



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MEXICO

**MAESTRIA EN CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN
Y DE LA SALUD ANIMAL**

**ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA Y
PARÁMETROS GENÉTICOS PARA EL TAMAÑO DE
LA CAMADA EN OVINOS PELIBUEY EMPLEANDO
LA METODOLOGÍA REML Y BAYESIANA**

TESIS
PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS

PRESENTA
MARIA GUADALUPE SANCHEZ GONZALEZ

TUTOR
RAUL ULLOA ARVIZU

COMITÉ TUTORAL
**PEDRO OCHOA GALVÁN
IGNACIO MÉNDEZ RAMÍREZ**

MEXICO, D.F.

2006



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

Índice

Contenido	Página
1. Introducción	3
2. Revisión de Literatura	
2.1. Origen de los Ovinos	6
2.2. Ovinocultura en México	7
2.3. Eficiencia Reproductiva	9
2.3.1. Ciclo Sexual en el Ovino	10
2.4. Características del Ovino Pelibuey	15
2.5. Tamaño de la camada	17
2.5.1. Efectos Ambientales para el Tamaño de la Camada	19
2.5.2. Efectos Aleatorios para el Tamaño de la Camada	20
2.6. Evaluación Genética	21
2.6.1. Modelo Animal	22
2.6.2. Estimación de Componentes de Varianza	24
2.6.2.1. Estimación de Componentes de Varianza con Metodología REML	25
2.6.2.2. Estimación de Componentes de Varianza con Metodología Bayesiana	26
2.6.3. Modelo Umbral	27
2.6.3.1. Distribuciones a priori	28
2.6.3.2. Distribución a priori y Función de densidad posterior conjunta	30
2.6.3.3. Distribuciones posteriores condicionales completas	34
2.6.4. Parámetros Genéticos	38

2.6.5. Valor Genético Aditivo	38
2.6.6. Estimación de Componentes de Varianza y Parámetros Genéticos para el Tamaño de Camada en Ovinos	39
2.7. Tendencias Fenotípicas y Genéticas	40
3. Material y Métodos		
3.1. Características de la Unidad de Producción	45
3.2. Registros de producción	46
3.3. Determinación de Efectos Ambientales para el Tamaño de Camada Total y Tamaño de Camada Nacidos vivos	47
3.4. Estimación de Componentes de varianza y Parámetros Genéticos para Tamaño de Camada Total y Tamaño de Camada Nacidos vivos con Metodología REML	48
3.5. Estimación de Componentes de varianza y Parámetros Genéticos para Tamaño de Camada Total y Tamaño de Camada Nacidos vivos con Metodología Bayesiana	49
3.6. Tendencias Fenotípicas y Genéticas para Tamaño de Camada Total y Tamaño de Camada Nacidos vivos	50
4. Resultados y Discusión		
4.1. Efectos Ambientales del Tamaño de la Camada Total y Nacidos vivos	52
4.2. Componentes de Varianza y Parámetros Genéticos para Tamaño de la Camada Total y Nacidos vivos con metodología REML	53
4.3. Componentes de Varianza y Parámetros Genéticos para Tamaño de la Camada Total y Nacidos vivos con		

metodología Bayesiana	56
4.4. Valores Genéticos para Tamaño de Camada Total y Tamaño de Camada Nacidos vivos	58
4.5. Tendencias Fenotípicas y Genéticas en el periodo de 1985 al 2003 para el Tamaño de Camada Total y Tamaño de Camada Nacidos vivos	67
4.5.1. Tendencias Fenotípicas y Genéticas en el periodo de 1985 a 1990 para el Tamaño de Camada Total y Tamaño de Camada Nacidos vivos	67
4.5.2. Tendencias Fenotípicas y Genéticas en el periodo de 1991 a 1995 para el Tamaño de Camada Total y Tamaño de Camada Nacidos vivos	70
4.5.3. Tendencias Fenotípicas y Genéticas en el periodo de 1996 a 2003 para el Tamaño de Camada Total y Tamaño de Camada Nacidos vivos	71
5. Recomendaciones	76
6. Conclusiones	79
7. Literatura Citada	80

Índice de Cuadros

		Página
Cuadro 1	Heredabilidad estimada en la literatura para el efecto genético aditivo del tamaño de la camada	42
Cuadro 2	Repetibilidad estimada en la literatura para el tamaño de la camada	43
Cuadro 3	Análisis de varianza para determinar los de efectos fijos para el Tamaño de Camada Total	52
Cuadro 4	Análisis de varianza para el modelo de efectos fijos del Tamaño de Camada Nacidos vivos	52
Cuadro 5	Componentes de varianzas para el Tamaño de la Camada Total y Tamaño de la Camada Nacidos vivos con metodología REML	53
Cuadro 6	Heredabilidad para el efecto genético aditivo directo y Repetibilidad de Tamaño de la Camada Total y Tamaño de la Camada Nacidos vivos, con metodología REML	55
Cuadro 7	Heredabilidad para el efecto genético aditivo directo para el Tamaño de la Camada Total y Tamaño de la Camada Nacidos vivos, con metodología Bayesiana	57
Cuadro 8	Estadística descriptiva de los valores genéticos del Tamaño de la Camada Total por año	58
Cuadro 9	Estadística descriptiva de los valores genéticos del Tamaño de la Camada Nacidos vivos por año	59
Cuadro 10	Clasificación de las exactitudes de los Valores Genéticos	65
Cuadro 11	Distribución de las exactitudes de los valores	

	genéticos de animales en el estudio	65
Cuadro 12	Distribución de las exactitudes de los valores genéticos de los corderos nacidos en el 2003	66
Cuadro 13	Distribución de las exactitudes de los valores genéticos de las hembras empleadas en el 2003	66
Cuadro 14	Distribución de las exactitudes de los valores genéticos de los Sementales empleados en el 2003	67

Índice de Figuras

		Página
Figura 1	Efectos Involucrados en el Tamaño de la camada	18
Figura 2	Procedimiento para la Estimación de Componentes de Varianza y Parámetros Genéticos mediante un Modelo Umbral	29
Figura 3	Distribución a posteriori de la heredabilidad directa para el efecto genético directo del Tamaño de la Camada Total.	57
Figura 4	Pedigrí de los corderos del 2003 con valores genéticos (VG) positivos para Tamaño de la Camada Total y Tamaño de la Camada Nacidos vivos	61
Figura 5	Pedigrí de los corderos del 2003 con los valores genéticos (VG) negativos para Tamaño de la Camada Total y Tamaño de la Camada Nacidos vivos	63
Figura 6	Valores Genéticos para Tamaño de la Camada Total en los sementales empleados en el año 2003	64
Figura 7	Valores Genéticos para el Tamaño de la Camada Nacidos vivos de los sementales utilizados en el 2003	64
Figura 8	Tendencias Fenotípicas y Genéticas promedio anual para Tamaño de la Camada Total en Ovino Pelibuey de 1985 a 2003	68
Figura 9	Tendencia Fenotípica y Genética promedio anual para Tamaño de Camada Nacidos vivos en Ovinos Pelibuey de 1985 a 2003	69

Figura 10	Tendencias Fenotípicas y Genéticas para Tamaño de la Camada Total en Ovino Pelibuey de 1985 a 1990	73
Figura 11	Tendencia Fenotípica y Genética del Tamaño de Camada Nacidos vivos en Ovinos Pelibuey de 1985 a 1990	73
Figura 12	Tendencias Fenotípicas y Genéticas para Tamaño de la Camada Total en Ovino Pelibuey de 1991 a 1995		74
Figura 13	Tendencias Fenotípicas y Genéticas para Tamaño de la Camada Nacidos vivos en Ovino Pelibuey de 1991 a 1995	74
Figura 14	Tendencias Fenotípicas y Genéticas para Tamaño de la Camada Total en Ovino Pelibuey de 1996 a 2003	75
Figura 15	Tendencia Fenotípica y Genética para Tamaño de Camada Nacidos vivos en Ovinos Pelibuey de 1996 a 2003	75

RESUMEN

María Guadalupe Sánchez González. Estimación de Componentes de Varianza y Parámetros Genéticos para el Tamaño de la Camada en ovinos Pelibuey empleando la metodología REML y Bayesiana. (Tutor: Dr. Raúl Ulloa Arvizu, Comité tutorial: Dr. Ignacio Méndez Ramírez y Dr. Pedro Ochoa Galván)

La estimación de los efectos ambientales, y la predicción de los componentes de varianza y los parámetros genéticos se requieren para diseñar un programa de mejoramiento genético para el Tamaño de Camada Total (TCT) y el Tamaño de Camada Nacidos vivos (TCNv), con este objetivo se realizó el presente estudio en una unidad de producción de ovinos Pelibuey ubicada en Chalma, Edo. de México, utilizando la información del periodo de 1986 a 2003 para el TCN y TCNv de 4299 registros de producción de 1234 ovejas. La determinación de efectos fijos fue mediante un modelo lineal generalizado (GLM) que incluyó el número de parto (N_p) y la interacción año de parto (1986-2003) y época de parto (Época 1: Enero-Agosto, Época 2: Septiembre-Diciembre) ($P < 0.0001$). La heredabilidad ($h^2 \pm e.e.$) obtenida con un modelo animal que incluye efectos fijos y aleatorios mediante la metodología REML fue de 0.11 ± 0.02 para TCT y de 0.07 ± 0.02 para TCNv, con una repetibilidad ($Re \pm e.e.$) de 0.12 ± 0.02 y 0.08 ± 0.01 respectivamente. La heredabilidad para TCT fue de 0.12 ± 0.005 estimada con modelo animal mediante la metodología Bayesiana (Modelo Umbral). El cambio fenotípico promedio anual para el periodo estudiado fue de 0.034 ± 0.002 corderos/año para el TCT ($P < 0.0001$) y de 0.032 ± 0.002 corderos/año para el TCNv ($P < 0.0001$), mientras que el cambio genético promedio anual para el TCT fue de 0.001 ± 0.0001 corderos/año ($P < 0.0001$) y para TCNv de 0.002 ± 0.0001 corderos/año ($P < 0.0001$). Los valores genéticos para los animales evaluados estuvieron entre -0.33 a 0.53 corderos para el TCT y entre -0.22 a 0.32 corderos para el TCNv. Las exactitudes de los valores genéticos presentaron un mínimo de 0.045 y un máximo de 0.89 para el TCT y para el TCNv el mínimo fue de 0.052 y un máximo de 0.853. La variabilidad genética aditiva para el tamaño de la camada en la población es baja.

Palabras claves: Tamaño de Camada, Máxima Verosimilitud, Modelo Animal, Modelo Umbral, Tendencias Genéticas.

SUMMARY

Maria Guadalupe Sánchez González. Genetic Estimation of Variance Components and Genetic Parameters for Litter Size in Pelibuey sheep using methodology REML and Bayesian. (Adviser: Dr. Raúl Ulloa Arvizu, Adviser committee: Dr. Ignacio Méndez Ramírez and Dr. Pedro Ochoa Galván)

Estimation of environmental effects, and the genetic prediction of variance components and parameters are required to design a genetic program improvement for total litter size (TCT) and lamb a live (TCNv), with this objective a study was conducted at the production unit commercial herd of Pelibuey sheep located in Chalma, Edo. of Mexico, 4299 production records of 1234 ewes from 1986 to 2003 were used for the analysis. The determination of fixed effects was by means of a generalized linear model (GLM) that included the number of lambing of the dam and the interaction year of lambing (1986-2003) and season of lambing of the dam (season 1: January-Augustus, season 2: September-December) ($P < 0.0001$). Heritabilities ($h^2 \pm e.e.$) obtained with animal model includes fixed and random effects (REML) were of 0.11 ± 0.02 for TCT and of 0.07 ± 0.02 for TCNv, with a repeatability ($Re \pm e.e.$) of 0.12 ± 0.02 and 0.08 ± 0.01 respectively. The heritability for TCT was of 0.12 ± 0.005 considered with animal model by means of the methodology Bayesian (Threshold Model). The phenotypic trends annual average for the studied period was of $0.034 \pm 0,002$ lambs year for TCT ($P < 0.0001$) and of $0,032 \pm 0,002$ lambs year for the TCNv ($P < 0.0001$), whereas the annual genetic trends average for the TCT was of $0.001 \pm 0,0001$ lambs/year ($P < 0.0001$) and for TCNv of $0.002 \pm 0,0001$ lambs/year ($P < 0.0001$). The genetic breeding values for the evaluated animals were between -0,33 to 0,53 lambs for TCT and between -0,22 to 0,32 lambs for TCNv. The accuracies of the genetic breeding values presented/displayed a minimum of 0,045 and a maximum of the 0,89 for the TCT and the TCNv minimum was of a 0,052 and maximum of 0.853. The additive genetic variability for the litter size in the pelibuy is low.

Key words: Litter Size, Maximum Likelihood, Animal Model, Threshold Model, Genetic Trends.

1. INTRODUCCIÓN

La carne de ovino, goza de una amplia aceptación y preferencia entre la población mexicana; esto debido a su excelente textura y sabor, sin menospreciar su riqueza nutricional. El consumo de esta carne por los mexicanos, ha sido en forma de barbacoa y una porción muy pequeña se consume de una forma distinta¹.

Recientemente, se ha incrementado el interés por la crianza y explotación de esta especie pecuaria en nuestro país. Además de la demanda nacional que el mercado mexicano reclama de esta carne, el ganado ovino, por su temperamento, docilidad, fácil explotación y poca exigencia de inversión, se ve como una de las especies, que pudieran ser más redituables; un atractivo mas para inclinarse por la explotación de ovinos para producir carne, es la alta eficiencia que este ganado posee (sólo requiere entre 4.5 y 5.5 Kg de alimento/Kg de carne producido), y que lo convierte en una especie económicamente rentable^{2,3}.

El ovino Pelibuey, es una raza ovina de pelo. Sus características hacen que sea una raza ideal para la producción de carne, algunas de sus ventajas son que se evita la trasquila, presenta ventajas con relación a otras razas ya que se adapta a diversos ecosistemas, presenta poca o nula estacionalidad reproductiva y un tamaño de camada promedio de 1.4 corderos /parto⁴.

El tamaño de camada es un componente importante desde el punto de vista reproductivo, de mejoramiento y productivo, ya que representa la capacidad de la borrega para poder gestar a uno o más productos, y aunado a esto recibe un alto valor económico en esquemas de mejoramiento genético en diferentes partes del mundo (Noruega, Francia), sin embargo es afectada por la tasa de ovulación, la edad de la hembra, la estación o mes de parto, tipo de empadre y el año de parto. Algunos estudios han demostrado la asociación entre el tamaño de la camada y el número de parto, lo que refleja que la capacidad uterina de soportar la gestación múltiple y la de proveer alimento al total de la camada aumenta con la edad².

Lo anterior es un indicador para optimizar la producción de animales más aptos para el desarrollo de la ovinocultura, lo cual es posible a través de estrategias de manejo definidas, la evaluación de los genotipos existentes en México y su uso racional³.

La forma más simple de elegir a un individuo para mejorar el tamaño de la camada, es considerar sólo el tamaño de la camada del que procede (fenotipo de la madre) comparado con el resto del rebaño, pero esto lleva a apreciaciones inexactas, debido a los diversos efectos involucrados en la característica.

La principal condición para la evaluación genética es contar con información veraz que facilite la toma de decisiones. La producción de una unidad de producción de pie de cría y carne de ovino depende en parte del número de corderos nacidos, por lo que un objetivo de selección deberá estar relacionado con el tamaño de la camada al nacimiento.

2. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. Origen de los ovinos

La domesticación de los ovinos viene acompañando al hombre hace 9 mil ó 10 mil años (De Lucas et al.¹), aunque algunos autores le dan más tiempo y la ubican hace unos 15 mil años (Lewis et al.²). Se acepta que la principal zona donde se llevó a cabo la domesticación es lo que hoy se conoce como Medio Oriente, desde el norte de Palestina hasta el sur de Turquía y la frontera de Irak e Irán (Asia). Esta región se considera la cuna de la civilización y aún hoy se conserva la antigua tradición pastoral desde donde se fueron extendiendo a todo el mundo^{1,2}.

Existen diversas especies del género *Ovis*, sin embargo hay coincidencia entre distintos autores en que los ancestros salvajes de los ovinos domésticos son principalmente: el Muflón (*Ovis mussimom*), el cual se piensa que contribuyó en la formación de las razas europeas; el Urial (*Ovis iaristanica*, *Ovis orientales* y *Ovis vignei*) fue de los primeros ovinos domesticados y el que tiene mayor influencia en el ovino actual; y el Argali (*Ovis ammon*), con gran influencia sobre los ovinos asiáticos. Estas especies conformaron al actual ovino doméstico (*Ovis aries*)¹.

Es muy probable que el hombre buscara primero en los ovinos la obtención de alimento, al aprovechar las aptitudes etológicas innatas de la especie, como son: su adaptación al consumo de alimentos no utilizables por otras especies, y su instinto gregario, que facilita el movimiento y control de grupos grandes de animales. Estas características permitieron que pueblos árabes y judíos pudieran manejar grandes rebaños, los que les significaba riqueza y alto estatus en la sociedad. Después observó su valor como proveedor de prendas de vestir que le proporcionaban abrigo y confort al utilizar su primitiva cubierta pilosa, mucho más suave que las de otras especies que debía cazar. Con el tiempo descubre la posibilidad de hilar las fibras de la lana que pelechaban (tiraban) en la primavera, y tejerla para elaborar los primeros textiles, más suaves y ligeros que las pesadas e incómodas pieles con que se cubrían. Una mención especial merece la leche de

oveja, ya que muchos pueblos, sobre todo los mediterráneos, al descubrir su valor alimenticio la integraron como una fuente importante de su dieta, consumiéndola en diferentes formas (leche fresca, fermentada o en quesos) ¹.

Como se observa, la especialización en la producción, ya fuera de carne, lana, leche o pieles, hizo que el hombre definiera sus objetivos para la selección de sus ovinos. Se fue transformando el tipo de animales según sus necesidades, desde entonces los han seleccionado, adaptándolos a los diferentes sistemas de producción y a los diferentes ecosistemas, contribuyendo así los pequeños rumiantes a los requerimientos alimenticios mundiales, particularmente en carne^{1,2}.

2.2. Ovinocultura en México

El ovino en el país es conocido como borrego, se explota desde la época de la Colonia. En la actualidad se le asocia, en el Altiplano Central, con un plato denominado barbacoa¹.

El objetivo principal de los ovinocultores del país es producir carne, para ello han utilizado razas de ovinos de pelo para el desarrollo de la ovinocultura en los últimos años³.

Según datos proporcionados por SAGAR, en 2000 la población ovina fue de 6,186,000 ovinos, número por demás pequeño, dadas las condiciones ambientales propicias para la explotación de esta especie en México^{3, 4}.

Este inventario se concentra en tres regiones: **Región norte árida y semiárida**, con el 23% de los ovinos, la integran los estados de Aguascalientes, Baja California Norte, Baja California Sur, Coahuila, Chihuahua, Durango; **Región templada o montañosa**, representa el 55% del total de ganado ovino, está compuesto por las entidades de Colima, Distrito Federal, Guanajuato, Hidalgo, Jalisco, Michoacán, Estado de México, Morelos, Nayarit, Puebla, Querétaro, Sinaloa y Tlaxcala; **Región trópico húmedo y seco**, concentra al 16% de la población ovina, comprende los estados de Campeche, Yucatán, Tamaulipas,

Tabasco, Veracruz, Quintana Roo, Oaxaca, Guerrero y Chiapas. El 6% restante se encuentra en los estados de Nuevo León, San Luis Potosí, Sonora y Zacatecas^{3,4}.

El Sistema de Información Estadística Agroalimentaria y Pesquera (SIAP SAGARPA), informa que la producción de carne de ovino en el país fue de 36,011 toneladas en 2001 según datos preeliminares⁵.

Las importaciones de ganado ovino fueron de 490,398 animales de los cuales 108,876 fueron animales para pie de cría; el total de carne fresca, refrigerada y congelada de ovinos en el año 2000 fue de 44,399.5 toneladas. Las exportaciones han sido muy variadas, datos preliminares, elaborados con información de la Administración General de Aduanas (SHCP/SAT) informa que para el 2001 el número de cabezas exportadas fue de 988 animales, mientras que el total de carne fresca, refrigerada y congelada de exportación fue de 37.3 toneladas⁵.

En el periodo 1991-1995, la disponibilidad per cápita de carne de ovino se redujo de 0.7 a 0.5 kg/hab/año, para incrementarse hasta alcanzar 1.0 kg/hab/año en 2001⁵.

Aunado a lo anterior la ovinocultura en el país enfrenta un problema de hábitos de consumo; el 98% del borrego que se produce es para barbacoa y sólo el 2% se vende para cortes en restaurantes y centros comerciales. Por tal motivo, el 100% de producción en México es comercializada como carne, con excepción de Coahuila y Durango, estados que logran vender una parte de la producción de lana a Estados Unidos y principalmente una porción muy reducida en México³.

Debido a este panorama y que nuestro país cuenta con las condiciones para desarrollar la ovinocultura, ésta es una actividad rentable sobretodo la producción de carne con ello se cubriría la demanda; se elevaría la productividad del rebaño; se continuaría con el programa de repoblamiento y se aprovecharían los excedentes de producción para la exportación³.

2.3. Eficiencia Reproductiva

La eficiencia de la unidad de producción desde el punto de vista reproductivo, depende de la fertilidad, fecundidad y prolificidad.

La fertilidad es la capacidad de engendrar descendencia, es decir un mayor número de partos al año, (ovejas paridas/ovejas servidas)^{6,7}.

La fecundidad, Fayer y Owen⁸ la define como el número de crías producidas anualmente por cada hembra. Hafez y Hafez⁹ indicaron que la fecundidad de un rebaño se evalúa en términos del porcentaje de hembras preñadas y el tamaño de las camadas^{8,9}.

La prolificidad es el número de corderos producidos por parto^{6,7,10}. Land y Robinson⁷ mencionan que en Europa una raza es considerada prolífica cuando su tamaño de camada por parto es de dos o más crías.

La prolificidad, se define como el número promedio de corderos nacidos por parto por oveja. O bien puede medirse directamente en la oveja como el tamaño de la camada (TC) ya sea como tamaño de la camada total, tamaño de la camada nacidos vivos o tamaño de la camada al destete^{6,11}.

Pérez⁶ menciona que un problema que no es fácil de resolver en cuanto a la prolificidad es definir si una raza es prolífica o no, o si tiene baja, mediana o alta prolificidad. De acuerdo a la literatura una raza tiene baja prolificidad cuando produce en promedio menos de 1.4 corderos por parto/oveja, media cuando produce en promedio de 1.4 a 1.7 corderos por parto/oveja y alta cuando produce en promedio más de 1.7 corderos por parto/oveja, y existen también los genotipos de muy alta prolificidad que producen 2.5 o más corderos por parto/oveja como el Merino Booroola, la Finnish Landrace, la Romanov, o la D'man de Marruecos. La alta tasa de ovulación de la Booroola Merino se debe a la acción de un solo gen, mientras que en la raza Romanov la ovulación está bajo control poligénico⁹.

El tamaño de camada es una característica importante desde el punto de vista productivo, de mejoramiento genético, y reproductivo en una unidad de producción. Representa la capacidad de la oveja para poder gestar a más de un producto y recibe un alto valor económico en esquemas de mejoramiento genético

en diferentes partes del mundo (Noruega, Francia)². Sin embargo depende fundamentalmente de la tasa de ovulación, el número de óvulos fertilizados y la sobrevivencia embrionaria. Por ello es recomendable recordar como se presentan estos eventos y tener presente que todo aquel factor que influya en alguno de estos tres eventos incidirá sobre la presentación de partos múltiples⁶.

2.3.1. Ciclo Sexual en el Ovino

Los ovinos son poliéstricos estacionales, con un intervalo entre celos de 16-17 días durante la estación sexual, de modo que las crías nacen en época de primavera. Los ciclos sexuales se presentan durante el otoño e invierno, sin embargo la duración de la estación reproductiva se alarga conforme los animales se encuentren en latitudes bajas, de esta manera se pueden encontrar hembras que manifiesten ciclos sexuales durante todo el año y por lo tanto que se reproducen todo el año, esto depende de la raza, del manejo nutricional y reproductivo. Esta estacionalidad esta regida por el fotoperíodo; la actividad estral comienza durante la época en que los días se hacen más cortos^{9,10}.

El ciclo sexual de la oveja esta constituido por: **Anestro estacional** fase de inactividad reproductiva; **Estro** fase en la cual se presente la receptividad del macho, dura 24-48 hrs, además ejerce una retroalimentación positiva sobre el hipotálamo, activando el sistema neurosecretor de GnRH e induciendo la aparición de picos preovulatorios coincidentes de GnRH y LH a las 2-4 horas de iniciado el estro; **Metaestro**, es la etapa de formación del cuerpo lúteo (CL) y termina cuando se producen cantidades elevadas de progesterona (1ng/ml), dura aproximadamente 5 días; **Diestro** es la etapa de función lútea plena en la oveja es corto y la regresión del CL se presenta alrededor del día 14, dos días después de la regresión del CL entra en estro⁹.

El ciclo sexual puede dividirse también en: **fase folicular** la cual incluye el desarrollo del folículo hasta su ovulación, depende de la hormona folículo estimulante (FSH); **fase lútea** que abarca la formación del CL hasta la regresión del mismo, depende de la hormona luteinizante (LH)⁹.

Este ciclo sexual supone una interacción entre distintos lugares de secreción hormonal, en concreto hipotálamo, hipófisis, ovario y útero¹⁰.

Las células neurosecretoras del hipotálamo producen GnRH, cuya liberación pulsátil determina los acontecimientos del ciclo sexual durante la estación reproductiva. Dicha secreción se ve bloqueada en la fase lútea del ciclo por un efecto sinérgico de elevadas concentraciones de progesterona (producida por el CL) y bajo niveles de estradiol, lo que reduce considerablemente la liberación pulsátil de la LH a un pulso cada 3-10 horas⁹.

Posterior a la luteolisis (acción luteoítica de la prostaglandina $F_{2\alpha}$ uterina) y la caída de los niveles de progesterona, se produce un aumento de la frecuencia de pulsos de GnRH, que a su vez induce el incremento de LH en forma pulsátil hasta alcanzar un pulso por hora, esto estimula el crecimiento folicular, con lo que la secreción de estradiol por parte de los folículos aumenta^{8, 9, 10}.

El ovario contiene folículos con diferentes grados de maduración debido a que cada día un cierto número de ovocitos empiezan a desarrollarse y no se detendrán hasta ser ovulados o sufrir atresia. Así podemos encontrar **folículos primordiales** los cuales están inactivos y rodeados de una capa de células foliculares planas; **folículos primarios**, que están rodeados por una capa de células cúbicas; **folículo secundario** rodeados por varias capas de células cúbicas que reciben el nombre de células de la granulosa; **folículo antral o terciario o de Graaff**, este folículo presenta una membrana hialina, una teca interna y líquido folicular, depende de las gonadotropinas (FSH y LH); los folículos en crecimiento requieren de cantidades elevadas de FSH para seguir su desarrollo. Sin embargo, uno de ellos crece mas que el resto recibiendo el nombre de **folículo dominante**, este folículo produce Inhibina (hormona proteínica, producida por las células de la granulosa en las hembras), la cual inhibe la liberación de FSH por la hipófisis sin alterar la liberación de LH, con ello el resto de los folículos no seguirán creciendo sufriendo atresia; **folículo antral tardío o preovulatorio**, sigue creciendo y empieza a depender de la LH, debido a que

presenta en las células de la granulosa receptores para esta hormona, termina su maduración y será ovulado después de una oleada de LH⁹.

La inhibina es aditiva, es decir se requiere de un número determinado de folículos en crecimiento que la produzcan para bloquear el desarrollo del resto de los folículos, la cantidad que se requiere dependerá de la especie, y del número característico de la misma⁹.

Los ciclos anormales cortos observados en la oveja al principio de la estación reproductiva pueden deberse a regresión prematura del CL. El CL de la primera ovulación involuciona prematuramente y luego ocurre una segunda ovulación asociada a actividad normal del CL⁹.

El aumento de la secreción de estradiol en la fase folicular provoca el comportamiento de estro y ejerce una retroalimentación positiva sobre el hipotálamo activando el sistema neurosecretor de GnRH, con lo que se induce la aparición de picos preovulatorios coincidentes de GnRH y LH a las 2-4 horas de iniciado el estro. Para que una hembra genere un pico de GnRH tiene que haber estrógenos elevados y que haya un folículo maduro. El pico de GnRH origina un pico de LH por la hipófisis, este pico de LH produce aparte de la ovulación, la finalización en la maduración del ovocito y el inicio de la luteinización, con la formación del CL⁹.

El ovocito se encuentra en el folículo en una etapa de inhibición meiótica, es decir, no puede completar la primera división meiótica. Así los cambios que presenta el ovocito no son consecuencia de la LH ya que no presenta receptores para ella, sino las células de la granulosa le transmiten la información. Los cambios en el folículo ocurren en la pared de este para prepararse a la ovulación. La forma como responde el ovocito al pico de LH es creciendo rápidamente, y completando la primera división meiótica, expulsándose así el primer cuerpo polar, transformándose en un ovocito secundario, siendo este el que se ovula⁹.

El folículo se abre y empieza a salir el líquido folicular y en medio de este va el óvulo, el cual permanece en la superficie del ovario hasta que la fimbria lo toma

en algún momento, en este proceso la pérdida de óvulos que caen a la cavidad abdominal es mínima⁹.

La ovulación se presenta normalmente unas 24 a 27 hrs. después del inicio del estro. En el caso de ovulaciones múltiples esta tiene que ver con el número de folículos dominantes que presenten receptores suficientes para ser ovulados^{8, 9, 10}.

En muchas razas de ovejas se liberan dos o más óvulos durante el estro. La tasa de ovulación marca el límite superior al tamaño de la camada, esta aumenta con la edad y alcanza un máximo a la edad de tres a seis años, y luego declina gradualmente. Entre los factores ambientales más importantes que influyen en la tasa de ovulación se encuentran época del año y la nutrición. En general las tasas de ovulación son más altas al principio de la temporada reproductiva, sin embargo, factores como tamaño, peso, condición física y raza pueden contribuir a dicho incremento o decremento^{8, 9}.

Una vez producida la ovulación, se forma el CL, el cual propicia la secreción de progesterona. El CL esta constituido por dos tipos de células, las cuales contribuyen significativamente a la secreción total de progesterona durante la fase lútea del ciclo estral⁹.

El tiempo normal de gestación es de unos 150 días, sin embargo varía con las razas, la edad de la madre y del individuo mismo⁹.

