña, Km. 7,00 28040 Madrid, España.

e-mail: jurado@inia.es, malena@inia.es

\*\*Centro Regional de Selección y Reproducción Animal (CERSYRA). Avda. del vino 2. 13300 Valdepeñas. Ciudad Real, e-mail: mdperez@jccm.es

### **Resumen**

Tras varios años de funcionamiento se analiza con detalle la tendencia genética anual obtenida en el Esquema de Selección genética de la raza ovina Manchega. Dicha tendencia ( $0,818 \pm 0,057$  litros/año) presenta un valor inferior al de otras razas españolas y supone solo un 0,84% de la media fenotípica.

Las razones de este bajo valor es, en parte, achacable a los animales con genealogía desconocida. La descomposición de la tendencia genética en partes atribuibles a las vías de selección genética muestra que la vía padre de sementales no tiene apenas relevancia en la tendencia total, mientras que la vía madres de sementales es responsable del 60% de la misma. Se puede concluir que es la vía "padres de sementales" la responsable de la baja tendencia total ya que los sementales testados en los primeros años eran de calidad genética no muy elevada por tener padres poco selectos (no así sus madres, que sí presentaban un alto valor genético). El problema esta resuelto en la actualidad, ya que se exigen a los candidatos a futuros sementales un elevado índice de pedigrí.

**Palabras clave:** Tendencia genética, Vías de selección, Ovino lechero

### **Summary**

#### **Analysis of the genetic progress obtain in the selection program in Manchega sheep breed**

The realised genetic trend in the Manchega sheep breed is analysed in detail after several years of implementation of the selection scheme. The estimated trend ( $0.818 \pm 0.057$  litres/year) is lower than estimated trends in other Spanish sheep breeds schemes, being a 0.84 % of the phenotypic mean. The estimated contributions of each path of selection indicate that the reasons for this low value are partly due to the fact that the contribution of the sires of sires path to the total genetic gain is negligible, while the dams of sires path is responsible for 60 % of the total gain. The low contribution of the sires of sires path is explained by the low genetic level of the sires under progeny test in the first years, due to the low genetic merit of their own sires (although their dams were of high merit). Nowadays, this problem has been solved since a high pedigree index is required when selecting candidates to be sires of future generations.

**Key words:** Genetic trends, Selection paths, Dairy sheep

## Introducción

En España están en funcionamiento programas de mejora genética en ganado ovino de leche en la razas Latxa (Legarra et al., 2003), Churra (Merino y Olmedo, 1991), Assaf (Jiménez y Jurado, 2005a) y Manchega (Montoro et al. 1996). De estos, los de la raza Latxa, Churra y Manchega tienen sus comienzos en la década de los años ochenta. El caso de la raza Assaf es diferente ya que es una raza que fue reconocida en 2004 aunque estaba implantada en España desde hace muchos años y hay varios grupos que llevan a cabo mejora genética sin coordinación entre ellos. El que cuenta con mayores medios y tiene el programa más completo es el financiado y coordinado por la diputación provincial de León, incluyendo valoración genética de reproductores desde 1999 (Jiménez y Jurado, 2005b).

El esquema de selección genética de la raza ovina Manchega (ESROM) inició su andadura en el año 1986, pero no fue hasta 1990 cuando se llevaron a cabo las primeras valoraciones genéticas de reproductores y cuando se empezó a seleccionar reproductores por su mérito genético. Tras algunos años de funcionamiento se empezó a calcular regularmente la tendencia genética obtenida (Pérez-Guzmán et al., 1997). Ahora, tras más de 14 años de funcionamiento es momento de analizar con mayor detalle el progreso genético obtenido, verificando si el rendimiento del esquema de selección es similar al de otros que están próximos al mismo y comprobando así el uso eficiente de los medios empleados.

El ESROM, como la mayoría de los esquemas de selección que están desarrollándose en España, está concebido para la detección de reproductores de elevado mérito genético y su utilización posterior de la forma más eficiente posible. De esta forma, se seleccionan sementales y ovejas reproductoras mediante

la elección de sus progenitores, y así se habla de padres de sementales (PS), madres de sementales (MS), padres de ovejas reproductoras (PO) y madres de ovejas reproductoras (MO), las cuatro vías de la mejora incluidas en la clásica teoría de la respuesta a la selección desarrollada por Dickerson y Hazle (1944) y posteriormente por Rendel y Robertson (1950).

La eficiencia de un esquema de selección depende de que el progreso genético generado en cada una de las vías de mejora sea el adecuado en función de los recursos utilizados. La vía PS es la más importante debido, básicamente, a la mayor capacidad de los sementales para dejar descendencia y por tanto la elección de sementales requiere mayor cuidado ya que su influencia en la población será de mayor trascendencia. La vía MS es la complementaria a la PS, pero debido a la menor precisión con que se suele estimar el mérito genético de la hembra y a su menor capacidad para dejar descendencia, su importancia es algo menor. La vía PO es la tercera en importancia por las mismas razones que la PS pero en este caso los sementales son de menor mérito genético pues se necesitan más sementales para cubrir las necesidades de animales de reposición en la población. Por último la vía MO es la de menor importancia pues el número de hijos que una oveja deja en un rebaño suele ser bastante reducido. Como punto de referencia se puede mencionar el caso del ganado vacuno de leche en el que la vía PS supone el 43% de toda la mejora, la vía PO el 18%, la vía MS el 33% y por último la vía MO el 6% (Groen Ab.F., 1990)

Así pues, una forma eficaz de averiguar si un esquema de selección está desarrollando todo su potencial es analizar los progresos genéticos realmente obtenidos por cada vía y compararlos con los que se deberían obtener desde un punto de vista teórico, bien en otras especies o bien con los obtenidos por

otras razas ovinas explotadas en ambientes y circunstancias semejantes.

