

Estudio sobre la calidad de los registros genealógicos de la raza Assaf en España

M.A. Jiménez y J.J. Jurado

Departamento de Mejora Genética Animal. INIA. Ctra. de La Coruña, Km. 7,5. 28040 Madrid

Resumen

Se ha analizado la calidad de los registros genealógicos y la evolución que ha experimentado el programa de selección de la raza Assaf con la incorporación de las técnicas de ADN y la asignación de parentescos empleando datos de la valoración genética correspondiente al año 2013. Se ha usado la fecha de nacimiento, sexo, y genealogía conocida incluida en la base de datos de la raza (335.302 animales registrados). También se han utilizado los datos de microsatélites para contrastar las asignaciones de paternidad de los registros genealógicos originales. Finalmente, se han analizado los resultados obtenidos en la valoración genética (metodología BLUP) para el carácter producción de leche tipificada a 150 días de tres situaciones diferentes (paternidades procedentes, exclusivamente, de los machos de Inseminación Artificial, paternidad procedente de los machos de Inseminación y de los certificados por ADN, y genealogía certificada solo por ADN). Los resultados muestran que se ha producido una evolución ascendente del número de animales con genealogía conocida y certificada por ADN (más del 90% de los padres y en torno al 50% de las madres declaradas). Cuando se ha utilizado la genealogía certificada por ADN se ha valorado un mayor número de animales, y se ha incrementado la fiabilidad con que se han estimado los valores genéticos. En esta raza, la asignación de parentescos por ADN ha propiciado la existencia de un Libro Genealógico más completo y fiable desde un punto de vista genético.

Palabras clave: Ovino de leche, asignación de parentescos, ADN, Libro Genealógico.

Abstract

Study of quality of pedigree from Assaf breed in Spain

Data from the genetic evaluation of the Assaf breed in Spain corresponding to year 2013 have been used to analyze the quality of genealogical records and the program selection evolution with the addition of DNA techniques and assignment of relationships. Data of the date of birth, sex and known pedigree included in the historic data breed (335.302 animals registered) has been used as well as microsatellite data to test paternity assignments of original genealogical records. Finally, the results of genetic evaluation (BLUP methodology) from the value of 150d standardized milk yield in three different situations have been analyzed (paternity from only Artificial Insemination rams, paternity from Artificial Insemination and DNA certified rams, and paternity from only DNA certified pedigree). The results showed an increase in the number of animals with known and DNA certified parents (over 90% of sires and around 50% of dams registered). When certified DNA genealogy was used a large number of animals have been evaluated and the reliability of estimated breeding values has increased. In this breed, the DNA assignment of parental relationship has led to obtain a more complete and reliable herdbook from a genetic point of view.

Key words: Dairy sheep, assignment of parental relationship, DNA, herdbook.

* Autor para correspondencia: hernando@inia.es

<http://dx.doi.org/10.12706/itea.2015.016>

Introducción

Un libro genealógico en razas de animales domésticos permite asegurar y certificar la pertenencia de animales a una raza determinada. Es un instrumento mediante el cual se pretende conservar, a lo largo del tiempo, una serie de características morfológicas concretas y garantizar el cumplimiento del prototipo racial al que pertenecen. La "carta genealógica" emitida certifica que un animal es de una raza determinada y esto tiene un indudable valor económico. La veracidad y el rigor de las genealogías mantenidas por el libro genealógico, es pues, esencial para la existencia de una raza.

El 22 de marzo de 2005 se aprueba el Reglamento del libro genealógico de la raza ovina Assaf en España. En el año 2006 se abre el libro genealógico, sección fundacional, y se registran los efectivos de los rebaños que lo solicitan. Posteriormente, el 14 de julio de 2010 se aprueba la nueva reglamentación específica del libro genealógico de la raza (RD 2129/2008, de 26 de diciembre). La Asociación Nacional de Criadores de ganado ovino de raza Assaf (ASSAF.E) es la entidad reconocida por el Ministerio de Agricultura para la gestión de dicho libro.