El CL de la preñez es resistente al efecto luteolítico de la prostaglandina $F_{2\alpha}$ ($PGF_{2\alpha}$). La $PGF_{2\alpha}$ es la hormona luteolítica uterina en varias especies de mamíferos y controla la duración del CL, que a su vez regula la duración de los ciclos. Si la hembra es preñada debe de anularse la influencia luteolítica del útero, ya que la progesterona secretada por el CL es necesaria para mantener la gestación. El CL persiste durante toda la gestación, sin embargo en la oveja su fuente de progesterona es la placenta, es decir durante el primer trimestre de la gestación la progesterona es secretada por el CL y después es la placenta quien pasa a ser la fuente principal de progesterona⁹.

La fase lútea en la mayoría de las especies tiene un tiempo de duración similar con el objetivo de proteger al posible embrión y dar las condiciones necesarias para que sobreviva⁹.

Esta fase deberá durar lo suficiente para que el embrión en formación envíe el mensaje de su existencia y formación, evitando así la destrucción del CL, la cual en animales no gestantes no deberá ser excesiva provocando así la regresión del CL⁹. Durante esta fase el embrión es muy susceptible al igual que durante los primeros 15 días de gestación, corre peligro de morir, es en esta etapa donde se da la mayor pérdida de embriones, después de los 15 días es difícil que el embrión muera. El embrión manda el reconocimiento de la gestación después de los días de peligro y el reconocimiento de la madre se da aproximadamente a los dos días después de la señal⁹.

Los cambios que ocurren en el aparato reproductivo durante el puerperio o periodo posparto (se define de manera general como el lapso que va desde el parto hasta el momento en que el organismo materno ha recuperado su estado normal de no gestante.) incluye involución uterina y reinicio de la actividad ovárica⁹.

En la oveja, la involución uterina se completa hacia el día 27 y precede al primer estro posparto, dado que presenta una reproducción estacional, los intervalos entre partos y primer estro y ovulación son marcadamente influidos por la temporada del parto. Tal intervalo puede ser tan breve como cinco o seis semanas o tan largo como 10 semanas, si el parto ocurre durante la temporada de apareamiento, las ovejas reiniciarán la actividad ovárica y concebirán. Factores como el amamantamiento, la nutrición y la raza aparte de la época influyen en el reinicio de la actividad ovárica⁹.

El tiempo de gestación hace posible que la oveja tenga descendencia más de una vez al año. Sin embargo, debido a su anestro estacional en latitudes templadas, estos animales no experimentan el ciclo después del parto en primavera sino hasta el otoño, de modo que sólo es posible una camada al año⁹.

La estacionalidad limita la tasa reproductiva de la oveja a un parto por año, de este modo la manipulación de la reproducción por métodos genéticos, fisiológicos y ambientales podría incrementar la frecuencia de apareamientos por año y el tamaño de camada por parto en esta especie⁹.

La rentabilidad es el objetivo económico de la unidad de producción, tiene como fundamento la posibilidad de obtener el mayor número de corderos por hembra por año, este efecto toma importancia en el ovino Pelibuey debido a que esta raza se caracteriza por presentar frecuentemente partos múltiples, que en ocasiones pueden llegar a 5 corderos nacidos vivos. Algunas razas ovinas especializadas en producción de carne al ser introducidas en el trópico bajan su fertilidad, con lo que se disminuye la prolificidad, esto no ocurre con el Pelibuey^{12, 13, 14, 15, 16, 17}.

2.4. Características del Ovino Pelibuey

El Pelibuey es un ovino productor de carne de talla mediana, cuerpo anguloso, carente de cuernos, piernas y patas bien implantadas, con buena musculatura, redondeadas, y aplomos rectos y cuello moderadamente largo, los machos adultos presentan un pelaje abundante y largo, se pueden encontrar animales de color: blanco, café (canelo) y pinto¹⁸.

El nombre de Pelibuey es de carácter popular regional y se refiere a un ovino con 'pelo de buey', algunos autores le denominan borrego Tabasco, debido a que en el año 1963, el Departamento de Genética Animal del entonces Centro Nacional de Investigaciones Pecuarias de la Secretaría de Agricultura y Ganadería, adquirió en el municipio de Zapata, Tabasco, un lote de ovinos sin lana, para iniciar estudios, ya que son aptos para regiones tropicales y convenientes para explotarlos con un mínimo de recursos, dada su característica de estar cubiertos de pelo en vez de lana^{12, 13, 18}.

El origen de este ovino es probable que sea en las costas occidentales del continente Africano, debido a la presencia de ovinos semejantes en esos sitios (animales de cola delgada y cubierta de pelo), y debido a los constantes viajes

comerciales entre las costas de este continente y América, donde no existe evidencia de la presencia del género *Ovis* antes del siglo XVI. Su introducción en el país no se conoce con exactitud, sin embargo, dada la similitud entre este ovino y los presentes en la Isla Barbados se piensa que los primeros ejemplares procedentes de esta isla, Cuba o cualquiera de las antillas ingresan al país por la península de Yucatán, difundiéndose en el sureste Mexicano^{12, 13, 18}.

Ya en México, debido a su capacidad de adaptabilidad a diversos climas, se difunde a los estados de Tabasco y Veracruz, al popularizarse en la última década de ha distribuido por todo el territorio nacional, y ha incrementado el número de cabezas, encontrándose explotaciones que varían desde los sistemas rústicos de traspatio y libre pastoreo, hasta los sistemas intensivos comerciales; sin embargo, no ha tenido la selección especializada como otras razas productoras de carne^{12,13,18}.

En cuanto a sus características reproductivas este ovino ha mostrado a ser una raza con poca estacionalidad al presentar estro durante todo el año⁹. Esta eficiencia repercute en forma definitiva en la producción, ya que ovejas en edad y peso de reproducción podrían presentar hasta tres partos cada dos años, mostrando una ventaja con relación a otros ovinos que presentan estro en una temporada^{13, 16, 17}.

Otra característica sobresaliente en este ovino es su prolificidad, los resultados referidos por Ramírez et al. (1995) indican un promedio para tamaño de la camada en ovino Pelibuey de 1.23 corderos por hembra¹³.

Sánchez et al.¹⁶ estimaron la probabilidad de presentación de un parto múltiple, el estudio se realizó en una explotación del Edo. de México, en ovino Pelibuey. El modelo utilizado tomo en cuenta el tamaño de la camada anterior, el intervalo al parto anterior y los diferentes criterios de selección empleados en la explotación para las hembras de reemplazo (el primer grupo consideraba solamente animales que provenían de partos simples, el segundo grupo ovejas que provenían de partos simples y múltiples y el tercero de partos múltiples), encontrando que fueron significativas solamente los criterios de selección y que la

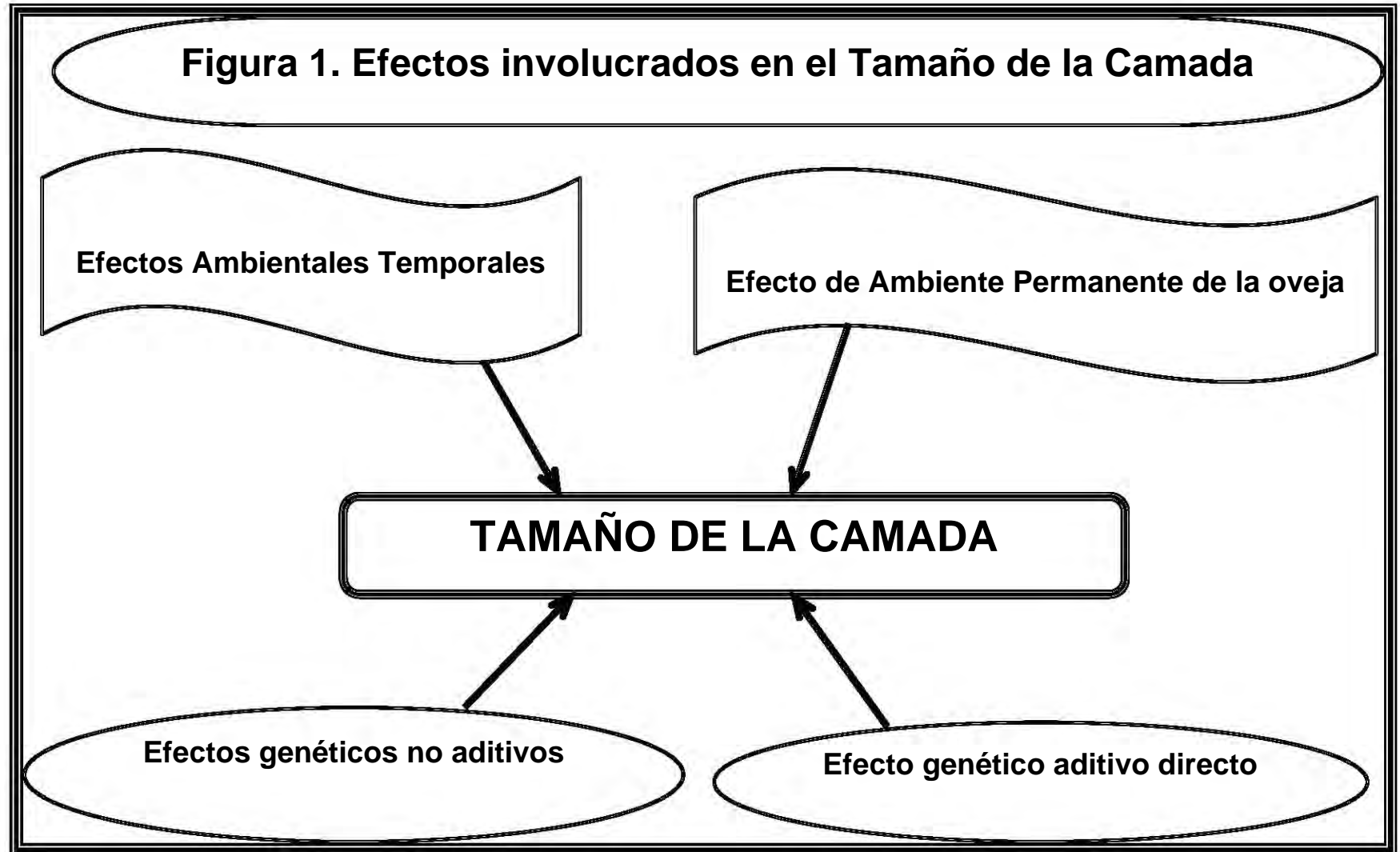
probabilidad de parto múltiple se incrementaba notablemente de un grupo a otro. Lo anterior hace pensar que la característica tamaño de la camada podría responder a la selección, y la pregunta que se plantean que tan eficiente sería.

2.5. Tamaño de camada en ovinos

El tamaño de la camada (TC) es un importante componente de productividad en ovinos, contribuyendo mucho más a la diferencia en el peso total de la camada al destete por oveja que a la tasa de crecimiento individual del cordero⁷. Sin embargo el fenotipo de TC se ve afectado por diversos factores lo que dificulta la selección adecuada de los reproductores en la unidad de producción. Estos factores se pueden dividir en fijos y aleatorios, se muestran en la Figura 1.

González et al.²⁰ en un estudio realizado en Tierra Blanca, Ver. en ovino Pelibuey, estimaron un promedio para tamaño de la camada de 1.2 ± 0.4 crías, además estimaron un índice de repetibilidad de 0.12 ± 0.03 el cual es muy parecido al de razas de baja prolificidad, e indica que sería preciso atender los factores ambientales tales como color, tipo empadre, época de parto, el número de parto, que la modifican y sugiere que un programa de mejora genética beneficiaría la respuesta a la selección para dicha característica. Sin embargo, en un estudio realizado por Campos et al.¹⁵ al estudiar las diferencias en la productividad entre los Pelibuey Blanco, Canelo y Pinto, mostraron que el tamaño de la camada esta influenciado por diversos factores, dentro de los cuales no se encuentra el color de la hembra, por lo que incluirlo como criterio de selección disminuye la respuesta genética, con lo que se aportan argumentos para que la selección de los animales se realice fundamentalmente por la productividad y en un segundo término, si así lo decide el productor, por el color de la capa.

Figura 1. Efectos involucrados en el Tamaño de la Camada



2.5.1. Efectos Ambientales para el Tamaño de la Camada

Los efectos ambientales sistemáticos (efectos fijos), son aquellos donde se pueden agrupar a los individuos que pertenecen a un mismo nivel de una variable independiente involucrada en la expresión de una carácter y afectarán de forma importante al fenotipo; actúan de manera constante sobre el individuo^{19,21,22}.

En el caso del Tamaño de la Camada destacan:

Año y Época de parto. La mayoría de los trabajos relacionados con TC en ovinos coinciden en involucrar este factor, ya sea como un solo efecto (año*época)^{20,23,24,25}; separando la época¹¹ o el efecto de año solamente^{26,27,28,29,30,31,32,33,34,35}; o bien incluyendo ambos efectos (época y el año de parto) en forma independiente^{20,36,37}.

Bunge et al.³⁸ encontraron que el año de parto puede estar asociado a factores climáticos como precipitación pluvial y humedad, ya que estos determinan la cantidad y calidad del forraje disponible. Segura et al.²⁹ mencionan que el año puede estar asociado a cambios en el manejo del rebaño y cambios ambientales.

Según Brown y Jackson³⁹ indican que las diferencias en comportamiento reproductivo debido a la época de parto se deben principalmente a tasas de ovulación diferenciales, o bien, a mortalidad embrionaria durante la gestación, ocasionadas por altas temperaturas y humedad en ovinos en trópico. González et al.²⁰ mostraron que las hembras servidas en otoño presentaron un mayor TC, las diferencias podrían deberse a una abundancia de pasto al término de las lluvias, por lo que las ovejas llegan al empadre en buenas condiciones corporales y tienen una buena tasa de ovulación y supervivencia embrionaria.

Edad de la oveja al parto. El número de corderos por parto, en términos generales, aumenta con la edad hasta llegar a estabilizarse en una meseta en la edad adulta y luego declina con la vejez. Se ha observado que la máxima producción de corderos por parto se alcanza a los 4 años de edad y así se mantiene hasta los 10 años, a los 11 años el número de corderos declina. Las

ovejas primerizas tienen un TC menor que las ovejas adultas, y los partos dobles son poco frecuentes en ellas y los triples raramente se presentan. En gran medida el menor TC en ovejas jóvenes se debe a que sus tasas de ovulación son bajas y estas aumentan con la edad. Algunos investigadores consideran al número de parto como sinónimo de edad de la oveja de esta forma el TC al igual que otras características reproductivas se ve afectada por el este⁶. Refleja la capacidad uterina de la hembra para llevar a término al total de la camada¹³. La menor tasa reproductiva se observa en ovejas jóvenes comparadas con las adultas es probablemente debida a la mayor incidencia de fallas reproductivas (deficiencias en el comportamiento estral, estros anovulatorios, falla en la fertilización, pérdidas embrionarias, y mayor índice de abortos⁶. Bunker et al.³⁸ indica que las ovejas mejoran su comportamiento reproductivo (incrementando el TC) del primer parto hacia partos intermedios, presentando un máximo y posteriormente disminuye.