El ESROM es un clásico esquema de selección que integra varios rebaños que están conectados mediante machos de referencia, los cuales pueden ser machos mejorantes, de élite, o simplemente machos en testaje (Jurado y Serrano, 1997). La conexión de los rebaños permite una valoración genética de los animales mediante metodología BLUP que los hace comparables entre sí aunque estén en rebaños diferentes (Jurado, 1994). El objetivo de la selección es incrementar la producción de leche por lactación y oveja y el criterio de selección es la cantidad de leche tipificada a 120 días. La estima de los valores genéticos se lleva a cabo mediante un modelo animal con medidas repetidas y grupos genéticos. Los parámetros genéticos utilizados para el carácter seleccionado en esta valoración son de 0.18 para la heredabilidad y de 0.35 para la repetibilidad (Serrano et al., 1996). También se valoran los animales por características de calidad de la leche (porcentaje de grasa, proteína y extracto seco). La conexión de rebaños y difusión de la mejora se lleva a cabo mediante Inseminación Artificial (IA) con semen refrigerado. Los sementales del esquema están situados en el Centro Regional de Selección y Reproducción Animal (CERSYRA) de Valdepeñas que actúa como Centro de Inseminación Artificial (CIA), en donde está centralizado el control de producciones tanto de la cantidad como de la calidad de la leche. Este centro cuenta con las instalaciones y el personal necesarios para realizar controles de paternidad mediante marcadores genéticos (microsatélites).

El propósito de este trabajo es presentar un análisis detallado de la tendencia genética obtenida en el ESROM, descomponiéndola en partes atribuibles a cada vía de selección, compararla con la obtenida en otras espe-

cias y razas para el mismo carácter, observar las discrepancias y buscar sus causas y, por último, proponer soluciones prácticas.

## Material y método

Para llevar a cabo el análisis antes descrito se utilizó el control de producciones de la raza ovina Manchega y el registro genealógico utilizado para efectuar la valoración genética hasta Abril de 2004. En el primero se acumulan lactaciones desde 1979 y en el segundo hay genealogías de animales nacidos desde 1971.

La genealogía presenta información de 179.695 animales perteneciente a 302 rebaños históricamente adscritos al esquema. De estos 141.519 tienen año de nacimiento. Existen hijas de 735 machos diferentes y el número de ovejas con padre conocido es de 24.833 pertenecientes a 161 rebaños la gran mayoría procedentes de IA. Puesto que la valoración genética sólo tiene sentido en aquellos rebaños que están bien conectados por machos de referencia, se consideró que un rebaño tenía una conexión de calidad con los otros si había al menos 20 hijas de 5 machos diferentes. En estas condiciones había 121 rebaños con información de 152.236 ovejas de las cuales 24.520 tenían padre conocido. De éstas, 126.093 presentaban año de nacimiento. Todos los resultados se referirán a los animales de rebaños conectados.

Para cada vía de selección se calculó el intervalo generacional ( $L_{PS}$ ,  $L_{MS}$ ,  $L_{PO}$  y  $L_{MO}$ ). Este fue definido como la media de los años transcurridos desde el nacimiento de los reproductores y el de su progenitor.

Las medias de los valores genéticos predichos fueron calculadas según el año de nacimiento y para cada vía de selección. Dichas medias se calcularon de dos formas diferen-

tes: ponderadas por el número de descendientes y no ponderadas. La media no ponderada se puede considerar que es una estimación de valor genético medio de los reproductores disponibles para hacer la mejora. La media ponderada estima el valor de los reproductores realmente usados, un representante típico de reproductor en cada vía. (Van Tassell y Van Vleck, 1990). Por consiguiente reproductores "disponibles" son con los que se cuentan para ser potencialmente utilizados como tales (se usen o no) y "usados" son los empleados verdaderamente de entre los disponibles.

La tendencia genética de una vía de selección se calcula en todos los casos como el coeficiente de regresión de la media de los valores genéticos predichos de los reproductores nacidos un año determinado para cada vía de selección ( $G_{PS}$ ,  $G_{MS}$ ,  $G_{PO}$  y  $G_{MO}$ ) sobre la unidad de tiempo (T), que fue tomada como el año de nacimiento del reproductor ( $b_{G_{PS}T}$ ,  $b_{G_{PO}T}$ ,  $b_{G_{MS}T}$ ,  $b_{G_{MO}T}$ ). En ocasiones, la tendencia genética se expresa como porcentaje de la media fenotípica y de la desviación típica aditiva.

De la misma forma es posible calcular la tendencia genética de un grupo determinado de animales, calculando el coeficiente de regresión lineal de la media de los valores genéticos predichos de los animales nacidos cada año en ese grupo sobre la unidad de tiempo. Así es interesante averiguar la tendencia genética de los sementales disponibles y de las ovejas elegidas como madres disponibles, así como la de las ovejas con padre conocido frente a las de padres desconocidos.

La tendencia genética anual de toda la población se puede calcular de dos formas equivalentes:

a) Mediante el coeficiente de regresión del valor genético medio de todas las ovejas nacidas cada año sobre la unidad de tiempo

(T) ( $b_{G_{OT}}$ ), tomado T como año de nacimiento de reproductor.

b) Mediante la fórmula sugerida por Rendel y Robertson (1950):

$$\Delta g = \frac{\Delta G_{PS} + \Delta G_{PO} + \Delta G_{MS} + \Delta G_{MO}}{L_{PS} + L_{PO} + L_{MS} + L_{MO}}$$

$$= \frac{\sum \Delta G}{\sum L}$$

o lo que es lo mismo:

$$\Delta g = \frac{b_{G_{PS}T} \cdot L_{PS} + b_{G_{PO}T} \cdot L_{PO} + b_{G_{MS}T} \cdot L_{MS} + b_{G_{MO}T} \cdot L_{MO}}{L_{PS} + L_{PO} + L_{MS} + L_{MO}}$$

Esta última forma presenta la ventaja de poder descomponer la tendencia genética total en partes atribuibles a cada vía de selección, mediante las expresiones:

$$\Delta g_{PS} = \frac{b_{G_{PS}T} \cdot L_{PS}}{\sum L}; \Delta g_{PO} = \frac{b_{G_{PO}T} \cdot L_{PO}}{\sum L}$$

$$\Delta g_{MS} = \frac{b_{G_{MS}T} \cdot L_{MS}}{\sum L}; \Delta g_{MO} = \frac{b_{G_{MO}T} \cdot L_{MO}}{\sum L}$$

Todos los resultados obtenidos por estas expresiones serían aproximados ya que su exactitud es progresiva de forma asintótica con las generaciones.