La raza Assaf tiene un programa de selección basado en el incremento de la producción de leche y mejora de la calidad de la misma (MARM, 2011a). Este programa utiliza la valoración genética de los animales sometidos a control lechero y la información genealógica disponible para llevar a cabo la selección. La metodología empleada es la conocida como BLUP modelo animal con medidas repetidas (Jurado *et al.*, 1991), donde se asumen conocidas, sin error, las producciones de los animales, la genealogía completa y los parámetros genéticos. Cualquier error, tanto en el control de producciones como en los registros genealógicos, se traduce en un error en la valoración genética de los animales, y en última

instancia, en su selección como reproductor de la siguiente generación. La genealogía empleada en este proceso incluye todos los registros genealógicos acumulados a lo largo de los años en la base de datos de la asociación, parte de los cuales (191.257 animales según datos del año 2013) están registrados en el libro genealógico de la raza.

Tradicionalmente se ha asegurado la paternidad de un animal a través de las montas dirigidas y se ha identificado a las madres a través de los partes de nacimiento de los ganaderos. Con el uso de la inseminación artificial (IA) mejora el control de la paternidad ya que se inseminan hembras con dosis de un único macho. Sin embargo, ambos procedimientos no están exentos de errores. En los últimos años se han desarrollado metodologías relacionadas con la genética molecular y se han empleado marcadores genéticos tipo microsatélite que permiten la asignación de parentescos con un alto porcentaje de seguridad, mediante un análisis rápido y empleando poca cantidad de material biológico (Bouzada *et al.*, 2006; Lozano *et al.*, 2008). Gracias a estas nuevas técnicas, los libros genealógicos han ganado en fiabilidad a la vez que se ha facilitado la labor de las explotaciones al no necesitar hacer lotes de cubrición (Jurado *et al.*, 2013).

En la actualidad, ASSAF.E mantiene un convenio de colaboración con el Laboratorio de Genética Molecular de Xenética Fontao para la asignación/exclusión de parentesco de animales inscritos en el libro genealógico de la raza. Estas pruebas de certificación se basan en el análisis de marcadores de ADN (microsatélites) seleccionados de la lista de marcadores propuesta por la ISAG (Sociedad Internacional para la Genética Animal) y la FAO para la caracterización genética en la especie ovina. En un principio, la asignación de parentescos surgió como consecuencia de los errores encontrados al realizar pruebas de filiación a los machos que entraban nuevos en el centro de IA. Según la normativa actual

de la Asociación, es obligatorio hacer pruebas de parentesco al 100% de los animales de la explotación para todo socio que entra nuevo en el programa de selección, y a toda la reposición para el resto de las explotaciones. Aunque inicialmente estos análisis han sido subvencionados en gran medida a través de distintas ayudas oficiales, hoy en día es el propio ganadero el que asume el total de los costes. En otras razas ovinas lecheras españolas (Churra, Latxa y Manchega) también se considera la comprobación de la filiación a través del uso de marcadores genéticos, como mínimo de los machos que se incorporan a los centros de selección, y en algunos casos, de un porcentaje variable de las madres asignadas en los partes de nacimiento (MARM, 2010 y 2011b,c), con el objetivo final, al igual que en la raza Assaf, de garantizar la fiabilidad de los registros de sus libros genealógicos. Según los resultados publicados en el año 2013 en la raza Manchega (AGRAMA, 2013), las pruebas de filiación se han incrementado en los últimos años a pesar del coste económico que supone para el ganadero, repercutiendo de forma positiva en el progreso genético obtenido.

El objetivo de este trabajo es analizar la calidad de los registros genealógicos empleados en la valoración genética de la raza Assaf, y la evolución que ha experimentado el programa de selección con la incorporación de las técnicas de ADN y la asignación de parentescos. Una cuestión importante a considerar en los programas de selección genética de las razas de ganado ovino y caprino es la posibilidad de disponer de un sistema preciso de identificación de animales así como de una correcta asignación de relaciones de parentesco, dado el habitual sistema de manejo practicado en estas especies (en las explotaciones todavía es común el uso de montas naturales no controladas).

Material y métodos

Para realizar este estudio se han utilizado los datos registrados en la base de datos de la raza acumulados hasta la primera mitad del año 2013 (355.302 animales registrados, pertenecientes a 218 rebaños distintos y años de nacimiento comprendidos entre los años 1990 y 2013). Es la información genealógica utilizada para la elaboración del 6º Catálogo Nacional de reproductores de la raza, publicado en septiembre de 2013 (Jurado y Jiménez, 2013b).