2.5.2. Efectos Aleatorios para el Tamaño de la Camada

Los efectos aleatorios, afectan en un momento al individuo, son difíciles de medir y determinar cuanto lo afectan^{21, 22}. Pueden ser divididos en **efectos genéticos no aditivos**, los cuales son explicados por efectos de epistasis y dominancia, y los **efectos genéticos aditivos**, que son aquellos que se transmiten a la progenie, en el caso de TC estos son:

El **efecto genético aditivo** representa la suma de la contribución genética aditiva de cada gen para una característica determinada²¹. Es la capacidad genética de la oveja para transmitir los genes que expresen el TC. En el caso de TC sólo es posible medirlo en hembras, por lo que para evaluar la capacidad genética de un macho se hará por medio de la información de hembras emparentadas con el semental.

El **efecto de ambiental permanente**. es toda aquellas circunstancias que afecta de forma permanente a la oveja en algún momento de su vida, junto con las condiciones que afectan a la hembra en sus diferentes partos, formando un medio

ambiente común para los miembros de una misma camada, hermanos completos de diferentes partos o bien para medios hermanos maternos. En el caso de tamaño de la camada se puede medir en varias ocasiones durante la vida productiva de la oveja, por ello se puede dividir con un modelo de repetibilidad en un componente dentro de individuos que mide las diferencias entre los valores del mismo individuo y es de origen ambiental, producido por las diferencias temporales del ambiente entre las sucesivas estimaciones. Y un componente entre individuos que mide las diferencias permanentes entre los mismos, este componente es parcialmente ambiental y parcialmente genético, la parte ambiental está causada por circunstancias que afectan a los individuos permanentemente^{19, 21, 40}.

2.6. Evaluación Genética

La forma más simple de seleccionar a una oveja como reproductora para el TC es por su fenotipo al comparar la producción de la oveja y la de sus contemporáneas; sin embargo esto puede llevar a consideraciones subjetivas, debido a que la expresión de una característica está constituida por efectos genéticos heredables (aditividad), genéticos no aditivos (dominancia y epistasia) y efectos ambientales, por lo tanto si solo se selecciona por fenotipo, se puede llegar a conclusiones inexactas, debido a los diferentes efectos involucrados en la característica y la consecuencia sería elegir animales no adecuados^{19,21,22,41,42}.

La evaluación genética es una metodología mediante el cual se seleccionaran animales con un valor genético alto, para ser padres de la siguiente generación, tal que el promedio del valor genético de su progenie sea más alto que el promedio de sus padres, es decir, consiste en elegir a los animales a partir de los criterios establecidos, para producir la siguiente generación^{19, 21}.

Para realizar la evaluación genética de forma objetiva se utilizan diferentes metodologías que permiten aumentar la certeza en la elección de los reproductores, al separar los efectos genéticos de los demás efectos^{19, 42}.

En la evaluación genética de una población se consideran diversos puntos: estimación de componentes de varianza y covarianza, estimaciones de parámetros genéticos, predicción de valores genéticos (VG).

2.6.1. Modelo Animal

Diferentes metodologías se han aplicado en la estimación los componentes de varianza como son la regresión progenitor-descendencia o un análisis de varianza donde se utilice la información del semental y su progenie.

En la actualidad una de las metodologías empleada para evaluar a los animales en un programa de mejoramiento son los modelos mixtos. El método de un modelos mixtos incluye los efectos ambientales y aleatorios que afectan a la característica de interés, en mejoramiento genético se le conoce como Modelo Animal (MA) al incluir al propio individuo como efecto aleatorio siendo este el efecto genético aditivo directo^{19,21,41,43}.

El MA considera al mismo tiempo todas las fuentes de información del individuo a evaluar, esto permite evaluar individuos con registros e individuos sin registros de producción, siempre y cuando cuente con información de parientes¹⁹.

Esta metodología se popularizó en la evaluación genética animal con la adopción de los métodos de Henderson, relativas a las ecuaciones de los modelos mixtos y el Mejor Predictor Lineal Insesgado (BLUP - Best Lineal Unbiased Predictor), lo que permite predecir los VG de tal forma que aprovecha las ventajas del índice de selección y además considera las diferencias existentes entre los diversos grupos contemporáneos debidos a efectos de selección^{19, 21}.

La exactitud en las predicciones de los valores genéticos se incrementa al incorporar la inversa de la matriz de parentesco (A^{-1}) en el modelo, como lo

demostró Henderson en 1973. La matriz de parentesco utiliza la información del pedigrí disponible en las soluciones del VG, así como la inspección de tendencias genéticas. Esta matriz incluye animales con registros de producción, hembras y sementales con registros de progenie y ancestros comunes que no cuenten con registros de producción y pueden incluirse animales jóvenes que carezcan de progenie, siempre que cuenten con información de parientes^{19, 21, 44}.

El MA para características que son medidas en varias ocasiones en el individuo incluye un efecto de ambiental permanente del individuo como en el caso de TC, su forma matricial es la siguiente:

$$Y = Xb + Zu + Wp + e$$

donde: Y = Vector de valores fenotípicos; b = Vector desconocido de efectos fijos involucrados en la característica, incluye la media poblacional; u = Vector desconocido de efectos aleatorios; p = Vector desconocido de efectos ambientales permanentes del individuo; X, Z, W = Matrices de incidencia que relacionan los registros con los efectos fijos, efectos aleatorios y efectos ambientales permanentes del individuo respectivamente; e = Vector de efectos residuales aleatorios^{19, 21, 44}.

La esperanza y la matriz de varianzas y covarianzas de los efectos aleatorios son las siguientes:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{Var} \begin{pmatrix} a \\ p \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{pmatrix}$$

donde: A es el numerador de la matriz de relaciones; I es una matriz identidad; σ_a^2 varianza genética aditiva; σ_p^2 varianza de efecto ambiental permanente del individuo y σ_e^2 varianza de residuales^{19, 21, 44}.

El mejor predictor lineal insesgado (BLUP - Best Lineal Unbiased Predictor) de a y p, así como el mejor estimador lineal insesgado (BLUE- Best Lineal

Unbiased Estimator) pueden ser obtenidos simultáneamente resolviendo las ecuaciones del modelo mixto de Henderson.

Las ecuaciones del modelo mixto de Henderson con ambiente permanente del individuo quedan como sigue:

$$\begin{pmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + \lambda A^{-1} & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + \lambda I \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{pmatrix}$$

donde: X, Z y W son matrices de incidencia que relacionan al vector y con los efectos fijos, aditivo directo y ambiente permanente del individuo; A^{-1} es la inversa de la matriz de parentesco; $\lambda = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_a^2}$; $\lambda = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_p^2}$ y las soluciones para dichos efectos se obtienen a partir de los vectores $\hat{\beta}$, \hat{a} y \hat{p} ^{19, 44}.

Las ecuaciones pueden representarse como $Cb = r$, donde C es una matriz de rango completo y puede representarse como:

$$\begin{pmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + \lambda A^{-1} & Z'W \\ W'X & W'Z & W'W + \lambda I \end{pmatrix} = C = \begin{pmatrix} C_{\beta\beta} & C_{\beta a} & C_{\beta p} \\ C_{a\beta} & C_{aa} & C_{ap} \\ C_{p\beta} & C_{pa} & C_{pp} \end{pmatrix}$$

El vector de soluciones es obtenido como $\hat{b} = C^{-1}r$

$$\hat{b} = \begin{pmatrix} C_{\beta\beta} & C_{\beta a} & C_{\beta p} \\ C_{a\beta} & C_{aa} & C_{ap} \\ C_{p\beta} & C_{pa} & C_{pp} \end{pmatrix} \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix}$$

2.6.2. Estimación de Componentes de varianza

La exactitud en la predicción del VG es de gran importancia en los programas de mejoramiento genético, donde pocos de los animales seleccionados tienen una mayor influencia sobre el merito genético de la población, dicha

predicción requiere conocer la magnitud de las varianzas y covarianzas de los efectos aleatorios²¹.

La varianza fenotípica (σ_F^2) de una característica esta determinada por la suma de las varianzas de sus diversos componentes, es decir, por las varianzas debido a efectos genéticos, efectos ambientales, así como una porción de la varianza debida a causas no conocidas denominada varianza residual. Dentro de los efectos genéticos se tendrá el efecto genético aditivo y los efectos genéticos no aditivos, y los ambientales en efectos ambientales permanentes y temporales²¹.

En el caso de características que pueden medirse más de una ocasión en la vida productiva del animal, como lo es TC en ovinos se incluye el efecto de ambiente permanente de la oveja, por lo que se puede expresar de la siguiente forma²¹:

$$\sigma_F^2 = \sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \sigma_e^2$$

Donde: σ_F^2 =Varianza fenotípica; σ_a^2 =Varianza debida a efectos genéticos aditivos; σ_p^2 =Varianza de efectos ambientales permanentes de la oveja; σ_e^2 =Varianza de residuales.

2.6.2.1. Estimación de los Componentes de varianza con Metodología REML

Para obtener las soluciones de las ecuaciones del MA, se deben estimar los componentes de la varianza. En la actualidad una de las metodologías empleadas es la estimación por Máxima Verosimilitud Restringida (REML-Restricted Maximum Likelihood), la cual estima los componentes de varianza a partir de modelos mixtos, considerando la covarianza entre efectos aleatorios, sin embargo requiere que la variable de interés tenga una distribución normal multivariada, y

considera los grados de libertad involucrados en la estimación de los efectos fijos, incluida la media^{18, 19, 21}.

Los estimadores REML son consistentes, eficientes y el procedimiento estima libre de sesgo los parámetros que se requieren para la evaluación de animales en una población que experimenta selección^{19, 44}.

Además de permitir la estimación de los componentes de varianza estos estimadores REML permiten obtener las soluciones para los Mejores Estimadores Lineales Insesgados (BLUE- Best Lineal Unbiased Estimator) de efectos fijos (\hat{b}) con lo que se obtienen los estimadores puntuales para cada nivel de cada efecto fijo, considerando la probabilidad de ocurrencia de cada nivel de ellos dentro de la población y ajustando por dicho efecto, por medio de los estimadores de mínimos cuadrados, con lo que maximiza la exactitud de las estimaciones. Al mismo tiempo se obtiene las soluciones para los Mejores Predictores Lineales Insesgados (BLUP- Best Lineal Unbiased Predictor) de efectos aleatorios (\hat{a}, \hat{p})⁴⁴.

Entre los algoritmos utilizados para obtener componentes de varianza con REML se encuentra el procedimiento basado en la aproximación de las derivadas parciales de segundo orden del promedio de las matrices de información esperada y la observada, Average Information (AI-REML), este algoritmo es empleado por el paquete computacional ASREML y es eficiente para la estimación de los componentes de varianza, parámetros genéticos, y VG^{42, 43}.

2.6.2.2 Estimación de Componentes de varianza con Metodología Bayesiana

Otra metodología empleada para la estimación de los componentes de varianza y parámetros genéticos es la bayesiana. Este método permite analizar variables de tipo categórico. Recientes investigaciones de características reproductivas discretas en ovejas y en cerdos han mostrado una gran utilidad en los estimadores para dichas características con relación a los estimados con el método REML tanto en sus ajustes como en la predicción. Uno de los

inconvenientes de la metodología bayesiana es el requerimiento de mayor tiempo de computo⁴⁶.

Las variables discretas no son analizadas adecuadamente en genética, en particular cuando las respuestas categóricas son originadas como resultado de la asignación dentro de una de varias categorías mutuamente excluyentes y conjuntamente exhaustivas. Ejemplos típicos incluyen malformaciones congénitas, presencia o ausencia de infección en la glándula mamaria en vacas, problemas de displasia en perros y tamaño de la camada en ovinos⁴⁶.

Cuando hay dos categorías como respuesta, la característica es llamada binaria, con más de dos categorías se debe distinguir si las clases presentan o no un orden entre ellas, ya que en el caso de sistemas biológicos, las respuestas categóricas pueden presentar al menos un orden invariable alrededor de un hipotético incremento, por ejemplo en el caso de fecundidad en ovinos, puede ir de menos prolífica a más prolífica. Aquí, el tamaño de la camada al nacimiento debería estar relacionado con este concepto de incremento⁴⁶.

2.6.3. Modelo Umbral

Los genetistas cuantitativos han llamado a estos modelos '**Modelos Umbrales**' los cuales relacionan una escala continua hipotética a un fenotipo (las categorías observadas para la respuesta). La variable subyacente continua es llamada 'variable latente' o liability ('riesgo')⁴⁶.

El modelo postula que la respuesta continua es representada vía algunos umbrales fijos o categorías delimitadas. Por ejemplo, si hay dos categorías de la respuesta la observación deberá ser asignada a la segunda clase: por ejemplo, 'enfermedad', si el valor de riesgo excede el umbral⁴⁶.

Sorensen y Gianola⁴⁶ mencionan que el origen del modelo umbral se le atribuye a K. Pearson (1900), Wright (1934), contribuciones recientes a la metodología, fueron desde un punto de vista genético por Gianola (1982), Gianola y Foulley (1983).

En la Figura 2 se muestran el procedimiento para estimar los componentes de varianzas y los parámetros genéticos mediante el modelo umbral.

En estos modelos que involucran variables categóricas ordinales, se considera que la variable subyacente tiene una distribución condicional Gausiana. El objetivo de la inferencia puede incluir el obtener el valor genético de los individuos, la distribución de probabilidad de la variable por individuo o del experimento, o de la varianza genética aditiva⁴⁶.

2.6.3.1. Distribuciones a priori

Es l una variable subyacente, representadas por el vector $l = \{l_i\} \sim (i = 1, \dots, n)$, tal que para el i -ésimo individuo o dato se postula que⁴⁶:

$$l_i = x_i' \beta + z_i' a + e_i$$

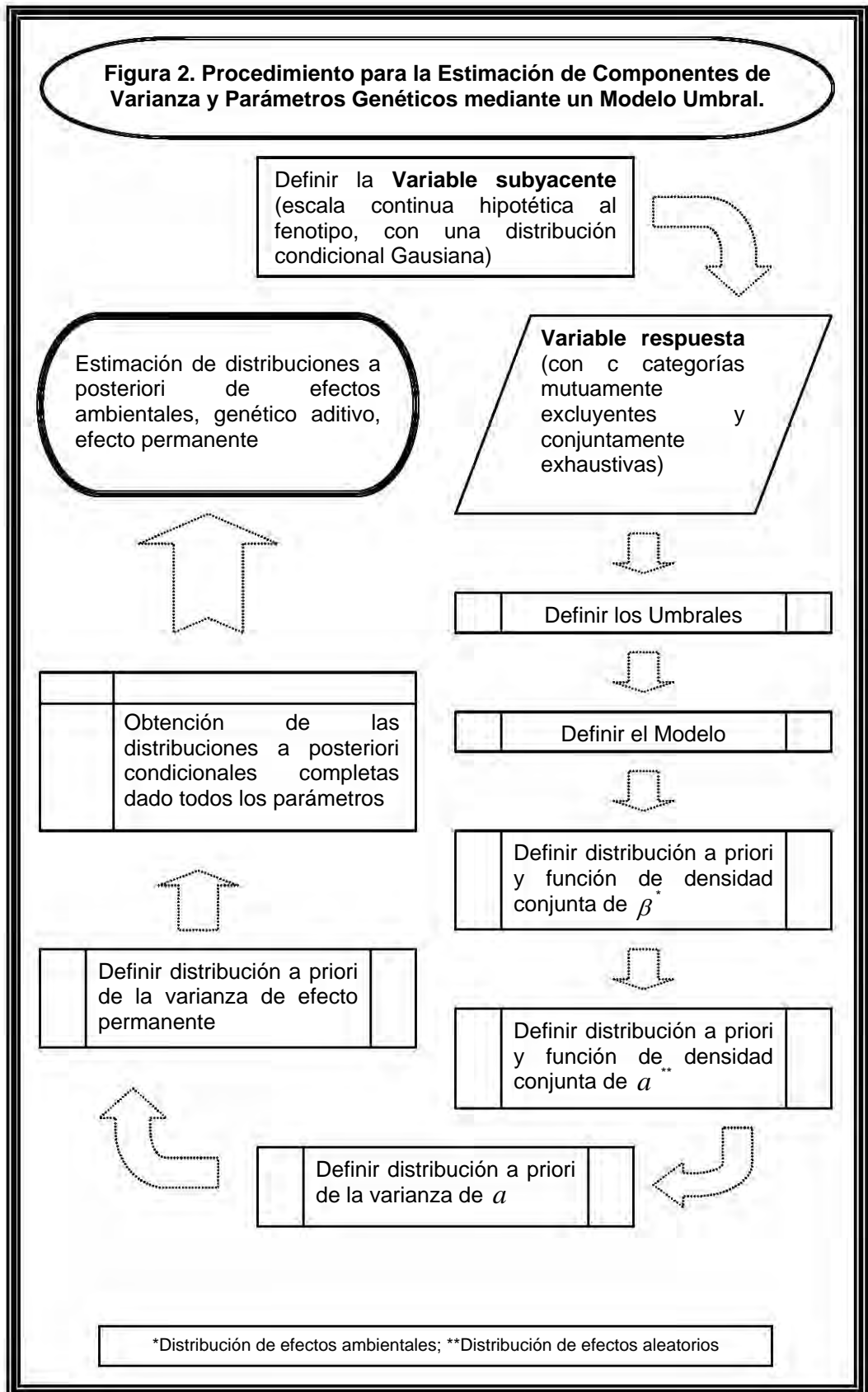
donde: β es vector de efectos de localización; a corresponde al vector de valores genéticos aditivos; e representa el vector de efecto residual, $e_i \sim N(0, \sigma_e^2)$; x' y z' son vectores de incidencia.