Existen otros métodos más precisos y adaptables a situaciones particulares como el propuesto por ELSEN (1993), pero que requiere un mayor esfuerzo de cálculo.

Debido a que muchos reproductores de las vías de selección (abuelos) no tienen año de nacimiento, se estimó dicho año por dos procedimientos:

a) Calculando la media del año de nacimiento de sus hijos y trayendo el intervalo generacional de dicha vía.



b) Detrayendo el intervalo generacional de la vía del año de nacimiento del hijo más joven

La información utilizada en cada una de las vías de selección se presenta separadamente:

Vía padre de sementales (PS):

Número de ovejas con padres	25.033
Número de sementales diferentes	733
Número de sementales con padres (abuelos)	476
Número de abuelos paternos diferentes	179
Número medio de hijas por semental	34,154
Número medio de sementales por abuelo paterno	2,173
Mayor número de sementales por abuelo paterno	24
De los 179 abuelos solo 69 tienen año de nacimiento	(38,5%).

Vía padre de ovejas reproductoras (PO)

Número de ovejas con madres conocidas	72.314
Número de madres diferentes	41.420
Número de madres con padres (abuelos)	5405
Número de abuelos maternos diferentes	455
Número medio de ovejas por madres	1,745
Número medio de madres por abuelo paterno	9,822
Mayor número de madres por abuelo paterno	173
De los 455 abuelos maternos, 342 tienen año de nacimiento	(75,1%)

Vía madre de sementales (MS)

Número de sementales con madres (abuelas)	480
Número de madres de sementales diferentes	411

Número medio de sementales por abuela materna	1,116
Mayor número de sementales por abuela materna	3
De las 411 abuelas diferentes, 357 tiene año de nacimiento	(86,8%)

Vía madres de ovejas reproductoras (MO)

Número de ovejas con madres (abuelas)	21.652
Número de abuelas maternas diferentes	14.886
Número medio de ovejas por abuela materna	1,388
Número máximo de ovejas por abuela materna	9
De las 14886 abuelas diferentes, 11091 tienen año de nacimiento	(74,5%)

## Resultados y discusión

En la figura 1 se presenta la tendencia genética estimada de la población de rebaños conectados. Su valor es  $b_{G_{OT}}=0,818 \pm 0,057$  litros por año (l/a), lo que supone un incremento genético anual de un 0,84% de la media fenotípica ( $\mu_p=97,46$  l.) y un 5,13% de la desviación típica aditiva ( $\sigma_A=15,94$  l.). Es claramente distinto de cero y pone en evidencia que el programa de selección genética de esta raza es eficiente en modificar el valor genético medio de la población. No obstante, es inferior al valor señalado en otras razas españolas, como la raza Latxa (2,97 l/a) (Legarra et al., 2003), que supone un 2,52%. En el caso de la raza Churra este sería de 0,96 l/a (De la fuente, 2005, (Comunicación personal)).

En la figura 2 se presenta la tendencia genética de las ovejas con padre conocido ( $1,470 \pm 0,079$ ) y desconocido ( $0,395 \pm 0,043$ ).

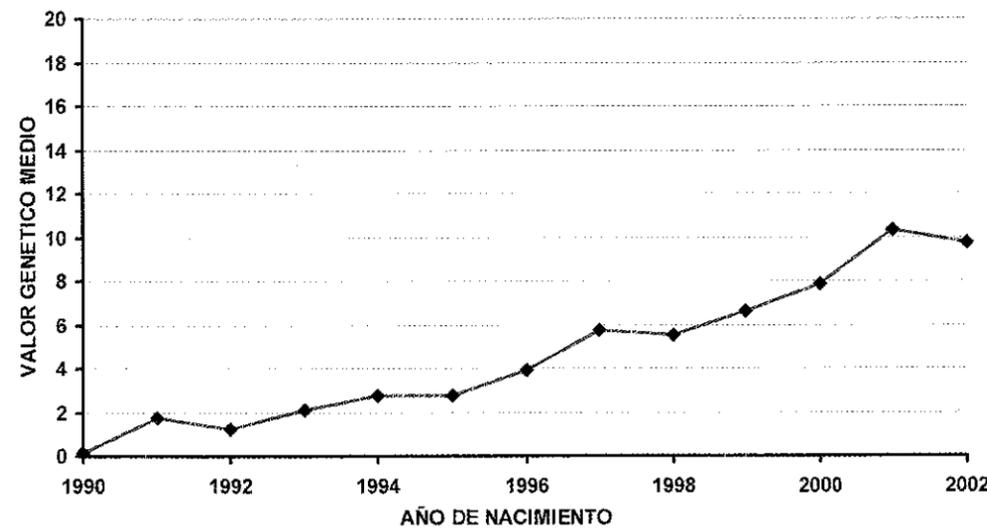


Figura 1. Tendencia genética de la raza ovina Manchega. Media de los valores aditivos estimados por año de nacimiento de las ovejas de rebaños conectados.

Figure 1. Genetic trend in Manchega breed. Average estimated breeding values of ewes born in each year in connected flocks.