Se ha usado la información de la fecha de nacimiento, genealogía (padre y/o madre conocida y/o certificada por ADN), sexo, y datos de un total de 19 microsatélites por individuo (datos proporcionados por Xenética Fontao, correspondientes a 168.223 animales). Los registros genealógicos se basan, inicialmente, en la información materna y paterna de los corderos nacidos en cada paridera. Posteriormente, y tras los análisis de ADN, se certifica la paternidad/maternidad de los animales distinguiendo entre animales con padre y/o madre certificada, y animales con genealogía no certificada. Con esta información, se ha calculado el porcentaje de padres y madres conocidos (distinguiendo entre genealogía certificada por ADN o no), así como su evolución en función del año de nacimiento de los animales.

Con el fin de contrastar las asignaciones de paternidad de los registros genealógicos originales, se han elaborado unos programas informáticos denominados genéricamente EXCLUSION¹. A partir de los microsatélites de cada animal y los de los padres/madres declarados, se realiza una comparación individuo a individuo. Se consideran dos tipos de comparación: simple, donde se comprueba si un macho/hembra propuesto como progenitor es compatible con los microsatélites del

1. Estos programas están disponibles previa petición a los autores.

individuo; doble, donde se comprueba si un macho y una hembra propuestos como padres de un individuo son compatibles por sus microsátelites. Los parámetros considerados en la comparación de los microsátelites han sido los siguientes: 10 alelos como número mínimo de alelos incluyentes (coincidentes), 0 alelos excluyentes (no coincidentes) y 10 alelos como máximo número de alelos no informativos. Una vez que se verifica que el padre/madre propuestos son compatibles con el individuo se certifica el parentesco. Se ha analizado la calidad de la información registrada en la base de datos de la raza, comparando la certificación original con la obtenida a través del programa EXCLUSION y se han estudiado las causas de las diferencias o errores encontrados.

Finalmente, se ha estudiado el efecto que la incorporación de la certificación por ADN de los progenitores ha tenido sobre los resultados de la valoración genética. Para ello se han considerado tres situaciones:

1. IA: Genealogía en la que solo se consideran como padres válidos los machos procedentes de la IA (asignados en función de la existencia de un intervalo de días adecuado entre la fecha de cubrición y la fecha de parto de las hembras (138-154 días)). Las madres son las declaradas por el ganadero (certificadas en algunos casos).

2. IA+ADN: Genealogía en la que se admite la paternidad que procede de los machos certificados por ADN además de la de los machos de IA (como en el caso anterior). De igual forma que en el caso 1, las madres son las declaradas por el ganadero (esta es la situación que actualmente se contempla en el programa de mejora de la raza Assaf).

3. ADN: Genealogía en la que solo se consideran válidos los padres y/o madres certificados por ADN.

En todos los casos, se ha usado el mismo número de datos productivos y el carácter valo-

rado ha sido la producción de leche tipificada en 150 días de lactación (PT150). Se ha realizado la valoración genética de los animales (metodología BLUP) en cada una de las situaciones y los resultados se han comparado en función de diversos criterios: proporción de individuos valorados genéticamente, fiabilidad o precisión con la que se estiman los valores, estima de componentes de varianza usando el programa VCE 6.0. (Neumaier y Groeneveld, 1998; Groeneveld et al., 2008) y cálculo de correlaciones estadísticas (Pearson y Spearman) entre los valores genéticos estimados y la ordenación de los animales comunes a las tres opciones analizadas.

Resultados y discusión

En la Tabla 1 se recoge la información registrada en la base de datos genealógicas de la raza Assaf (confirmada y no confirmada por ADN), y en la Figura 1 se muestra la evolución del número de animales con progenitores (padre y madre) desconocidos, conocidos y certificados por ADN en función del año de nacimiento. Del total de animales registrados hasta el momento del estudio,

Tabla 1. Información relacionada con los registros genealógicos de la raza Assaf (Genealogía confirmada y no confirmada por ADN)
Table 1. Information related to Assaf breed pedigree (Certified and not certified pedigree by DNA)

	N	%
Padre y madre desconocido	192.344	54,14
Padre y madre conocido	81.881	23,05
Padre conocido	25.169	7,08
Madre conocida	55.908	15,74

N: número de animales.

