

## PARTICIÓN FINA DE GANANCIAS GENÉTICAS EN MANECH TETE ROUSSE

Acosta<sup>1</sup>, B.A., Legarra<sup>2</sup>, A. y Vitezica<sup>2</sup>, Z.G.

<sup>1</sup>UNNOBA, Argentina. <sup>2</sup>INRAE, Toulouse; andres.legarra@inrae.fr

### INTRODUCCIÓN

El método de contribuciones genéticas (Woolliams *et al.*, 1999) muestra el origen último de la ganancia genética, es decir, la elección de animales que sean “originales” respecto a sus padres. Así, se obtiene un particionado de la tendencia total, por tipo de animal, en tendencias debidas a muestreos mendelianos (García-Cortés *et al.*, 2008). El objetivo de este trabajo es caracterizar de manera fina las fuentes de progreso genético en ovino lechero de raza Manech Tête Rouse (MTR).

### MATERIAL Y MÉTODOS

Nuestro estudio considera el esquema de mejora de la MTR hasta 2017, momento en el que se introduce la selección genómica. En dicho esquema hay hembras (productoras), machos de Inseminación Artificial (IA), y machos de Monta Natural (MN). Los machos (IA o MN) son siempre hijos de machos de IA, mientras que las hembras pueden ser hijas de IA o de MN. Los machos de IA se seleccionaron (hasta 2017) mediante prueba de progenie. En consecuencia, definimos 7 categorías de animales:

(1) Machos de IA Mejorantes padres de machos (los mejores tras prueba de progenie). (2) Machos de IA Mejorantes padres de hembras (los siguientes mejores). (3) Otros Machos de IA (descartados tras prueba de progenie). (4) Machos de MN. (5) Hembras madres de macho (las mejores). (6) Hembras madres de hembra (las medianas). (7) Hembras sin descendencia (las peores).

A continuación, a partir de las valoraciones oficiales para cantidad de leche de los animales nacidos entre 1986 y 2016 (500.000 hembras y 8.000 machos) y de su genealogía, se utilizó el algoritmo de García-Cortés *et al.* (2008) mediante el paquete AlphaPart (Obsteter *et al.*, 2020) para particionar la ganancia genética en tendencias de muestreos mendelianos dentro de cada categoría descrita.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El progreso fenotípico total es de 5,68 l/año, de los que 4,33 l/año es progreso genético. En el particionado por muestreo mendeliano, tres categorías de las descritas arriba explican casi todo el progreso genético: “Machos de IA Mejorantes padres de machos” explican el 38% del progreso genético, las “Hembras madres de macho” explican el 25% y las “Hembras madres de hembra” el 23%.

¿Qué quiere decir este resultado? Para mejorar una población necesitamos que ciertos animales sean mejores que sus padres. Para ello necesitamos capturar la originalidad de los animales respecto de sus padres, es decir, el muestreo mendeliano. Este último se estima implícitamente de varias maneras: (1) por fenotipo propio, (2) por fenotipo de la progenie, (3) por evaluación genómica (no en este estudio ya que no se realizaba todavía). Si bien la precisión al capturar el muestreo mendeliano es mayor en los machos (por prueba de progenie), el progreso genético final viene dado en gran parte por la originalidad (o la variabilidad genética) de las hembras: en efecto, una hembra que se selecciona, aunque tenga poca descendencia, puede ser la madre o la abuela de un macho que tendrá mucha descendencia. Y más aún, dado que el número de hembras elegibles es muy alto, las presiones de selección para ser “madre de macho” pueden ser muy altas.

### CONCLUSIÓN

El particionado fino en tendencias de muestreo mendeliano permite demostrar que las hembras son la reserva principal de variabilidad genética para la selección.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Woolliams, J. A., Bijma, P. & Villanueva, B. 1999. *Genetics* 153: 1009-1020. • García-Cortés, L. A., Martínez-Ávila, J.C. & Toro, M.A.. *Animal* 2: 821-824. • Obsteter, J., Holl, J., Hickey, J. M. & Gorjanc, G. *BioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/2020.04.24.059071>

**Agradecimientos:** Trabajo financiado por POCTEFA en el proyecto ARDI (EFA208/16).