Es bien claro que gran parte de la mejora genética de la raza viene dada por las ovejas hijas de machos conocidos, y que en su inmensa mayoría proceden del CERSYRA y han tenido hijas en los rebaños mediante IA. Se podría argumentar que la metodología BLUP altera el valor de las predicciones genéticas de los animales cuando se desconoce su genealogía, haciendo que éstas tiendan a cero. No obstante la mayor parte de las ovejas tienen información propia de varias lactaciones y en muchos casos se conoce la madre, lo cual puede hacer que esta propiedad de la metodología no modifique sustancialmente la conclusión anterior. Además la diferencia entre los valores de ambas tendencias es estadísticamente diferente de cero.

En la figura 3 se han añadido a las líneas correspondientes a las tendencias genética de hijas con padres conocidos y desconocidos, la de la tendencia general de la población y la de la tendencia genética de los

sementales disponibles ( $1,746 \pm 0,285$ ) y de madres de ovejas disponibles ( $0,905 \pm 0,086$ ) en cada año. Se observa que la línea correspondiente a hijas de progenitores conocidos transcurre entre la de sementales y la de ovejas madres, cosa por demás lógica, pero que pone en evidencia que el bajo valor de la tendencia general de la población es en gran parte atribuible a los animales de genealogía desconocida.

Aunque el valor de la tendencia genética de animales con padres conocidos (1,470) es superior a la de la población (0.818), tan solo supone un 1,5% de  $\mu_p$  (9,22% de  $\sigma_A$ ), lejos de los valores de otras razas. Luego no deben ser solo los animales de genealogía desconocida los responsables del bajo nivel de respuesta genética de la raza. La explicación viene dada por los padres y madres de los sementales y de las ovejas. A continuación se analizan las cuatro vías de selección para los animales de genealogía conocida.

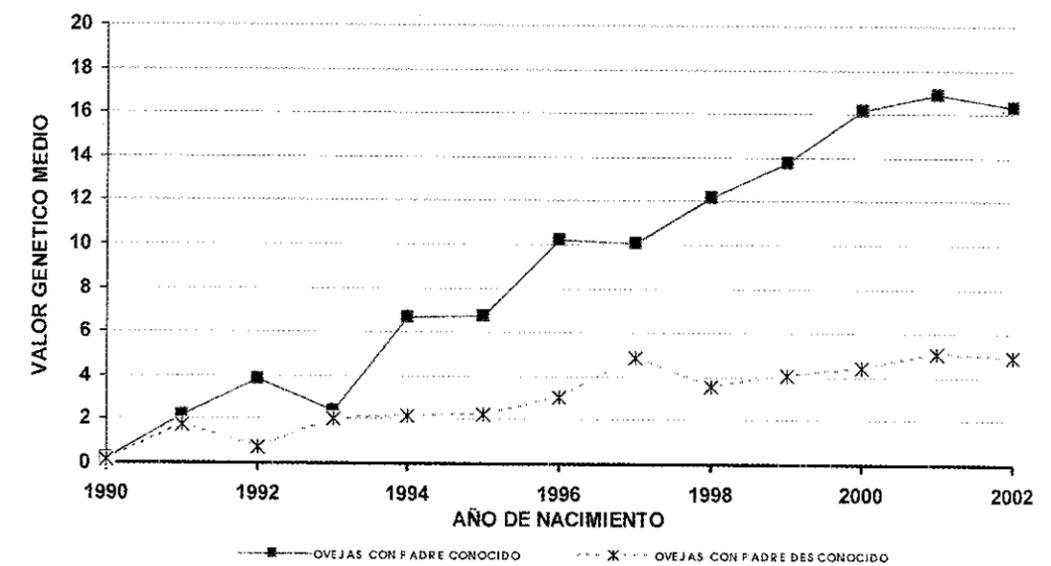


Figura 2. Tendencia genética de la raza ovina Manchega. Media de los valores aditivos estimados por año de nacimiento de las ovejas con padre conocido ó desconocido.

Figure 2. Genetic trend in Manchega breed. Average estimated breeding values of ewes born in each year with sires known or unknown.

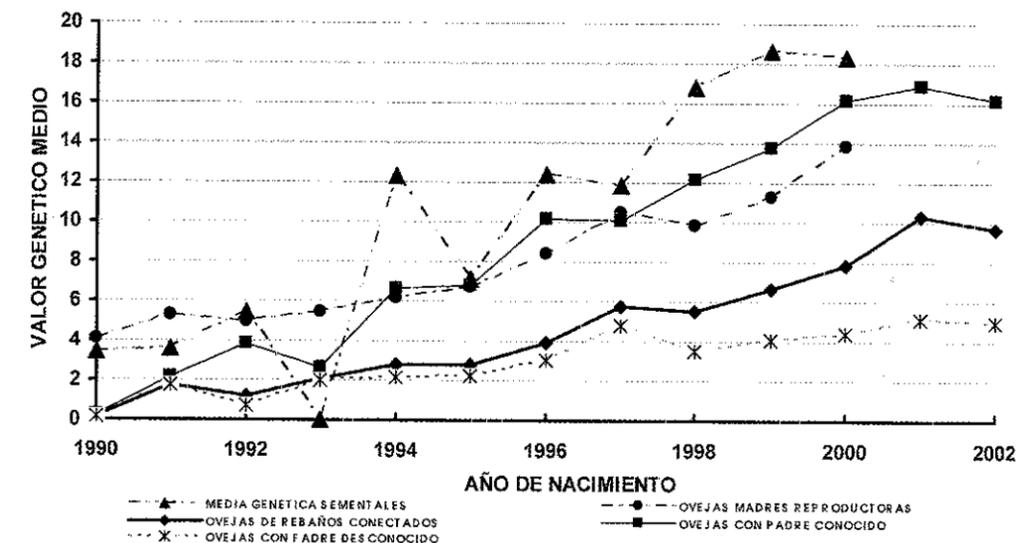


Figura 3. Tendencia genética de la raza ovina Manchega. Media genética anual de las ovejas de rebaños conectados, con ambos progenitores conocidos y desconocidos, así como de los sementales y madres reproductoras.