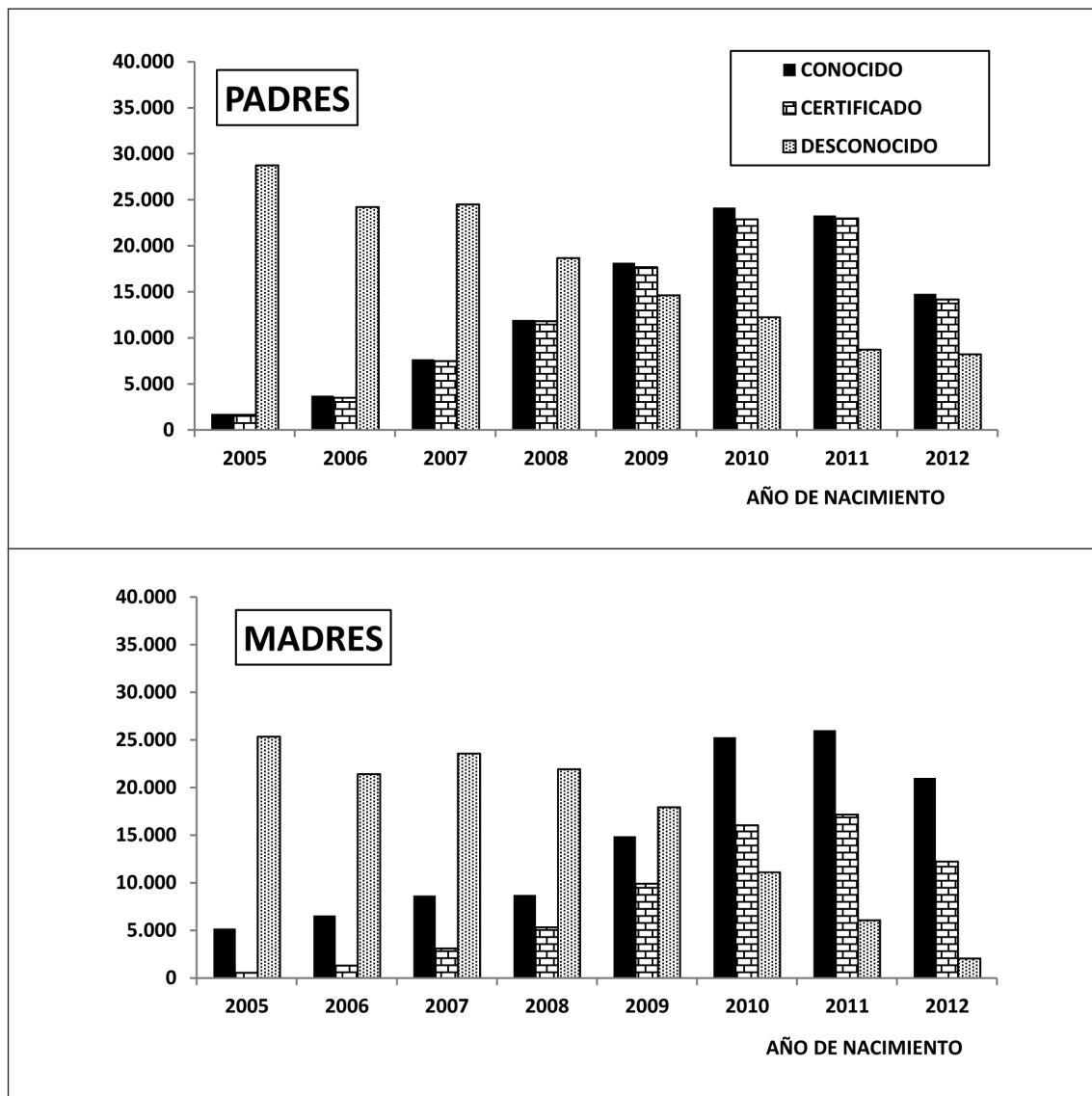


Figura 1. Evolución del número de animales con parentales conocidos y certificados por ADN.
 Figure 1. Evolution of the number of animals with known and certified DNA parents.

aproximadamente el 46% de los mismos cuentan con algún parental conocido (Tabla 1). Los datos incluyen padres y/o madres certificadas por los análisis de ADN, y parentales no confirmados, bien por tratarse de datos antiguos previos a la incorporación de las

técnicas de ADN, bien porque se trata de animales en los que no se ha podido establecer la certificación.