Se supone que, dado los parámetros de localización β y a , los elementos del vector l son condicionalmente independientes y con una distribución normal⁴⁶:

$$\langle l | \beta, a, \sigma_e^2 \rangle \sim N(X\beta + Za, I\sigma_e^2)$$

Donde $y = \{y_i\}$, ($i = 1, \dots, n$), denota el vector de datos categóricos observados, cada y_i representa una asignación dentro de cada una de c categorías mutuamente excluyentes y conjuntamente exhaustivas de la variable respuesta. Estas clases delimitan la existencia de $c + 1$ umbrales en una escala subyacente tal que $t_{\min} < t_1 < t_2 < \dots < t_{c-1} < t_{\max}$. Por ejemplo si el valor de riesgo esta entre t_1 y t_2 , la asignación es en la segunda categoría de respuesta.

Figura 2. Procedimiento para la Estimación de Componentes de Varianza y Parámetros Genéticos mediante un Modelo Umbral.



Fijar puedan dos umbrales extremos $t_0 = t_{\min}$, $t_c = t_{\max}$ tal que se mantenga $c-1$ umbrales tomar algún valor entre t_{\min} y t_{\max} , sujeto a mantener el orden requerido. Sin embargo, uno de los umbrales deberá ser fijo, a fin de centrar la distribución; una asignación típica es $t_1 = 0$. Entonces la probabilidad condicional de que y_i caiga en la categoría $j(j=1, \dots, c)$, dado β, a y $t = (t_{\min}, t_1, \dots, t_{c-1}, t_{\max})$ esta dada por⁴⁶:

$$\begin{aligned} \Pr(y_i = j | \beta, a, t) &= \Pr(t_{j-1} < l_i < t_j | b, a, t) \\ &= \Phi(t_j - x_i' \beta - z_i' a) - \Phi(t_{j-1} - x_i' \beta - z_i' a) \\ &= p(y_i | \beta, a, t) \end{aligned}$$

Los datos son independientes, dado β, a y t . El modelo puede ser escrito⁴⁶:

$$\begin{aligned} p(y | \beta, a, t) &= \prod_{i=1}^n \sum_{j=1}^c I(y_i = j) p(y_i | \beta, a, t) \\ &= \prod_{i=1}^n \sum_{j=1}^c I(y_i = j) [\Phi(t_j - x_i' \beta - z_i' a) - \Phi(t_{j-1} - x_i' \beta - z_i' a)] \end{aligned}$$

donde $I(y_i = j)$ es una función indicadora que toma el valor de 1 si la respuesta cae en la categoría j y 0 en otro caso⁴⁶.

2.6.3.2. Distribución a priori y función de densidad posterior conjunta

Suponiendo un modelo jerárquico, las distribuciones a priori se deberán asignar a β, a y t . Se considera que la distribución de a depende de un parámetro de dispersión desconocido σ_a^2 . La función de densidad de la distribución a priori conjunta tiene la siguiente forma⁴⁶:

$$p(\beta, a, t, \sigma_a^2) = p(\beta) p(a | \sigma_a^2) p(\sigma_a^2) p(t)$$

Entonces, la función de densidad conjunta es⁴⁶:

$$\begin{aligned}
p\langle \beta, a, t, \sigma_a^2 | y \rangle &\propto p\langle y | \beta, a, t \rangle p\langle \beta \rangle p\langle a | \sigma_a^2 \rangle p\langle t \rangle \\
&= p\langle \beta \rangle p\langle a | \sigma_a^2 \rangle p\langle \sigma_a^2 \rangle p\langle t \rangle * \left[\prod_{i=1}^n \sum_{j=1}^c I(y_i = j) [\Phi(t_j - x_i \beta - z_i a) - \Phi(t_{j-1} - x_i \beta - z_i a)] \right]
\end{aligned}$$

La distribución posterior condicional de los parámetros β, a, t y σ_a^2 debe ser derivada para la expresión anterior. Estas condicionales no están estandarizadas y otro tipo de estrategias deberán usarse para hacerlo⁴⁶.

Una aproximación alternativa que se puede emplear consiste en la distribución posterior conjunta con el riesgo no observado l . Si las variables subyacentes son modeladas jerárquicamente con un modelo lineal Gaussiano para los datos observados, esta aproximación produce una distribución posterior conjunta que tiene una forma estandarizada. Utilizando la posterior conjunta con l , el resultado de la densidad toma la forma⁴⁶:

$$\begin{aligned}
p\langle \beta, a, l, t, \sigma_a^2 | y \rangle &\propto p\langle y | \beta, a, l, t, \sigma_a^2 \rangle p\langle \beta, a, l, t, \sigma_a^2 \rangle \\
&= p\langle y | l, t \rangle p\langle \beta, a, l, t, \sigma_a^2 \rangle \\
&= p\langle y | l, t \rangle p\langle l | \beta, a \rangle p\langle \beta, a, t, \sigma_a^2 \rangle \\
&= p\langle y | l, t \rangle \left[\prod_{i=1}^n p\langle l_i | \beta, a \rangle \right] p\langle \beta, a, t, \sigma_a^2 \rangle
\end{aligned}$$

Estos nos permiten observar que: 1) la distribución de las observaciones politómicas, dados los valores de riesgo, solo dependen de los umbrales y 2) dado β y a , los valores de riesgo son independientes condicionalmente⁴⁶.

Considerando el i -ésimo elemento en el primer termino de la derecha de la expresión anterior⁴⁶:

$$\Pr\langle y_i = j | l_i, t_{j-1}, t_j \rangle = \begin{cases} 1, & \text{Si } t_{j-1} < l_i \leq t_j, \\ 0, & \text{en otro caso} \end{cases}$$

Esto es, la probabilidad de que un punto caiga en una categoría determinada, dado el valor de riesgo y el umbral, es completamente especificada. Esto significa que $p\langle y | l, t \rangle$ presenta una distribución de la siguiente forma⁴⁶:

$$pr\langle y | l_i, t \rangle = \prod_{i=1}^n \left[\sum_{j=1}^c I(t_{j-1} < l_i \leq t_j) I(y_i = j) \right]$$

La distribución a priori del vector β deberá ser especificada, y depende de la estructuras de datos, con un número de observaciones pequeño de elementos por nivel de β , puede arrojar inferencias pobres. Misztal et al. (1989) hacen referencia a esto como un problema de categoría extrema (ECP). Este problema se presenta cuando todas las observaciones de un parámetro de localización esta en una de las categorías de los extremos (ejemplo, en el caso binario, cuando todas las observaciones son 0 ó 1), el estimador máximo verosímil del correspondiente parámetro no es finito. Esto en modelos jerárquicos provoca otros problemas en el modelo. Por ejemplo cuando hay ECP para algunos elementos de β y se le asigna una distribución a priori uniforme a este vector, la inferencia bayesiana vía las técnicas de Cadenas de Markov Monte Carlo (MCMC, Markov Chain Monte Carlo) acerca de σ_a^2 pueden ser severamente distorsionada. Una forma de solucionarlo de forma satisfactoria fue propuesto por Kadarmideen et al. (2002), partiendo el vector β en $\beta = (\beta_h', \beta_r')$, con la correspondiente partición de la matriz de incidencia en: $X = [X_h, X_r]$ ⁴⁶.

Ahora $\beta_h(H * 1)$ contiene elementos de β conocidos, presenta observaciones con ECP's, y contiene elementos de β con una buena estructura de los datos. Entonces, la distorsión en los efectos por los ECP sobre las inferencias pueden ser moderados asumiendo que el vector β_h sigue una distribución a priori normal con media nula. Una simple posibilidad es asumir⁴⁶:

$$\beta_h | \beta, \sigma_{\beta_h}^2 \sim N(1\beta, I_h \sigma_{\beta_h}^2)$$

Donde: 1 es un vector de unos, β es un escalar común a todos los elementos de β_h , y $\sigma_{\beta_h}^2$ es un parámetro de dispersión desconocido. Para β_r se puede suponer una distribución normal con media cero y varianza conocida. Por ejemplo suponiendo que todos los elementos escalares de β_r son mutuamente independientes, se puede adoptar⁴⁶:

$$\beta_r \sim N(0, I, 10^6)$$

Considerando una independencia a priori entre β_h y β_r , la distribución a priori para β tiene una densidad⁴⁶:

$$p(\beta) = p(\beta_h | \beta, \sigma_{\beta_h}^2) p(\beta_r)$$

El escalar β puede suponerse que sigue una distribución uniforme⁴⁶:

$$\beta | \beta_{\min}, \beta_{\max} \sim Un(\beta_{\min}, \beta_{\max})$$

donde β_{\min} y β_{\max} son escogidos apropiadamente. La distribución para $\sigma_{\beta_h}^2$ puede ser un escalar de un proceso de chi-cuadrada inversa con parámetros ν_{β} y S_{β} , con densidad⁴⁶:

$$p(\sigma_{\beta_h}^2 | \nu_{\beta_h}, S_{\beta_h}) \propto (\sigma_{\beta_h}^2)^{\left(\frac{\nu_{\beta_h}}{2} + 1\right)} \exp\left(-\frac{\nu_{\beta_h} S_{\beta_h}}{2\sigma_{\beta_h}^2}\right)$$

Este modelo postula que los umbrales están ordenados, por ello es sensible a plantear que hay una distribución de orden estadístico para una distribución uniforme, en el intervalo $[t_{\min}, t_{\max}]$. También recordemos que $t_1 = 0$, para originar una distribución subyacente; entonces hay $c-2$ umbrales desconocidos. Si la densidad a priori conjunta de t es⁴⁶:

$$p(t) = (c-2)! \left(\frac{1}{t_{\min} - t_{\max}} \right)^{c-2} I(t \in T)$$

$$\text{donde } T = \{(t_1 = 0, t_2, \dots, t_{c-1}) | t_{\min} < t_1 < \dots < t_{c-1} < t_{\max}\}$$

Si, el vector de localización a consiste en el efecto genético aditivo, una distribución a priori útil es⁴⁶:

$$a | A, \sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

donde σ_a^2 es la varianza genética aditiva y A es la matriz de relaciones aditivas. Para varianza genética aditiva es conveniente considerar una distribución a priori, como el escalar de una variable aleatoria chi-cuadrada inversa con densidad⁴⁶:

$$p(\sigma_a^2 | \nu_a, S_a) \propto (\sigma_a^2)^{-\left(\frac{\nu_a}{2} + 1\right)} \exp\left(-\frac{\nu_a S_a}{2\sigma_a^2}\right)$$

y ν_a, S_a son hiperparámetros conocidos.

Al final se considera que la densidad a priori conjunta de todos los parámetros desconocidos, incluyendo los valores de riesgo, pueden ser factorizada como⁴⁶:

$$p(l, \beta, \beta_h, a, t, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2) = p(l | \beta, a) p(\beta_h | \beta, \sigma_{\beta_h}^2) p(\beta_r) p(a | \sigma_a^2) p(t) p(\sigma_a^2) p(\sigma_{\beta_h}^2)$$

donde la dependencia sobre los hiperparámetros son eliminados en la notación, y la densidad posterior conjunta puede escribirse como

$$p(l, \beta, \beta_h, a, t, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2 | y) \propto p(y | l, t) p(t) \left[\prod_{i=1}^n p(l_i | \beta, a) \right] p(\beta_h | \beta, \sigma_{\beta_h}^2) p(\beta_r) p(a | \sigma_a^2) p(\sigma_a^2) p(\sigma_{\beta_h}^2)$$

2.6.3.3. Distribuciones posteriores condicionales completas

Valores de Riesgo. La notación de la distribución posterior condicional completa de un parámetro x es representada como $p(x | ELSE)$, donde *ELSE* se refiere a los datos de "y" y a los valores de todos los parámetros que dependen de x . Considerando primero la distribución posterior condicionada completa de los valores de riesgo l_i . Con la intención de obtenerla, se deben extraer los términos que involucran a l_i de la posterior conjunta⁴⁶:

$$p(l, \beta, \beta_h, a, t, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2 | y) \propto p(y | l, t) p(t) \left[\prod_{i=1}^n p(l_i | \beta, a) \right] p(\beta_h | \beta, \sigma_{\beta_h}^2) p(\beta_r) p(a | \sigma_a^2) p(\sigma_a^2) p(\sigma_{\beta_h}^2)$$

Entonces los valores de riesgo son independientemente condicionales, siguiendo esto, y dados los parámetros y estos valores, las observaciones politómicas son independientes también. Esto produce⁴⁶:

$$p(l_i | ELSE) \propto p(y_i = j | l_i, t) p(l_i | \beta, a)$$

Dados los valores de riesgo y los umbrales, las categorías resultantes no son consideradas estocásticas, entonces sus valores son conocidos con certeza.