Figure 3. Genetic trend in Manchega breed. Average estimated breeding values of ewes born in each year in connected flocks, with both parents known and unknown, rams and dams.

## Vía padres de sementales (PS)

En la figura 4 se presentan las medias genéticas anuales de los padres de sementales disponibles cada año y los realmente usados.

Los valores de sus tendencias ( $0,333 \pm 1,163$  y  $-0,207 \pm 1,795$ ) no son diferentes de cero. Además de la nula tendencia genética se observa una gran irregularidad en el valor genético medio de los mismos.

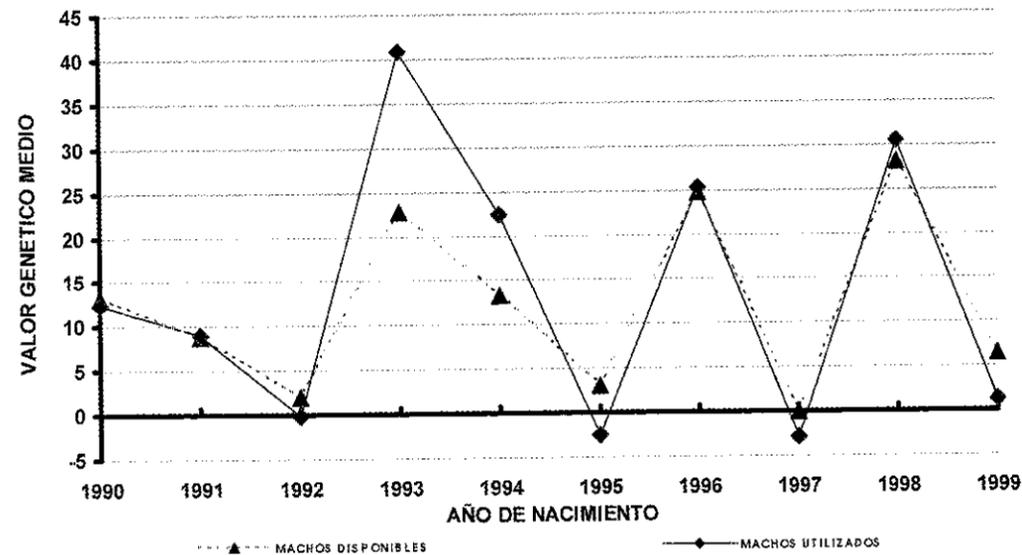


Figura 4 Tendencia genética de la raza ovina Manchega. Vía padres de sementales. Medias genéticas por año de nacimiento de los sementales padres de machos usados y disponibles (ponderadas y no ponderadas por el número de hijos).

Figure 4. Genetic trend in Manchega breed. Selection path sires of rams. Average estimated breeding values of sires of rams born in each year, actually used and potentially available (weighted and unweighted by number of sons).

Los padres de los sementales, según el funcionamiento del esquema de selección, son aportados por los ganaderos. En los primeros años del esquema está claro que los machos ingresados al CERSYRA no eran de una calidad genética elevada, debido a las reservas de algunos ganaderos ante unas técnicas nuevas para ellos y a que, para lograr su colaboración, no se era muy estricto respecto a la genealogía de estos machos (en muchos casos desconocida). Por otra parte solamente se conoce el año de

nacimiento del 38% de estos lo que contribuye a la imprecisión de los resultados. En la figura 3 se observa que el valor genético medio de los sementales en los años 90 al 93 era próximo a cero y se produjo un crecimiento continuo en años posteriores, lo cual debe ser atribuido a las madres de dichos sementales, como se ve más adelante. En la actualidad el criterio para elegir los candidatos a futuros sementales es exigir un alto índice de pedigrí. Si el padre es de monta natural se exige que la abuela

paterna pertenezca al 5% superior de las hembras.

## Vía madres de sementales (MS)

En la figura 5 se presentan las medias genéticas anuales de los ovejas disponibles y usadas y que fueron madres de sementales. Los respectivos valores de las tendencias son  $1,683 \pm 0,425$  y  $1,652 \pm 0,387$  y sus valores

medios de  $+25,87$  y  $+25,92$ . Está claro que, así como los ganaderos no pudieron aportar sementales con padres de calidad, si pudieron hacerlo con sus madres, (en la mayor parte de los casos la genealogía materna era conocida y se tenía más información de las mismas). Esto explica que en el CIA se testaran a la postre, machos con un valor genético medio no muy bajo. En aquellos años iniciales la vía "padre de sementales" no fue bien utilizada.

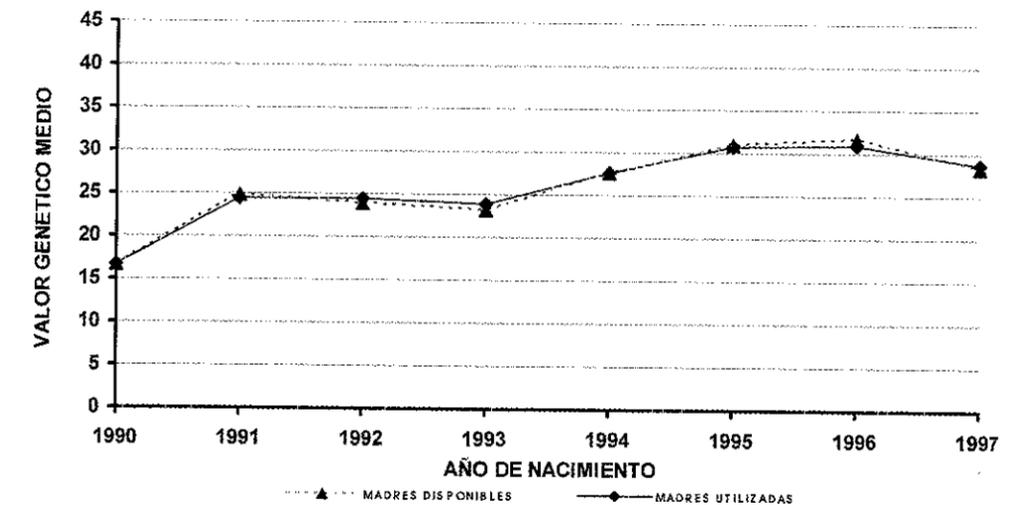


Figura 5 Tendencia genética de la raza Manchega. Vía madres de sementales. Medias genéticas por año de nacimiento de las madres de los sementales usados disponibles (ponderadas y no ponderadas por el número de hijos).