Tal y como se observa en la Figura 1, se ha producido una evolución ascendente, tanto a nivel padres como madres, de animales con ge-

nealogía conocida, especialmente a partir del año 2007. De igual forma, el porcentaje de parentales desconocidos ha disminuido con el año de nacimiento (36% padres y 9% madres desconocidas en el año 2012 frente a porcentajes superiores al 90% en los primeros años). Con relación a la certificación de la genealogía es destacable el hecho de que, en el caso de los padres, más del 90% de los animales cuentan con padre conocido y certificado por ADN en cada uno de los años de nacimiento estudiados. La certificación a nivel de las madres, aunque inferior comparada con los padres, evoluciona positivamente hasta alcanzar niveles próximos al 65-70% en los años finales.

Certificación de las genealogías

En la Tabla 2 se recogen los resultados observados al estudiar la asignación de parentescos original de la raza. El porcentaje de animales con genealogía conocida y certificada por ADN es alto en el caso de los padres (más del 90%) y algo inferior en el caso de las madres (48%). En los inicios del programa de selección genética de la raza Assaf las únicas paternidades admitidas eran las que procedían de los machos de IA. Es a partir del año 2006 cuando se empiezan a realizar pruebas de ADN para confirmar la paternidad de los machos, especialmente de los de monta na-

Tabla 2. Resultados de la asignación de parentescos original de la base de datos y del programa EXCLUSION
Table 2. Results from original assignment of relationship data and from EXCLUSION program

	Base de datos original		Programa exclusión	
	n	%	n	%
Animales con padre				
Conocido	107.050		107.050	
Certificado (ADN)	103.245	96,4	102.513	95,8
Excluido ¹	–		437	
Certificación no resuelta ²	–		4.100	
Animales con madre				
Conocida	137.789		137.789	
Certificada (ADN)	66.387	48,2	70.631	51,3
Excluido ¹	–		2.510	
Certificación no resuelta ²	–		64.648	

¹En la comparación de los microsatélites de la pareja animal-parental no se cumplen los requisitos establecidos; ²No se ha podido hacer la comparación por desconocer el listado de microsatélites de alguno de los individuos.

tural. En el primer catálogo nacional de reproductores (Jurado *et al.*, 2009) se valoran por primera vez machos certificados por ADN, un total de 845 frente a los de IA (215). En el catálogo publicado en septiembre de 2013 (Jurado y Jiménez, 2013b) se han valorado más de 4.000 machos destacando el alto porcentaje de machos de monta natural valorados gracias a la certificación por ADN.

El porcentaje de madres certificadas es menor debido, en gran medida, al menor número de estudios de análisis de filiación realizados en esta vía, especialmente los primeros años (según la base de datos original del laboratorio de genética molecular, el 55% de los animales analizados presentan dato de madre no presentada o no analizada frente al 28% en el caso de los padres). Por otro lado y puesto que los análisis de ADN se inician en años posteriores, existe un porcentaje de animales (individuos y madres) que carecen de la información necesaria para poder establecer la asignación de parentescos basándose en el uso de estas técnicas.

En los últimos años, dada la obligación de los socios de hacer pruebas de parentesco a toda la reposición, el número de análisis realizados y el porcentaje de madres certificadas se ha ido incrementando llegando hasta valores próximos al 70%. Estos resultados resultan similares a los obtenidos en la raza Manchega (AGRAMA, 2013) en los que el porcentaje de confirmación de las hembras analizadas se sitúa en torno al 80%, habiéndose incrementado el número de análisis realizados cada año.

Al comparar la base de datos original con los resultados obtenidos en el programa EXCLUSION, se han encontrado diferencias en cuanto al porcentaje de padres y madres certificados por ADN (Tabla 2). En el caso de los padres, este porcentaje de diferencia (0,6%) se debe, principalmente, a los parámetros iniciales considerados en el programa, a errores encontrados en el listado de microsatélites de algunos individuos (animales repetidos con datos

distintos y eliminados antes de realizar los cálculos) y al desconocimiento del listado de microsatélites de algunos animales (certificación no resuelta). En cualquier caso, son porcentajes muy bajos, confirmándose la calidad de los registros genealógicos de la raza Assaf en cuanto a la veracidad de la información contenida en la base de datos original.