Entonces $p\langle y_i = j | l_i, t \rangle$ es constante y se consigue desaparecer en la ecuación de Bayes. Por lo tanto⁴⁶:

$$p\langle l_i | ELSE \rangle \propto \left[\sum_{i=1}^c I(t_{j-1} < l_i \leq t_j) I(y_i = j) \beta, a \right]$$

donde $I(t_{j-1} < l_i \leq t_j) I(y_i = j)$ indica que el valor de riesgo cae en el intervalo $t_{j-1} < l_i \leq t_j$ si $y_i = j$. Esto es si la distribución de los valores de riesgo es Gaussiana, esto permite que su densidad sea una distribución normal truncada, con densidad⁴⁶:

$$p\langle l_i | ELSE \rangle = \frac{\phi(x_i \beta + z_i a, 1)}{\phi(t_j - x_i \beta - z_i a) - \phi(t_{j-1} - x_i \beta - z_i a)}$$

Umbrales: La densidad de la distribución posterior conjunta completa del i -ésimo umbral t_i , es:

$$p\langle t_i | ELSE \rangle \propto p\langle y | l, t \rangle p(t) \propto \prod_{j=1}^N [I(t_{i-1} < l_j < t_i) I(y_j = i) + I(t_i < l_j < t_{i+1}) I(y_j = i + 1)]$$

Lo que prosigue es unir todos los términos en la densidad posterior conjunta donde las t_i aparecen. Se ve como una función de t_i , y muestra que t_i esta en un intervalo cuyos limites son los siguientes: el limite superior deberá ser menor o igual que el valor mas pequeño de l para cualquier $y_j = i + 1$. El limite inferior está dado por el valor máximo de l para cualquier $y_j = i$. La condicional a priori ($t \in T$) se cumple automáticamente. Dentro de estas bondades, la distribución posterior conjunta del umbral t_i es un proceso uniforme⁴⁶:

$$p\langle t_i | ELSE \rangle = \frac{1}{\min\langle l | y = i + 1 \rangle - \max\langle l | y = i \rangle'}$$

donde $\min\langle l | y = i + 1 \rangle$ indica el valor mínimo de las liabilities dentro de las observaciones en la categoría $i + 1$; similarmente, $\max\langle l | y = i \rangle$ denota el valor máximo de las liabilities para las observaciones en la categoría i ⁴⁶.

Varianza Genética Aditiva: La densidad de la distribución posterior condicional completa de σ_a^2 es⁴⁶:

$$p(\sigma_a^2 | ELSE) \propto p(a | \sigma_a^2) p(\sigma_a^2)$$

Esto es idéntica a la expresión de la distribución posterior condicional de σ_a^2 en un modelo genético aditivo para una característica⁴⁶:

$$\sigma_a^2 | ELSE \sim (a' A^{-1} a + v_a S_a) \chi_{v_a+q}^{-2}$$

Parámetro de dispersión: $\sigma_{\beta_h}^2$: Recordemos que $\sigma_{\beta_h}^2$ es un parámetro de dispersión que describe la variabilidad entre los niveles de los efectos contenidos en ECPs. La densidad de la distribución condicional posterior de $\sigma_{\beta_h}^2$ es⁴⁶:

$$p(\sigma_{\beta_h}^2 | ELSE) \propto p(\beta_h | \beta, \sigma_{\beta_h}^2) p(\sigma_{\beta_h}^2)$$

Esta claro que tiene la misma forma que la distribución condicional de la varianza genética aditiva, la diferencia está en que la media a priori de cada elemento de β_h es, β en caso de 0. Frecuentemente se hace un grupo de medias no nulas, con algo de álgebra se tiene la distribución chi-cuadrada inversa⁴⁶:

$$\beta_{\beta_h}^2 | ELSE \sim [(\beta_h - 1\beta)'(\beta_h - 1\beta) + v_{\beta} S_{\beta}] \chi_{v_{\beta_h}+H}^{-2}$$

Donde H es el número de elementos en β_h

Efectos de Localización: Se considera primeramente la distribución condicional de $[\beta, a]$ y, subsecuentemente del parámetro escalar β . La distribución condicional posterior completa es de $[\beta, a]$ es obtenida de⁴⁶:

$$p(\beta, a, t, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2 | y) \propto p(y | t) p(t) \left[\prod_{i=1}^n p(t_i | \beta, a) \right] p(\beta_h | \beta, \sigma_{\beta_h}^2) p(\beta_r) p(a | \sigma_a^2) p(\sigma_a^2) p(\sigma_{\beta_h}^2)$$

Extrayendo los términos que contienen a β y a , uno obtiene⁴⁶:

$$\begin{aligned}
p\langle \beta, a | \sigma_{\beta_h}^2, \sigma_a^2, \beta, l, y \rangle &\propto \left[\prod_{i=1}^n p\langle l_i | \beta, a \rangle \right] p\langle \beta_h | \beta, \sigma_{\beta_h}^2 \rangle p\langle \beta_r \rangle p\langle a | \sigma_a^2 \rangle \\
&\propto p\langle \beta, a | \sigma_{\beta_h}^2, \sigma_a^2, \beta, l \rangle
\end{aligned}$$

Esto es porque, dado los valores de riesgo, la respuesta categórica y no conserva ninguna información adicional acerca de los efectos de localización. La distribución condicional posterior completa se obtiene como sigue. Primeramente:

$$[\beta_h | \beta_r, a, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2, \beta, l, y] \sim N\left(\hat{\beta}_h, \left[X_h' X_h + \frac{1}{\sigma_{\beta_h}^2} I_h\right]^{-1}\right)$$

$$\text{Donde } \hat{\beta}_h = \left[X_h' X_h + \frac{1}{\sigma_{\beta_h}^2} I_h\right]^{-1} \left[X_h' (1 - X_r \beta_r - Z a) + 1 \frac{\beta}{\sigma_{\beta_h}^2}\right]$$

$$\text{Esto es } [\beta_r | \beta_h, a, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2, \beta, l, y] \sim N\left(\hat{\beta}_r, [X_r' X_r + 10^{-6} I_r]^{-1}\right)$$

$$\text{Donde } \hat{\beta}_r = \left[X_r' X_r + \frac{1}{10^6} I_r\right]^{-1} X_r' (1 - X_h \beta_h - Z a)$$

Mientras, para los efectos aditivos genéticos,

$$[a | \beta_h, \beta_r, \sigma_a^2, \sigma_{\beta_h}^2, \beta, l, y] \sim N\left(\hat{a}, \left[Z' Z + \frac{1}{\sigma_a^2} A^{-1}\right]^{-1}\right)$$

$$\text{donde } \hat{a} = \left[Z' Z + \frac{1}{\sigma_a^2} A^{-1}\right]^{-1} Z' (1 - X_r \beta_r - X_h \beta_h)$$

Utilizando esta expresión, un sitio de actualización vía Cadenas de Markov Monte Carlo (MCMC) puede desarrollarse como un modelo jerárquico Gausiano⁴⁶.

Finalmente, la distribución posterior condicionada completa para el escalar β es⁴⁶:

$$\begin{aligned}
p\langle \beta | \beta, a, \sigma_{\beta_h}^2, \sigma_a^2, t, l, y \rangle &\propto p\langle \beta_h | \beta, \sigma_{\beta_h}^2 \rangle \\
&\propto \exp\left[-\frac{1}{2\sigma_{\beta_h}^2} (\beta_h - 1\beta)' (\beta_h - 1\beta)\right]
\end{aligned}$$

Viéndola como una función de β , esta es la densidad de la distribución normal

$$\langle \beta | \beta, a, \sigma_{\beta_h}^2, \sigma_a^2, t, l, y \rangle \sim N \left(\bar{\beta}_h, \frac{\sigma_{\beta_h}^2}{H} \right)$$

Donde $\bar{\beta}_h = \frac{1}{H} \sum_{i=1}^H \beta_{h_i}$ y β_{h_i} es el i-ésimo elemento de β_h ⁴⁶.

2.6.4. Parámetros Genéticos

A partir de los componentes de varianza se pueden obtener los parámetros genéticos como la heredabilidad (h^2) y la repetibilidad (Re)

La **Heredabilidad** en sentido estrecho es un parámetro importante. Por un lado es usado para estimar el valor genético y por otro para predecir la respuesta esperada en esquemas de selección; representa la proporción de la σ_F^2 explicada por efectos genéticos aditivos, se calcula de la siguiente manera²¹:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_F^2}$$

La **Repetibilidad** representa el grado de asociación entre mediciones del mismo animal para características que se pueden medir más de una vez. Es una medida de la similitud dentro de las observaciones de un grupo. En términos de proporciones de varianza, es la suma de la varianza genética aditiva más la de dominancia, epistasis y la varianza de ambiente permanente del individuo la cual influye en todas las mediciones hechas al individuo, entre la varianza fenotípica²¹.

$$Re = \frac{\sigma_G^2 + \sigma_p^2}{\sigma_F^2}$$

2.6.5. Valor Genético Aditivo (VG)

Al separar los efectos ambientales es posible predecir el valor genético aditivo (VG) del individuo, y representa la suma de las contribuciones genéticas aditivas de cada uno de los genes para una característica^{19,21,22}.

Durante mucho tiempo la forma de predecir los valores genéticos fue por medio del índice de selección expresándose de la siguiente manera: $VG = b_i X_i$. Donde b_i la solución o bien es una coeficiente de regresión del genotipo del individuo con su fenotipo, la cual esta representada en su forma más simple por el h^2 y X_i es la diferencia entre la información del individuo con relación a la media de la población, actualmente la predicción del VG de un individuo es calculada por el BLUP²¹.

Los valores genéticos incrementan su precisión al incorporar fuentes de información que comparten efectos genéticos aditivos con el individuo como lo son su progenie, sus ancestros o sus parientes colaterales⁴⁴.

2.6.6. Estimación de Componentes de Varianza y Parámetros Genéticos para el Tamaño de Camada en Ovinos

El tamaño de la camada (TC) definida como el número de corderos nacidos totales, nacidos vivos o al destete por oveja, es una característica con un determinante grande en la productividad y en la eficiencia económica de los sistemas de producción de ovinos, esta constituida principalmente por tres componentes: la tasa de ovulación, sobrevivencia embrionaria y capacidad uterina^{23, 32, 37, 48}.

Por otro lado Gabiña⁴⁷, al construir un índice de selección para características reproductivas determinó que el TC fue una de las características de mayor importancia al contribuir con un valor económico al progreso genético que va de 74 a 96%⁴⁷.

El TC en otras especies como cerdos, conejos y ratones ha tenido un incremento por selección directa, sin embargo, la ganancia no ha sido muy grande debido a su baja heredabilidad^{9,11,28,48}.

De esta forma Hagger, indica que la selección dentro de una raza no debe ser solamente para TC y concluye que la tasa de cambio que se lograría para el

TC a través de selección no es muy rápida y que un cambio gradual de la característica ofrece la oportunidad de que la raza se adapte al incremento en el tamaño de la camada¹¹.

Un programa de selección depende entre otras cosas de la estimación de parámetros genéticos de las características involucradas. El análisis estadístico del TC es complicado, debido a su naturaleza categórica, las predicciones de los parámetros genéticos de TC deberían ser realizadas con modelos no-lineales como el Modelo Umbral o el Modelo Poisson los cuales podrían describir de forma mas apropiada la variabilidad de esta característica, sin embargo los métodos basados en aproximaciones han producido sesgos en las estimaciones de los componentes de varianza, aunado a la baja heredabilidad del TC han resultado en un basto rango de parámetros publicados que van desde 0.01 hasta 0.26^{11, 24, 35, 48, 49}.

La heredabilidad estimada publicada para el TC en ovinos utilizando diversas metodologías se muestran en el Cuadro 1 y la repetibilidad estimada para el TC en ovinos se muestra en el Cuadro 2.

2.7. Tendencias Fenotípicas y Genéticas

Los cambios a través del tiempo de la media fenotípica en una unidad de producción están determinados por las variaciones en los factores ambientales y genéticos de la población. Estos cambios permiten la evaluación de los criterios de manejo y mejoramiento genético en el rebaño y están relacionados directamente con las utilidades económicas de la unidad de producción, por ello deben evaluarse de manera constante¹⁹.

Las diferencias ambientales entre ciclos productivos, se explican a través del manejo de alimentación, salud y por las variaciones climáticas como son temperatura, precipitación pluvial que tiene un efecto sobre la disponibilidad de

forraje y su calidad que en los sistemas de producción donde se depende de la alimentación en potrero en más notorio este efecto¹⁹.

Los efectos genéticos en la población en el tiempo también se modifican, y se le conoce como tendencias genéticas y es el resultado de los programas de selección dentro de la unidad de producción. Y puede ser expresada en forma de una regresión lineal simple donde la variable independiente es el tiempo y la variable de respuesta son los valores genéticos¹⁹.

De esta forma para realizar de forma eficiente un programa de mejoramiento genético en TC es importante, conocer los factores ambientales que influyen en las características de interés, así como su variabilidad debida a efectos genéticos, y con ello calcular los valores genéticos para seleccionar a los animales, así como conocer los cambios genéticos y fenotípicos a través del tiempo, en esta raza ovina.

Cuadro 1			
Heredabilidad estimada en la literatura para el efecto genético aditivo del tamaño de la camada			
h_a^2	Metodología	Raza	Autor (año)
0.14	REML	Ramboiullet	Waldron et al.⁴⁹
0.07	REML	Romanov	María²³
0.01-0.19	REML	Varias	Fogarty⁵⁰
0.12	MU	Merino, Lacaune	Pérez-Enciso et al.⁴⁸
0.047-0.21	REML	Cambridge	Ad Dewi et al.²⁵
0.16	REML	Rambouillet	Matos et al.⁵¹
0.08	REML	Finnsheep	
0.25	MU	Rambouillet	
0.13	MU	Finnsheep	
0.07±0.03	REML	Boutsico	Kominakis et al.³⁰
0.077±0.014	MU	Aragonesa	Altarriba et al.²⁴
0.06-0.12	REML	Columbia	Okut et al.³¹
0.12-0.17		Polypay	
0.08-0.14		Rambouillet	
0.01-0.17		Targhee	
0.29-0.37	MU	Baluchi	Yazdi et al.³²
0.15-0.17	REML	White Alpine	Hagger¹¹
0.114		Brown-headed Meat	
0.225		Black-Brown Mountain	
0.122		Valais Blanck Nose	
0.03-0.11	REML	Columbia, Rambouillet, Targhee	Polypay, Bromley et al.⁵²
0.03-0.11	REML	Columbia, Rambouillet, Targhee	Polypay, Bromley et al.³³
0.09±0.01	REML	Columbia	Hanford et al.³⁴

0.26	MU	Sabi	Matika et al.³⁵
0.06-0.13	REML	Texel, Suffolk	Janssens et al.³⁷
0.05-0.18	MU	Texel, Suffolk	
0.10-0.13	-	Varias	Safari et al.⁵³
REML: Máxima verosimilitud restringida; MU: Modelo umbral; h_a^2: Heredabilidad para el efecto genético aditivo			

Cuadro 2			
Repetibilidad estimada en la literatura para el tamaño de la camada			
Re	Metodología	Raza	Autor (año)
0.22	REML	Ramboiullet	Waldron et al. ⁴⁹
0.12	REML	Romanov	María ²³
0.04-0.12	REML	Varias	Fogarty et al. ⁵⁰
0.818	REML	Cambridge	Ad Dewi et al. ²⁵
0.21	REML	Rambouillet	Matos et al. ⁵¹
0.11		Finnsheep	
0.11±0.02	REML	Boutsico	Kominakis et al. ³⁰
0.141±0.006	MU	Aragonesa	Altarriba et al. ²⁴
0.2-0.25	REML	Texel	Janssens et al. ³⁷
REML: Máxima verosimilitud restringida; MU: Modelo umbral; Re:Repetibilidad			

3. MATERIAL Y MÉTODOS

3.1 Características de la Unidad de Producción

El estudio se llevó a cabo en una unidad de producción de pie de cría de ovinos de la raza Pelibuey, ubicada en el municipio de Chalma, Edo de México. A una latitud de 18° 59' N, longitud de 99° 59' W a una elevación de 1740 msnm, con temperatura promedio de 20.7°C y una precipitación pluvial anual de 1124.3 mm⁵⁶.