Figure 5. Genetic trend in Manchega breed. Selection path dams of rams. Average estimated breeding values of dams of rams born in each year, actually used and potentially available (weighted and unweighted by number of sons).

## Vía padres de ovejas reproductoras (PO)

En la figura 6 figuran las medias genéticas anuales de los machos disponibles y realmente usados y que son machos que los ganaderos utilizan en sus rebaños para la reposición. Los valores de sus tendencias

genéticas son  $1,754 \pm 0,355$  y  $0,539 \pm 0,593$ . Aquí se pone de manifiesto que los ganaderos usaron los mejores machos con preferencia a los menos buenos durante los primeros años y posteriormente usan todos por igual. La razón puede ser que al principio se pusieron a testar machos de muy

diferentes calidades genéticas, utilizándose posteriormente solo los declarados mejorantes. En años posteriores entraron al testaje machos de más calidad (hijos de mejorantes) y se declararon mejorantes la mayoría, usándose indistintamente. Debe

tenerse en cuenta que estos machos son todos de IA y por eso se conoce su genealogía y no debe olvidarse que la mayoría de los machos en los rebaños son de monta natural y por consiguiente sus genealogías y valores genéticos son desconocidos.

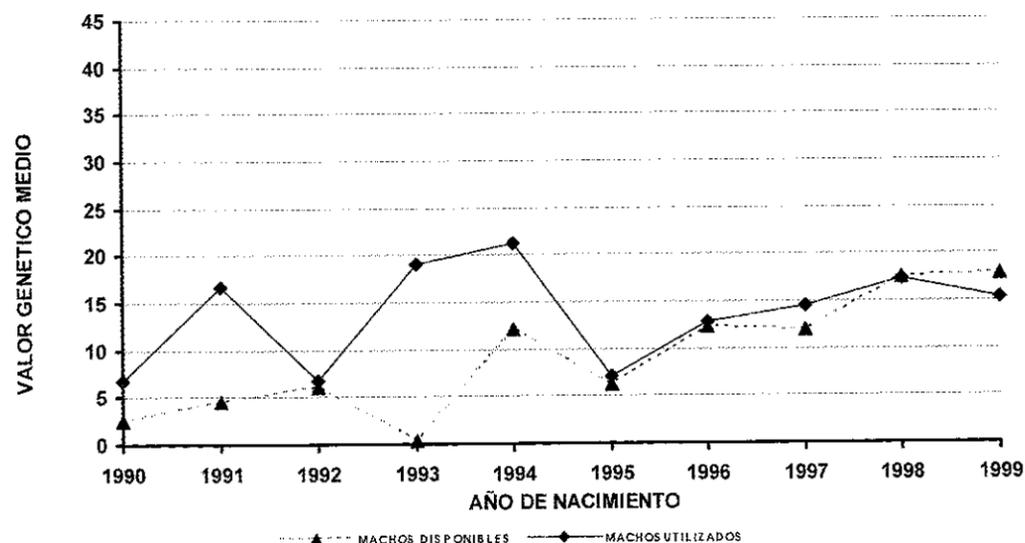


Figura 6. Tendencia genética de la raza Manchega. Vía padres de ovejas reproductoras. Media genética por año de nacimiento de los padres de ovejas las ovejas reproductoras usadas y disponibles (ponderadas y no ponderadas por el número de hijos)

Figure 6. Genetic trend in Manchega breed. Selection path sires of ewes. Average estimated breeding values of sires of dams born in each year, actually used and potentially available (weighted and unweighted by the number of sons).

Vía madres de ovejas reproductoras (MO)

En la figura 7 se presentan las medias genéticas anuales de las madres de las ovejas dejadas como reposición por los ganaderos tanto disponibles como realmente usadas. Los valores de las tendencias son  $0,898 \pm 0,123$  y  $0,751 \pm 0,125$ . Estas gráficas parecen indicar que los ganaderos están usando progresivamente hembras de más calidad genética

como madres del recrió, como consecuencia, seguramente, de la utilización de la documentación que el esquema les proporciona sobre sus animales. También se puede deducir que utilizan las hembras de calidad superior con más intensidad que las de calidad inferior

En la tabla 1 se presentan los intervalos generacionales estimados para cada una de las cuatro vías.