Los resultados obtenidos al comparar los datos de las madres indican un mayor porcentaje de confirmación cuando se ha usado el programa EXCLUSION frente a los valores contenidos en la base de datos original (una diferencia del 3,1%, siendo animales que se pueden certificar). De igual forma que en el caso de los padres, también existen animales con madre conocida y no confirmada por el programa (Excluidas), así como certificaciones no resueltas (no se ha podido hacer la comparación por desconocer el listado de microsatélites, bien del animal, bien de la madre propuesta).

Valoración Genética

Por último, se ha estudiado el efecto que la incorporación de los análisis de ADN y la asignación de parentescos ha tenido sobre el programa de selección de la raza. En la Tabla 3 se describen los datos relacionados con la valoración genética de las tres opciones estudiadas en las que, únicamente, ha variado la información genealógica disponible, y en la Tabla 4 se recogen los resultados obtenidos en la estimación de los componentes de varianza. La genealogía original es similar en cuanto al número total de animales registrados y variable en cuanto al número de padres y madres conocidos. Posteriormente, durante el proceso de valoración genética, se eliminan animales sin información disponible (no son padres, ni madres y no cuentan con dato de producción), dando lugar a un número distinto de animales valorados genéticamente (en torno a los 231.000 animales en los tres casos).

Tabla 3. Datos empleados en la valoración genética de los animales en tres situaciones distintas¹
 Table 3. Data used in Genetic evaluation of animals in three different situations

	Datos productivos (n) 584.701	Animales con dato (n) 227.917	PT150 (kg) ² 294,81
Genealogía	IA (n)	IA+ADN (n)	ADN (n)
Animales valorados	230.947	234.646	233.477
Padres	369	4.049 (370 IA)	3.901 (223 IA)
Descendientes	10.661	72.468	68.560
Madres	56.912	57.250	27.688
Descendientes	86.814	88.323	42.273

¹IA: Inseminación Artificial; ADN: parentescos confirmados por ADN; ²Producción media de leche tipificada en 150 días de lactación.

Tabla 4. Componentes de varianza y parámetros genéticos del carácter producción de leche tipificada en 150 días de lactación (kg) según la procedencia de las paternidades¹
 Table 4. Variance components and genetic parameters of value of 150d standardized milk yield (kg) by IA and DNA certified parents

	Procedencia de las paternidades		
	IA	IA + ADN	ADN
Var(u)	1.562,83	1.708,37	1.750,19
Var(c)	1.775,51	1.640,69	1.582,57
Var(e)	5308,05	5.303,45	5.301,46
Var(p)	8.646,39	8.652,50	8.634,23
h ²	0,181 (0,004)	0,195 (0,003)	0,207 (0,004)
c ²	0,203 (0,004)	0,189 (0,003)	0,183 (0,004)
r	0,386	0,387	0,386

¹IA: Inseminación Artificial; ADN: parentescos confirmados por ADN; Var: componentes de varianza; h²: heredabilidad; c²: efecto ambiental permanente; r: repetibilidad.

La comparación de los resultados obtenidos se ha realizado teniendo en cuenta, en primer lugar, el número de animales valorados genéticamente y los parámetros genéticos estimados. Destaca la opción IA como la situación en la que se valoran genéticamente el menor

número de machos frente a las otras dos opciones (unos 4.000 machos valorados, aproximadamente). También es destacable la opción ADN, en la que se valora el menor número de madres. La certificación por ADN permite valorar genéticamente, tanto a los

machos del centro de IA como a los machos de monta natural. La valoración genética de éstos últimos supone una mejor reposición de los reproductores en la propia ganadería, un mejor control de la consanguinidad de la población, la detección de machos buenos de las explotaciones y la posibilidad de seleccionar entre un mayor número de animales a los futuros candidatos del centro de IA. Aunque no se han encontrado grandes diferencias en la estimación de los componentes de varianza (Tabla 4), cuando se ha usado la información derivada de la certificación por ADN se han obtenido mejores estimas de la heredabilidad, influyendo sobre la calidad con la que se predicen los valores genéticos. También se observa un intervalo más amplio en el rango de predicción del valor genético de los sementales (en las opciones que incluyen ADN el rango oscila entre +213 y -104 frente a la opción IA con un intervalo menor, +186 y -93). El proceso selectivo del esquema a lo largo de

los años, ha propiciado una variabilidad genética menor de los sementales de IA fruto, probablemente, de su historial selectivo. Sin embargo, la certificación por ADN ha supuesto una ampliación de esta variabilidad genética al aumentar el número de machos entre los que realizar la selección (mayor número de machos valorados).