El periodo estudiado fue del año 1986 al 2003, con registros de 1234 hembras, las cuales fueron reemplazos del mismo rancho. Toda hembra que presento información no confiable en el intervalo entre partos y días de lactación no se consideró. Se utilizaron 36 sementales, de los cuales 16 fueron introducidos, y 20 fueron reemplazos procedentes de la misma unidad de producción.

La población anual es de aproximadamente 250 hembras, 10 sementales y 350 corderos. El objetivo de producción es la venta de hembras y sementales para reemplazo.

Los machos permanecen estabulados recibiendo una dieta de forraje y complemento alimenticio con 14% de proteína. Para las hembras con sus corderos la alimentación consiste en pastoreo diurno en praderas de *Cynodom nlemfuensis* (Estrella de Surinam), por las tardes son estabuladas y reciben un complemento alimenticio con 17% de proteína y sales minerales a libre acceso. Las hembras vacías y gestantes permanecen en un sólo lote en pastoreo diurno en las tardes al ser estabuladas reciben suplemento con 20% de proteína.

El cordero es aretado al nacer y permanece de tres a cinco días junto a la madre en corraletas en el área de maternidad, después de este periodo sale junto con la oveja a pastorear. Las borregas con tres o más corderos nacidos vivos permanecen un mayor tiempo recibiendo una suplementación alimenticia y salen a pastoreo a criterio del responsable del rancho. El destete se hace los primeros días de cada mes y son destetados aquellos corderos que hayan nacido en los tres meses anteriores, sin considerar el día de nacimiento teniendo animales con edades entre 60 a 120 días.

El empadre se realiza durante todo el año en forma controlada, evitando apareamientos consanguíneos y repitiendo al semental hasta donde es posible en aquellos que han dado buenos resultados desde el punto de vista del productor.

El programa sanitario es básicamente desparasitación 3 a 4 veces al año, no se vacuna. Las enfermedades más comunes son diarrea, problema de céstodos, *Fasciola hepática* y piquetes de alacrán.

Durante los años de 1985 a 1990, el criterio de selección para los animales de reemplazo de la unidad de producción fue la ganancia diaria pre-destete y el tamaño de la camada del animal fue excluido, haciendo una revisión la mayoría de los animales reemplazados provenían de partos simples. En el periodo comprendido de 1991 a 1995 el tamaño de la camada fue el principal criterio de selección, se pedía que los animales elegidos procedieran de parto múltiple. Y de 1996 a 2003, además del tamaño de la camada de donde provenía el animal, se consideró la ganancia diaria de peso pre-destete como los dos criterios de selección de los animales de reemplazo.

3.2 Registros de Producción

Los registros de producción proporcionan la siguiente información: identificación de los animales y de sus progenitores, fecha de nacimiento y fecha de destete, peso al nacimiento y al destete. Con la información contenida se puede obtener el tamaño de camada total (TCT) y tamaño de camada nacidos vivos (TCNv) y el número de parto de la madre.

Los registros de ovejas que se eliminaron fueron debido a que tenían una lactación menor de 60 o mayores de 120 días, y un intervalo entre parto inferior de 170 días. Aquellos animales a los que les faltaba la identificación de los padres y su registro de producción presentaba información confiable se dejaron. Al término de la edición quedaron 4299 registros de producción de 1234 ovejas. El pedigrí esta formado por 7857 individuos de los cuales 464 no cuentan con la identificación ni del padre ni la madre y en sólo 2070 se cuenta con la identificación de alguno de los progenitores.

3.3 Determinación de Efectos Ambientales para el TCT y TCNv

Para la determinación de los efectos ambientales se consideraron los efectos de número de parto (Np) (NP=1,2,...,15), mes de parto (MP) (MP=1,2,...,12), año de parto (AP) (AP=1986,...,2003), intervalo entre partos (IEP), sin embargo en el modelo lineal generalizado donde se consideraron todos efectos anteriores y sus diferentes interacciones, el efecto de IEP no fue significativo por lo que salió del modelo. En el número de parto se consideran hembras primero a noveno parto y se agruparon las hembras de 10 o más partos. El mes de parto se agrupó en dos épocas de partos (EP) al no presentar diferencias significativa entre los meses de enero a agosto (época1) y entre los meses de septiembre a diciembre (época 2).

De esta forma la determinación de los efectos fijos del modelo final para el tamaño de la camada total (TCT) y el tamaño de la camada nacidos vivos (TCNv), se consideraron: número de parto (NP=1,2,...,9,≥10), año de parto (AP=1986,...,2003) y época de parto (EP1= Enero-Agosto, EP2= Septiembre-Diciembre).

Se analizaron diferentes modelos con la combinación de los efectos antes mencionados e interacciones. La evaluación de los modelos se realizó por medio de análisis de varianza, usando el procedimiento General Linear Model (GLM) en el paquete computacional SAS v. 8⁵⁷. Los factores principales e interacciones no significativos (P>0.05) no se incluyeron en el modelo. La interacción entre año y época de parto fue significativa por lo que se creó un sólo efecto denominado efecto año*época de parto (AEP).

El modelo de efectos fijos para las características TCT y TCNv consideró el efecto del NP y la interacción AEP, el modelo final fue:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + e_{ij}$$

donde: Y_{ij} representa el Tamaño de Camada Total (TCT) o Tamaño de Camada Nacidos vivos (TCNv); μ es la media poblacional de TCT o TCNv, α_i corresponde al efecto del i-ésimo nivel de número de parto de la oveja (i= 1,...,10);

β_j representa el efecto de j-ésimo nivel de año*época de parto (j= 1986-1, ..., 2003-1); e_{ij} es el error aleatorio $\sim N(0, \sigma^2)$.

3.4 Estimación de Componentes de varianza y Parámetros Genéticos para TCT y TCNv con Metodología REML

La obtención de los componentes de varianzas genéticos, parámetros genéticos y los valores genéticos se obtuvieron con un Modelo Animal (MA) con la metodología de Máxima Verosimilitud Restringida (REML) mediante el paquete computacional ASReml⁵⁸.

El MA que se considero para explicar el TCT y el TCNv incluyó los efectos fijos de Np y AEP, el efecto genético aditivo directo y el efecto ambiental permanente de la oveja. El modelo empleado en forma matricial fue:

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

donde: y corresponde al Vector de valores fenotípicos para TCT o TCNv; X representa la matriz de incidencia que relaciona los efectos fijos (NP y AEP) con las observaciones; b es el Vector desconocido de efectos fijos involucrados en la característica, incluye la media poblacional solo si se especifica en el modelo Z constituye la matriz de incidencia que relaciona los efectos aditivos con los registros de producción; a corresponde al vector desconocido de efectos genéticos aditivos directos; W es la matriz de incidencia que relaciona los efectos ambientales permanentes de la oveja con las observaciones; p representa al Vector desconocido de efectos ambientales permanentes de la oveja; e constituye el Vector de efectos residuales aleatorios.

La esperanza y la matriz de varianzas y covarianzas de los efectos aleatorios son las siguientes:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad \text{Var} \begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}$$

donde: A es el numerador de la matriz de relaciones; I es una matriz identidad; σ_a^2 varianza genética aditiva; σ_p^2 varianza de efecto ambiental permanente del individuo y σ_e^2 varianza de residuales^{19, 21, 44}.

Para efectos del AS-REML se le dieron valores a priori a la varianza del efecto genético aditivo directo y para la varianza del ambiente permanente, se utilizaron valores para la varianza del efecto genético aditivo directo desde 0.01 hasta 0.1 y para el efecto del ambiente permanente los valores empleados fueron de 0.01 hasta 0.05, dichos valores fueron obtenidos de la literatura, esto se realizó de esta manera para asegurar que la estimación de los parámetros no se modifican al cambiar el valor inicial de las varianzas.

3.5 Estimación de Componentes de varianza y Parámetros Genéticos para TCT y TCNv con Metodología Bayesiana

En el análisis de TCT y TCNv con la metodología bayesiana se realizó con un el programa personal de García-Cortés⁵⁹, empleando un MA con la metodología de un Modelo Umbral (MU) vía Cadenas de Markov Monte Carlo (MCMC), con el algoritmo de Metropolis-Hasting.

Para estos modelos se considera que el vector de datos contiene la información sobre TCT o TCNv (y) el cual se distribuye normal.

$$\langle y | b, a, p, \sigma_e^2 \rangle \sim N(Xb + Za + Wp, I\sigma_e^2)$$

donde: $y = \{y_i\} \sim (i=1, \dots, n)$ = Vector de datos categóricos observados. Aquí, cada y_i representa una asignación dentro de cada una de c categorías mutuamente excluyentes y conjuntamente exhaustivas de la variable respuesta; b corresponde al vector que contiene parámetros de localización asociados con los efectos fijos, su distribución a priori se supone es uniforme; a es el vector desconocido del efecto genético aditivos directo; p constituye el vector desconocido del efecto de ambiente permanente de la oveja; X, Z, W

corresponden a matrices de incidencia que relacionan los registros con los efectos fijos, genéticos aditivos directos, y de ambiente permanente de la oveja respectivamente; σ_e^2 representa a la varianza residual.

El número de umbrales empleados para los análisis fue de cuatro para TCT cumpliéndose la condición $c - 1$ umbrales y cinco para TCNv.

Se supuso que la distribución a priori del efecto genético aditivo y del ambiente permanente son distribuciones normales multivariadas.

$$\langle \begin{matrix} a \\ A \end{matrix} \middle| \sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

$$\langle \begin{matrix} p \\ \sigma_p^2 \end{matrix} \middle| \sim N(0, I\sigma_p^2)$$

En estas ecuaciones, σ_a^2 es la varianza genética aditiva en la población y σ_p^2 es la varianza de ambiente permanente. La matriz A es la matriz relaciones aditivas. El valor inicial para ambas varianzas fue de 0.01 y el número total de iteraciones para la obtención de la distribución a posteriori de los parámetros fue de 1,000,000.

3.6 Tendencias Fenotípicas y Genéticas del TCT y TCNv

Para la tendencia fenotípica de ambas características para el periodo estudiado, se realizó un análisis de regresión simple considerando el año de parto, utilizando el programa SAS⁵⁷ utilizando el siguiente modelo:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 X_i + \varepsilon_i$$

donde: Y_i representa el Tamaño de camada de la oveja (TCT y TCNv); β_0 representa a la ordenada al origen; β_1 es el coeficiente de regresión asociado al año de parto; X_i constituye el efecto del año de parto; ε_i es el error aleatorio $\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$.

Debido a que han existido tres esquemas de elección de los animales de reemplazo en la unidad de producción se utilizó el mismo modelo para analizar la tendencia fenotípica en cada uno de ellos, para ello se dividió en tres periodos: 1986 a 1990, 1991 a 1995 y 1996 a 2003, los cuales corresponden a los tres diferentes esquemas de selección utilizados.

La tendencia genética aditiva se empleó una regresión lineal simple donde la variable dependiente fueron los VG promedio de las ovejas en ese año y el año de parto fue la variable independiente, el modelo empleado fue:

$$Y_i = \beta_0 + \beta_1 X_i + \varepsilon_i$$

donde: Y_i es el valor genético aditivo para TCT o TCNv, β_0 representa la ordenada al origen; β_1 corresponde al coeficiente de regresión asociado al año de parto; X_i es el efecto del año de parto; ε_i constituye el error aleatorio $\varepsilon \sim N(0, \sigma^2)$

Para las tendencias genética y fenotípica se realizó una prueba de hipótesis para determinar si el coeficiente de regresión era diferente de cero.

La tendencia genética fue analizada en los tres periodos según los diferentes esquemas de selección de los animales de reemplazo de unidad de producción, siendo estos de 1986 a 1990, 1991 a 1995 y 1996 a 2003. Para los análisis por periodo no se consideraron los dos primeros años de cada uno de ellos para tomar en cuenta el intervalo generacional en la respuesta a la selección.

4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Efectos Ambientales del Tamaño de la Camada Total (TCT) y Tamaño de la Camada Nacidos vivos (TCNv).

La media para el TCT fue de 1.61 corderos con una desviación estándar 0.64 corderos, mientras que para el TCNv el promedio fue 1.53 corderos con un error estándar de 0.62 corderos durante el periodo de estudio que abarco de 1986 a 2003.

Para ambas características el NP y AEP fueron significativos ($P < 0.0001$), lo que coincide con lo descrito por María²³, Altarriba et al.²⁴ y González et al.²⁰ (ver Cuadro 3 y 4)

Cuadro 3				
Análisis de varianza para determinar los de efectos fijos para el Tamaño de Camada Total				
Fuente de Variación	Grados de libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Significancia (Valor de P)
Número de parto	9	58.72	6.52	<0.0001
Año*época de parto	33	108.13	3.28	<0.0001
Error	4256	1526.46	0.36	
Total	4298	1743.27		$R^2=0.13$

Cuadro 4				
Análisis de varianza para el modelo de efectos fijos del Tamaño de Camada Nacidos vivos				
Fuente de Variación	Grados de libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrados Medios	Significancia (Valor de P)
Número de parto	9	77.34	8.59	<0.0001
Año*época de parto	33	95.86	2.91	<0.0001
Error	4256	1406.87	0.33	
Total	4298	1628.09		$R^2=0.14$

Este efecto (AEP) esta asociado a variaciones en los factores climáticos (precipitación pluvial, humedad, cantidad y calidad de forrajes), cambios en el manejo del rebaño, desde el punto de vista reproductivo, estas diferencias pueden atribuirse a la condición corporal de las ovejas, a la tasa de ovulación, y a la mortalidad embrionaria durante la gestación.

El NP de la oveja fue significativo ($P < 0.0001$) para el TCT y TCNv esto concuerda con Guevara et al.²⁶, María²³, Yazdi et al.³² y González²⁰. Este factor es

atribuible a la capacidad uterina de la hembra para llevar a término al total de la camada. La oveja joven comparada con la adulta tiene una mayor incidencia de fallas reproductivas. La oveja primeriza presenta un TC menor que la oveja adulta, los partos dobles son poco frecuentes y los triples raramente se presentan. En gran medida el menor TC en ovejas jóvenes se debe a que sus tasas de ovulación son bajas y estas aumentan con un mayor número de partos²⁰.

4.2. Componentes de Varianza y Parámetros Genéticos para el Tamaño de la Camada Total y Tamaño de la Camada Nacidos vivos con metodología REML

Los componentes de varianza para las características TCT y TCNv fueron: varianza del efecto genético aditivo directo, varianza del ambiente permanente y varianza de residuales. Los resultados se presentan en el Cuadro 5.

El valor encontrado para la varianza aditiva directa del TCT fue de 0.04, valor similar a lo encontrado por Kominakis et al.³⁰ en ovejas Boutsico Dairy de 0.0103, o de 0.03 descrito por Hanford et al.³⁴ en la raza Columbia. Matos et al.⁵¹ indican un valor de 0.02 y de 0.04 para las razas Finnsheep y Rambouillet respectivamente, mientras María²³ determinó en ovinos Romanov un valor de 0.06, Okut et al.³¹ estudiando ovinos de las razas Columbia, Polypay, Rambouillet y Targhee estima valores para la varianza aditiva que van de 0.02-0.08, valores similares determino Hageer¹¹ en la primera camada de ovejas de diferentes razas suizas. La varianza aditiva directa estimada para el TCT por Bromley et al.³³ en ovejas de la raza Polypay fue de 0.12 y Ap Dewi et al.²⁵ estiman en ovejas de la raza Cambridge mayores de dos años fue de 0.251, estos valores superan considerablemente al encontrado en este estudio para la raza Pelibuey.