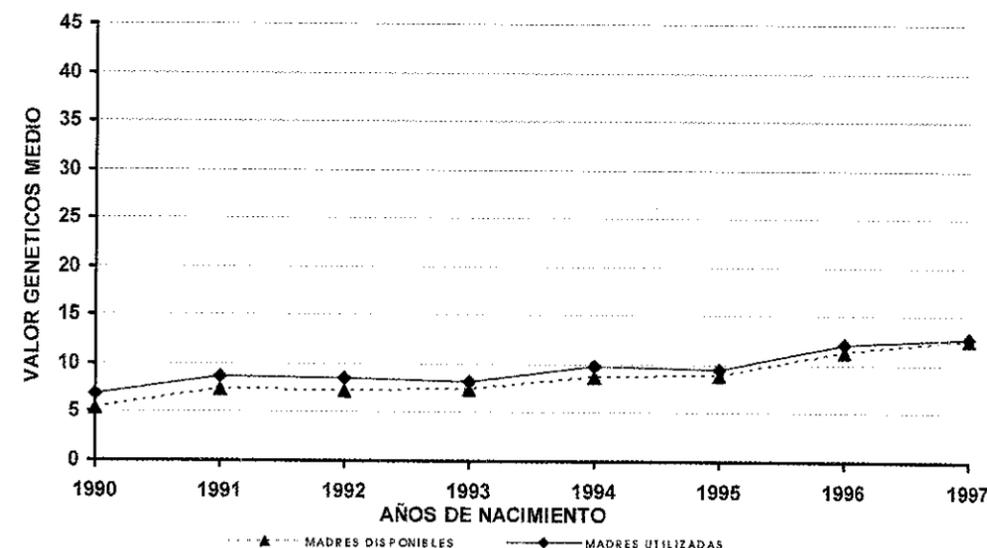


Figura 7. Tendencia genética de la raza Manchega. Vía madres de ovejas reproductoras. Media genética por año de nacimiento de las madres de las ovejas reproductoras usadas y disponibles (ponderadas y no ponderadas por el número de hijos).

Figure 7. Genetic trend in Manchega breed. Selection path dams of ewes. Average estimated breeding values of dams of dams born in each year, actually used and potentially available (weighted and unweighted by the number of sons)

Tabla 1. Intervalo generacional estimado para las cuatro vías de selección  
Table 1. Estimated generational intervals for the four paths of selection

Vía de selección	Intervalo generacional
Vía padre de sementales	4,429 años
Vía madres de sementales	4,406 años
Vía padres de ovejas	3,428 años
Vía madres de ovejas	3,639 años

En la tabla 2 se presentan las tendencias genéticas de cada vía de selección para los animales disponible y realmente usados, referidas a:

• Sólo los animales con año de nacimiento (Casos (1) y (2))

- Años de nacimientos faltantes estimados según el del hijo más joven. (Casos (3) y (4))
- Años de nacimientos faltantes estimados según la media del de los hijos (Casos (5) y (6))

Tabla 2. Progreso genético total de la población  
Table 2. Genetic progress in whole population

Tendencia vía de selección	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)
Vía padre de sementales ( $\Delta g_{PS}$ )	0,377	-0,207	0,870	0,021	0,856	-0,008
Vía madres de sementales ( $\Delta g_{MS}$ )	1,683	1,652	1,724	1,690	1,724	1,690
Vía padres de ovejas ( $\Delta g_{PO}$ )	1,755	0,539	1,731	0,357	1,811	0,578
Vía madres de ovejas ( $\Delta g_{MO}$ )	0,899	0,751	0,995	0,844	0,998	0,849
<b>Progreso genético anual (<math>\Delta g</math>)</b>	<b>1,161</b>	<b>0,696</b>	<b>1,325</b>	<b>0,750</b>	<b>1,339</b>	<b>0,792</b>

Porcentaje de cada vía	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)
Vía padre de sementales	8,76%	-8,11%	17,89%	0,78%	17,42%	-0,30%
Vía madres de sementales	40,51%	66,34%	36,37%	62,92%	35,97%	59,64%
Vía padres de ovejas	32,86%	16,84%	28,40%	10,35%	29,40%	15,89%
Vía madres de ovejas	17,87%	24,92%	17,34%	25,95%	17,21%	24,76%

(1) Animales disponibles con año de nacimiento; (2) Animales usados con año de nacimiento; (3) Animales disponibles con año de nac. estimado por el año de nac. del hijo más joven; (4) animales usados con año de nac. estimado por el año de nac. del hijo más joven; (5) Animales disponibles con año de nac. estimados por el año de nac. medio de los hijos; (6) Animales usados con año de nac. estimado por el año de nac. medio de los hijos

Los casos (1) y (2) ya han sido comentados. Se puede observar que las tendencias genéticas (por las cuatro vías, y el  $\Delta g$ ), tanto de los reproductores disponibles como los usados, aumentan cuando se estiman los años de nacimiento faltantes, bien mediante el año de nacimiento del hijo más joven o por el valor medio de los años de nacimiento de todos los hijos. El valor que más se aproxima a la tendencia estimada ( $b_{GOT}=0,818$ ) es la obtenida en el caso (6) ( $\Delta g=0,792$ ) y que fue calculada utilizando los reproductores usados y los años de nacimientos faltantes estimados por las medias de sus hijos.

Los porcentajes del progreso genético total ( $\Delta g$ ) atribuibles a cada vía difieren según se consideren los casos con reproductores disponibles y usados. En el primer caso la vía PS es responsable de entre un 8 y un 18% del progreso genético total mientras que las otras vías son responsa-

bles de entre un 36 y 40% en la vía MS, entre 30 y 32 % en la vía PO y de un 17% en la vía MO. Si consideramos los casos en los que se utilizaron los reproductores usados, la vía PS no supone ninguna ayuda a la selección (incluso la retrasa), la vía MS es responsable de un 60% aproximadamente, la vía PO de entre un 10 y un 15% y por último la vía MO de un 25%. Siendo estos últimos casos los que más se aproximan a la tendencia estimada ( $b_{GOT}=0,818$ ), pueden ser considerados como los verdaderos porcentajes de la mejora genética atribuibles a cada vía. En la tabla 3 comparamos estos porcentajes con los de otras razas y especies.

En la tabla 3 destaca el hecho de que la raza Manchega no ha utilizado en los primeros años del esquema la vía "Padre de sementales" en su programa de Mejora Genética, lo cual contrasta con el uso que le dan otras razas en la que se constituye

como la principal vía de mejora. El valor genético de los sementales puestos al testaje procede exclusivamente de las madres de los sementales. Este es muy elevado (figura 5) y su valor genético medio es de +25,9, lo cual conduce a que los sementales puestos al testaje en el CERSYRA de Valdepeñas en los años 1999-2000 tengan un

valor genético medio de +18,6. No obstante su calidad podría ser superior si los padres de los sementales tuvieran un mayor valor genético medio. Esta circunstancia ya se está produciendo pues los ganaderos están ofertando al CIA machos jóvenes cuyos padres son, en muchos casos, los machos mejorantes allí detectados.