En segundo lugar se ha tomado como referencia el parámetro fiabilidad de la valoración genética y la relación que existe entre los valores genéticos de sementales y ovejas en cada una de las opciones estudiadas. Se ha calculado la fiabilidad media de los sementales y de las ovejas valoradas y se han comparado los valores genéticos estimados utilizando la correlación estadística de Pearson y la correlación de rango de Spearman (Tabla 5).

Aunque las diferencias entre las diversas comparaciones realizadas no resultan elevadas, la opción que aporta mayor cantidad de infor-

Tabla 5. Comparación de la valoración genética
Table 5. Genetic evaluation comparison

Genealogía	IA + ADN				IA	
	ADN		IA		ADN	
Confirmación de parentesco	ADN		IA		ADN	
Sexo ¹	M	H	M	H	M	H
N ²	3.901	229.546	369	230.578	222	229.532
Correlación						
Pearson	0,98	0,99	0,95	0,96	0,87	0,95
Spearman	0,98	0,99	0,95	0,99	0,86	0,98
FIB ³ (%)						
IA+ADN	63,7	53,2	73,3	53,1		
ADN	62,5	51,5			72,7	51,5
IA			70,0	50,6	72,5	50,7

¹M: Sementales; H: ovejas; ²Número de observaciones comparables. Número de animales que figuran en las dos genealogías que se comparan; ³Fiabilidad media de la valoración genética; IA: Inseminación Artificial; ADN: parentescos confirmados por ADN.

mación genealógica (IA+ADN) presenta las fiabilidades medias de la valoración genética más altas (entre un 63-73% para los sementales, y el 53% para las ovejas). Esto es especialmente importante en el caso concreto de los sementales, a los que se les exige un porcentaje de fiabilidad superior al 60% para ser declarado macho probado. Para el conjunto de sementales valorados y comunes a las tres opciones (unos 200 machos), el porcentaje de machos probados más elevado ha sido del 55% en la opción IA+ADN frente al 51% y el 47% de las otras opciones. Disponer de una información genealógica más completa supone un beneficio para la futura selección de los sementales de la población.

Con relación al cálculo de las correlaciones, en general se observan valores altos, por encima del 90%, indicativo de que el uso de una u otra información genealógica no alteran sustancialmente ni la predicción de los valores genéticos ni la ordenación de los animales en función de su valoración genética. Sin embargo, los valores más altos corresponden a las opciones que incluyen mayor información genealógica (IA+ADN con ADN, con valores próximos al 98% y 99% para la valoración genética de machos y hembras, respectivamente).

Tal y como se ha comentado anteriormente, una de las grandes ventajas del uso de la genealogía certificada por ADN radica en garantizar la fiabilidad de los registros del libro genealógico. Teniendo en cuenta los resultados obtenidos, las opciones que incluyen la certificación de padres y madres por ADN aportan una mayor fiabilidad al proceso de valoración genética, encontrándose la mayor cantidad de información disponible y los valores de fiabilidad más altos en la opción IA+ADN.

Aunque en los primeros años la asignación de parentescos mediante la certificación por ADN ha sido más explotada en la vía paterna frente a la materna, en los últimos años, la certificación de las madres está adquiriendo mayor im-

portancia, ya que la obligación de realizar pruebas de filiación a todos los efectivos del rebaño incluye a los reproductores de ambos sexos. Actualmente se certifica la maternidad de todos los corderos que se dejan para la reposición, dado que se han encontrado porcentajes de error relativamente altos (10% de media según datos de la Asociación) entre la asignación de madres que hace el ganadero y la certificación mediante el uso del análisis del ADN. Aunque el ganadero asume el coste total de estas pruebas, la rentabilidad de esta inversión viene dada por el incremento de la producción anual asociado a la mejora genética. Según la metodología de descomposición del valor fenotípico de la lactación en partes atribuibles al manejo y al genotipo (Jurado y Jiménez, 2013a) el aumento de producción experimentado entre el año 2011 y 2012 se debe entre un 40% y 45% a la mejora genética, siendo las opciones que incluyen la certificación de los animales las que cuentan con los valores más altos.

Conclusiones

La base de datos de registros genealógicos de la raza Assaf cuenta con un alto porcentaje de genealogía certificada gracias a las técnicas de ADN.