Tabla 3. Importancia relativa de las diferentes vías de progreso genético para varias razas de ovino de leche y del vacuno de leche

Table 3. Relative importance of each selection paths of genetic gain in different dairy species and breeds

Vías de selección	Manchega	Latxa*	Lacaune**	Vacuno lechero***
Vía padre de sementales	0%	40%	31%	43%
Vía madres de sementales	59%	39%	39%	33%
Vía padres de ovejas (vacas)	16%	11%	17%	18%
Vía madres de ovejas (vacas)	25%	11%	13%	6%

\*Legarra et al., 2003.

\*\*Barillet F. 1990

\*\*\*Groen Ab F. 1990

La importancia relativa de las vías de mejora en lo que concierne a los ganaderos, o sea los padres y madres de ovejas productoras, es de un orden semejante al de otras razas, aunque predominan las madres sobre los sementales (seguramente porque estos son en su mayoría de monta natural y de valor genético no contrastado).

### Conclusiones

Las conclusiones que se pueden extraer de este trabajo son las siguientes:

1. El esquema de selección genética de la raza ovina manchega presenta una tendencia genética estimada en 0,818 litros/año (0,84% de la media fenotípica y un 5,13%

de la desviación típica aditiva). Es apreciable pero baja en comparación con otras razas ovinas lecheras.

2. La mayor parte de esta tendencia es atribuible a las ovejas con padre conocido, que en su inmensa mayoría son los machos declarados mejorantes en el CERSYRA de Valdepeñas. La baja tendencia genética general es debida en su mayor parte a los animales de genealogía desconocida.

3. No obstante lo anterior, la tendencia genética de las ovejas con padre conocido es de sólo 1,470 litros/año (1,5% de  $\mu_p$  y un 9,22% de  $\sigma_A$ ). Es aún baja en relación a otras razas.

4. De las cuatro vías de selección, la de "padre de sementales" presenta valores de la tendencia genética muy bajos o negati-

vos. Esto indica que dicha vía no es utilizada de forma adecuada en el esquema de selección. No obstante los sementales testados en el CIA presentan valores y tendencia positivos, debido a la alta calidad de sus madres.

5. Los reproductores utilizados por los ganaderos (machos de monta natural y ovejas reproductoras en los rebaños) para obtener el recio son de alto valor genético y contribuyen al progreso genético de la raza en proporciones parecidas a las de otras razas.

6. En los últimos años los animales testados en el CIA son de mucha más calidad que en años precedentes, lo que indica que se está utilizando progresivamente padres de sementales de mayor valor genético.

### Agradecimiento

Los autores agradecen a J.P. Smulders su ayuda para contrastar los resultados de los programas informáticos utilizados en este trabajo.

### Bibliografía

- Barillet, F, 1990. Amélioration génétique des brebis laitières. Seminario avanzado sobre mejora de la calidad de la producción de leche. CIHEAM-IAMZ, Zaragoza.
- Dickerson GE, Hazel LN, 1950. Effectiveness of selection on progeny performance as a supplement to earlier culling in livestock. *J. Agric. Res.* 69: 459.
- Elsen, JM, 1993. Prediction of annual genetic gain and improvement las between populations. *Genet Sel Evol.* 25, 75: 82.
- Groen AbF, 1990. Influences of production circumstances on the economic revenue of cattle breeding programmes, *Anim. Prod.*, 51, 469:480.
- Jiménez MA, Jurado JJ, 2005a. La raza Assaf española en la provincia de León. ITEA. (Aceptada para publicación).
- Jiménez MA, Jurado JJ, 2005b. Esquema de selección de la raza Assaf española. ITEA. Volumen extra, nº 26 Tomo 1, 99: 101.
- Jurado JJ, 1994. Evaluación genética de reproductores en ganado ovino de raza Manchega. *Ganado Ovino. Raza Manchega*, 369: 387. Ediciones Mundi-Prensa.
- Jurado JJ, Serrano M, 1997. Situación actual de la mejora genética en ovino de leche: Aspectos clave 241: 254. Ediciones Mundi-Prensa.
- Legarra A, Ugarte E, Arrese F, 2003. Análisis del progreso genético en el esquema de mejora de la raza Latxa. ITEA, vol. 99A, nº 3, 192: 202.
- Merino L, Olmedo JA, 1991. Mejora genética del ganado ovino de raza Churra. Hojas divulgadoras Num 20/90 HD. Ministerio de Agricultura Pesca y Alimentación
- Montoso V, Pérez-Guzmán MD, Jurado JJ, Gallejo R, Garcia-Cervigon M, Aguado MJ, Garde JJ, 1996. La selección de la raza Ovina Manchega. *Investigación Agraria en Castilla-La Mancha*, 9.
- Pérez-Guzman, MD, Serrano M, Montoro V, Jurado JJ, 1997. Estima de la tendencia genética de la raza Manchega, incluyendo grupos genéticos. ITEA, Volumen extra, nº 18, Tomo 1, 304: 396
- Rendel JM, Robertson, 1950. Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a close herd of dairy cattle. *J. Genet.* 50: 1.
- Serrano M, Pérez-Guzmán, MD, MontoroV, Jurado JJ, 1996. Genetic parameters estimation and selection progress for milk yield in Manchega sheep. *Small Rumin Res.* 23, 51-57.
- Van Taseel TC, Van Vleck LD, 1990. Estimates of genetic selection differentials and generation for four paths of selección. *J. Dairy Sc.* 74: 1078-1086.

(Aceptado para publicación el 7 de junio de 2005).