El uso de las técnicas moleculares en la asignación de parentales resulta especialmente importante en los últimos años. Como consecuencia de estas actividades, el programa de selección genética de la raza cuenta con un libro genealógico mucho más completo y fiable desde un punto de vista genético.

La certificación por ADN ha permitido la obtención de la valoración genética de un alto número de machos de las explotaciones (machos de monta natural) ampliando el número de animales a seleccionar como candidatos a futuros sementales del centro de IA.

La asignación de parentescos, también ha facilitado a los ganaderos la reposición del rebaño seleccionando animales genéticamente valorados con mayor fiabilidad al disponer de la filiación paterna y/o materna confirmada por ADN.

Según los resultados obtenidos, podría alegarse que la certificación de animales no ha supuesto un cambio radical para el programa de mejora de la raza, pero hay que tener en cuenta que una genealogía fiable es imprescindible para la conservación de la misma.

En la especie ovina y en contra de lo experimentado hasta ahora, es posible poner en marcha un sistema eficaz de asignación de relaciones de parentescos que garantice la fiabilidad de los registros del libro genealógico, tal y como han hecho los ganaderos de la raza Assaf.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido realizado gracias a la financiación recibida por parte del Subprograma de Personal Técnico de Apoyo del Ministerio de Ciencia e Innovación (Subprograma PTA-MICINN) y el Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA). También agradecer a ASSAF.E los datos aportados para la consecución de este estudio.

Bibliografía

AGRAMA (2013). Memoria del programa de mejora de la raza ovina Manchega durante el año 2013. Disponible en: <http://www.agrama.org/documentos/MEMORIA%20ESROM%202013%20%2B%20ANEXOS.pdf>

Bouzada JA, Portela C, Prado C, Areán H, Fernández M, Fernández A, Viana JL (2006). Control Genealógico en las especies ovina y caprina

mediante análisis de marcados microsatélite de ADN. Libro de Actas del XIV Congreso Internacional de la Federación Mediterránea de Sanidad y Producción de Rumiantes, 12-15 julio 2006, Lugo- Santiago de Compostela, España, pp. 256-263.

Groeneveld E, Kovac M, Mielenz N (2008). VCE User's Guide and Reference Manual version 6.0. November 2008.

Jurado JJ, Hernández D, Serrano M (1991). Catálogo de software de interés en agricultura. Fundesco, IRYDA, MAPA, programa 248 BLUP-AM, 142 p.

Jurado JJ, Jiménez MA, Serrano M (2009). 1º Catálogo nacional de reproductores de la raza ovina Assaf española.

Jurado JJ, Jiménez MA (2013a). Descomposición de la producción de leche de ovejas de raza Assaf en partes atribuibles al manejo y al genotipo. Una herramienta práctica. Información Técnica Económica Agraria (ITEA)109 (3): 331-344.

Jurado JJ, Jiménez MA (2013b). 6º Catálogo nacional de reproductores de la raza ovina Assaf española.

Jurado JJ, Jiménez MA, Serrano M (2013). Una nueva herramienta en la mejora genética del ganado ovino: la selección genómica. Tierras Ovino N° 6: 126-130.

Lozano JM, Bouzada JA, Maya MR, Ossorio B, Trigo A, Estévez M, Anadón E, Mayoral T, Gómez-Tejedor C (2008). Control Genealógico en la especie ovina mediante análisis de marcados microsatélite de ADN. Libro de Actas de las XXXIII Jornadas de la SEOC, 24-27 septiembre 2008, Almería, España, pp. 571-576.

MARM (2010). Programa de Mejora de la raza ovina Churra. Ministerio de Medio Ambiente, Medio Rural y Marino, 32 pp.

MARM (2011a). Programa de Mejora de la Raza ovina Assaf. Ministerio de Medio Ambiente, Medio Rural y Marino, 28 p.

MARM (2011b). Programa de Mejora de las razas ovinas Latxa y Carranzana. Ministerio de Medio Ambiente, Medio Rural y Marino, 28 p.

MARM (2011c). Programa de Mejora de la Raza ovina Manchega. Ministerio de Medio Ambiente, Medio Rural y Marino, 55 p.

Neumaier A, Groeneveld E (1998). Restricted Maximum Likelihood Estimation Of Covariances in

Sparse Linear Models. *Genetics Selection. Evolution.* 30: 3-26.

(Aceptado para publicación el 10 de noviembre de 2014)