Para el TCNv el estimador de la varianza aditiva en ovinos Pelibuey fue de 0.024. Okut et al.³¹ encontraron valores entre 0.02 a 0.05, en ovejas con una edad de uno a tres años de las razas Columbia, Rambouillet y Targheet, sin embargo encuentran un valor de 0.08 para ovejas mayores de tres años de la raza Polypay.

La varianza del ambiente permanente en este estudio fue de 0.003 para ambas características. Matos et al.⁵¹ en ovinos Rambouillet y Finnsheep; Okut et al.³¹ y Bromley et al.⁵² en ovinos de las razas Columbia, Polypay, Rambouillet y Targhee; y Hanford et al.³⁴ en ovinos Columbia, estimaron una varianza para este efecto que va desde cero hasta 0.04, el valor obtenido de la varianza permanente en este estudio se encuentra en este intervalo para ovino Pelibuey^{23,25,30,31,33,34}. Sin embargo Kominakis et al.³⁰ en ovinos Boutsico dairy y Ap Dewi et al.²⁵ para ovinos de la raza Cambridge, estima una varianza para el ambiente permanente de 0.0911 y 0.256 respectivamente, valores altos en relación al estimado en este estudio para el ovino Pelibuey.

El Cuadro 6 muestra la heredabilidad para el efecto genético aditivo directo y la repetibilidad, para el Tamaño de camada total (TCT) y Tamaño de camada nacidos vivos (TCNv) en ovino Pelibuey.

La heredabilidad para el TCT en ovino Pelibuey fue de 0.11, en la literatura un valor cercano al encontrado en este estudio son los trabajos realizados por Maria²³ en ovinos de la raza Romanov y Hanford et al.³⁴ en ovejas de la raza Columbia determinan un valor de 0.09; Matos et al.⁵¹ estima en la raza Rambouillet un valor de 0.08 y 0.16 para la raza Finnsheep; Okut et al.³¹ en ovinos de las razas Polypay y Rambouillet determinan un heredabilidad en el rango de 0.08 a 0.17, Hagger¹¹ estudiando varias razas de ovejas suizas encuentra valores para la heredabilidad del TCT al primer parto de 0.114 a 0.171. Mientras que una revisión de estudios realizada por Fogarty et al.⁵⁰, describen en diferentes razas un rango de valores que van de 0.01 a 0.19 y Safari et al.⁵³ informa de una heredabilidad promedio de 0.13 para el TCT.

Por su parte Kominakis et al.³⁰ en ovinos Boutsico dairy estima un valor de 0.07 valor relativamente bajo en relación al encontrado en este estudio para el ovino Pelibuey. Los estudios realizador por Ap Dewi et al.²⁵ en ovejas adultas (>2 años) de la raza Cambridge de 0.21, o por Hagger¹¹ en ovejas de la raza Black-Brown Mountain, de 0.225, estos valores son altos en relación al encontrado para el TCT en ovino Pelibuey.

Con relación a la heredabilidad para el TCNv en ovino Pelibuey se estimó un valor de 0.07. En la literatura este parámetro en razas como la Columbia, Polypay, Rambouillet y Targhee presenta valores entre 0.01 a 0.17 en ovejas de diferentes edad estudiadas por Okut et al.³¹. Safari et al.⁵³ en una revisión de literatura para el TCNv obtiene un promedio de heredabilidad de 0.05 a 0.15.

La repetibilidad para el TCT en ovinos Pelibuey fue de 0.12 y para TCNv fue de 0.08. Estudios realizados para estimar la repetibilidad de estas características en la raza Romanov fue de 0.12²³, en ovinos Boutsico dairy y Finnsheep fue de 0.11^{30, 51}, estos valores son similares a los estimados en este estudio. Una revisión de literatura realizada por Fogarty⁵⁰ indica que el valor para la repetibilidad toma valores entre 0.04 a 0.29. Sin embargo Matos et al.⁵¹ estima en ovinos Rambouillet una repetibilidad de 0.21, y Ap Dewi et al.²⁵ en los ovinos Cambridge obtienen una repetibilidad de 0.81²⁵, dichos valores son altos con relación a lo encontrado en la raza Pelibuey.

Cuadro 5					
Componentes de varianzas para el Tamaño de Camada Total y Tamaño de Camada Nacidos vivos con metodología Máxima Verosimilitud Restringida (REML)					
Variable	σ_f^2	σ_a^2	σ_p^2	σ_e^2	LogL
Tamaño de la Camada Total (TCT)	0.361	0.040	0.003	0.32	28.5
Tamaño de la Camada Nacidos Vivos (TCNv)	0.333	0.024	0.003	0.31	160.8
σ_f^2 = Varianza Fenotípica; σ_a^2 = Varianza genética aditiva directa; σ_p^2 = Varianza de efectos ambientales permanentes; σ_e^2 = varianza de residuales; LogL = Logaritmo de la verosimilitud; REML = Máxima Verosimilitud Restringida					

Cuadro 6		
Heredabilidad para el efecto genético aditivo directo y Repetibilidad de Tamaño de Camada Total y Tamaño de Camada Nacidos vivos, con metodología REML		
Variable	$h_d^2 \pm e.e.$	$Re \pm e.e.$
Tamaño de la Camada Total (TCT)	0.11±0.020	0.12±0.016
Tamaño de la Camada Nacidos Vivos (TCNv)	0.07±0.014	0.08±0.014
h_d^2 = Índice de heredabilidad del efecto genético aditivo directo; $e.e.$ = Error estándar; Re = Repetibilidad; REML = Máxima Verosimilitud Restringida		

4.3. Componentes de Varianza y Parámetros Genéticos para el TCT y TCNv con metodología Bayesiana

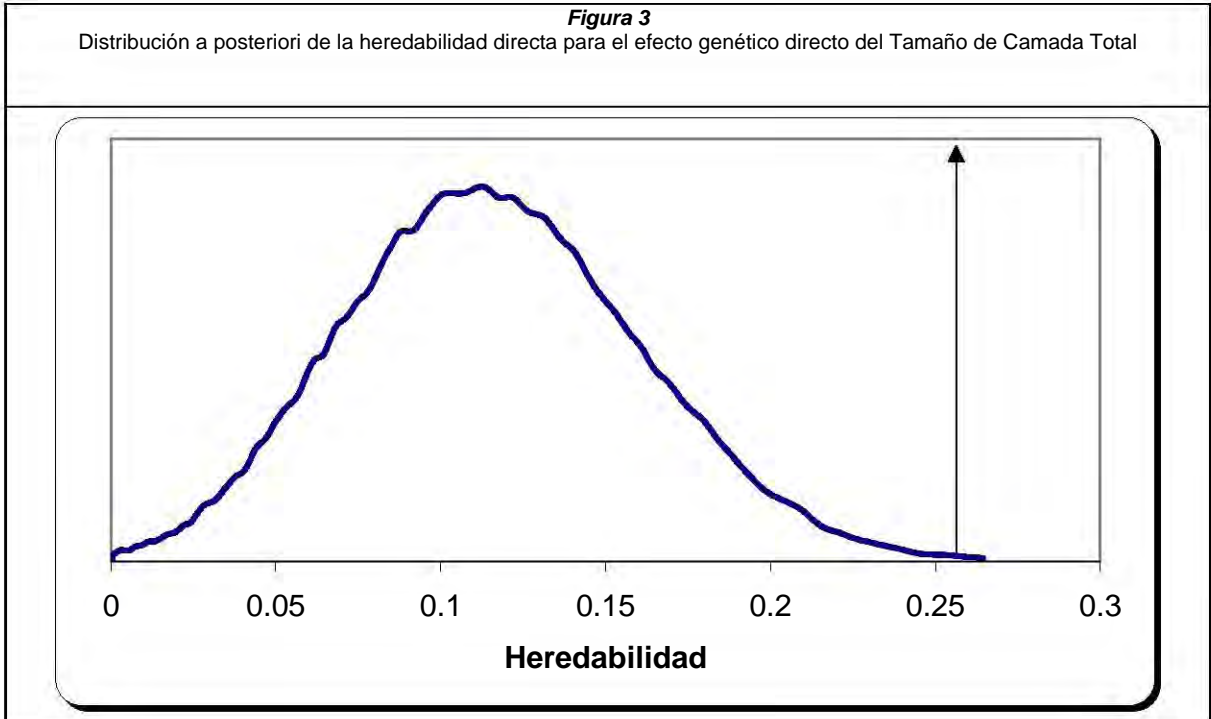
La heredabilidad promedio para el efecto genético aditivo para el TCT en ovino Pelibuey fue de 0.12 ± 0.005 . El intervalo de probabilidad al 95% para la heredabilidad va de 0.0 a 0.26 (Cuadro 7) la distribución a posteriori se muestra en la Figura 3.

Altarriba et al.²⁴ estima una heredabilidad de 0.077 ± 0.017 para el tamaño de la camada en ovinos de la raza Aragonesa empleando el mismo modelo utilizado en este estudio, la estimación obtenida es similar a obtenida para el ovino Pelibuey.

Matos et al.⁵² estudiando ovinos de la raza Rambouillet encontró una heredabilidad para el efecto genético aditivo directo de 0.25 empleando un modelo animal con efecto aleatorio del individuo con un modelo umbral. Y Matika et al.³⁵ utilizando un modelo semental estima una heredabilidad de 0.26. Ambos autores encontraron un valor alto al estimado en este estudio con diferentes modelos.

En estudios empleando el modelo animal bivariado con la metodología de un modelo umbral, los valores obtenidos han sido: Pérez-Enciso et al.⁴⁹ en ovinos de la raza Lacaune estima una heredabilidad de 0.12 y Janssens et al.³⁷ en ovejas Suffolk con un sistema de apareamiento con monta natural encuentra una estimación de 0.10 ± 0.02 y en ovejas con inseminación artificial de 0.11 ± 0.03 , los mismos autores pero en ovejas de la raza Texel con monta natural la heredabilidad fue de 0.18 ± 0.01 y con inseminación artificial fue de 0.11 ± 0.01 , dichas estimaciones son similares al estimado para la raza Pelibuey; Yazdi et al.³² obtiene una heredabilidad para ovejas de primero, segundo y tercer parto en la raza Baluchi de 0.34, 0.36 y 0.43 respectivamente, dichas estimaciones son altas para la raza Pelibuey.

Cuadro 7		
Heredabilidad para el efecto genético aditivo directo para el Tamaño de Camada Total y Tamaño de Camada Nacidos vivos, con metodología Bayesiana (MU)		
	$h_d^2 \pm e.e.$	Intervalo de Probabilidad al 95%
Tamaño de la Camada Total (TCT)	0.12±0.005	(0 - 0.26)
h_d^2 =Índice de heredabilidad del efecto genético aditivo directo; <i>e.e.</i> =Error estándar; MU=Modelo umbral		



4.4. Valores Genéticos para el Tamaño de la Camada Total y Tamaño de la Camada Nacidos vivos

El rango de los valores genéticos para los animales evaluados en este estudio fue de -0.33 a 0.53 corderos para el TCT, presentando el 48.08% de valores negativos, 46.43% de valores positivos y el 5.49% presentan un valor genético igual a cero. En el año 1996 se encuentra el mayor valor genético promedio anual con un valor de 0.036 corderos, mientras que 1991 tiene el valor genético promedio anual menor con -0.022 corderos La estadística descriptiva de los valores genéticos por año se muestra en el Cuadro 8.

Cuadro 8			
Estadística descriptiva de los valores genéticos del Tamaño de la Camada Total por año			
Año	n	Media de valor genético de TCT	Error estándar
1985	467	0.0009	0.0019
1986	206	-0.0010	0.0024
1987	241	0.0027	0.0033
1988	185	0.0031	0.0040
1989	229	-0.0014	0.0049
1990	232	0.0077	0.0046
1991	351	-0.0218	0.0043
1992	468	-0.0161	0.0034
1993	406	-0.0140	0.0044
1994	469	0.0312	0.0046
1995	406	0.0196	0.0054
1996	449	0.0362	0.0055
1997	404	-0.0024	0.0054
1998	540	-0.0074	0.0049
1999	538	-0.0066	0.0057
2000	552	0.0141	0.0056
2001	629	0.0171	0.0045
2002	638	0.0294	0.0036
2003	447	0.0257	0.0035

Mientras que el rango de los valores genéticos para el TCNv en este estudio fue de -0.22 a 0.33 corderos, presentando el 44.3% de valores negativos, 50.1% de valores positivos y el 5.6% presentan un valor genético igual a cero. El año 1996 tiene el mayor valor genético promedio anual con un valor de 0.036

corderos, mientras que 1991 tiene el valor genético promedio anual menor con -0.011 corderos. La estadística descriptiva de los valores genéticos por año se muestra en el Cuadro 9.

Cuadro 9			
Estadística descriptiva de los valores genéticos del Tamaño de la Camada Nacidos vivos por año			
Año	n	Media de valor genético de TCNv	Error estándar
1985	467	0.0011	0.0014
1986	207	-0.0006	0.0019
1987	241	0.0026	0.0022
1988	185	0.0022	0.0031
1989	229	0.0016	0.0034
1990	231	0.0060	0.0033
1991	351	-0.0111	0.0029
1992	468	-0.0105	0.0024
1993	406	-0.0096	0.0031
1994	469	0.0240	0.0032
1995	406	0.0141	0.0037
1996	449	0.0306	0.0036
1997	404	0.0079	0.0033
1998	540	0.0060	0.0030
1999	538	0.0069	0.0032
2000	552	0.0177	0.0031
2001	629	0.0161	0.0024
2002	638	0.0306	0.0023
2003	447	0.0292	0.0024

En el último año de estudio se utilizaron 215 hembras, el rango de valores genéticos de estos animales fue de -0.28 a 0.46 corderos, de las cuales 82 (38.14%) presentan valor genético negativo y 133 (61.86%) tienen un valor positivo para el TCT, mientras que para el TCNv de las 215 hembras el valor genético fue de -0.17 a 0.29 corderos, el 34.42% (74 hembras) presentaron valores genéticos negativos y 65.58% (141 hembras) tienen un valor genético positivo. Las hembras empleadas en este año han mejorado en general la calidad genética del rebaño en cuanto a las características TCT y TCNv, sin embargo existe una fracción de ellas con valores genéticos negativos, lo que refleja la

importancia de optimizar los esquemas de selección para esta característica, sin olvidar los indicadores de productividad dentro del rebaño.

Los corderos nacidos en el año del 2003 fueron 409, presentando un valor genético entre -0.16 a 0.26 corderos para el TCT, de estos animales 254 corderos (62.1%) presentaron un valor genético positivo, con valores negativos fueron 148 corderos (36.19%) y el 7 corderos (1.71%) presentaron un valor genético de cero. Mientras que los corderos nacidos en ese año presentaron para el TCNv un valor genético de -0.0853 a 0.1724 corderos, los animales con valor genético positivo fueron el 70.66% (289 corderos), y con valores negativos el 27.63% (113 corderos) y el 1.71% (7 corderos) presentaron un valor genético de cero. Esto indica que para ese año existe un número considerable de individuos que pueden ser considerados como reemplazos y así generar un aumento en la media poblacional tanto para el TCT y para el TCNv.

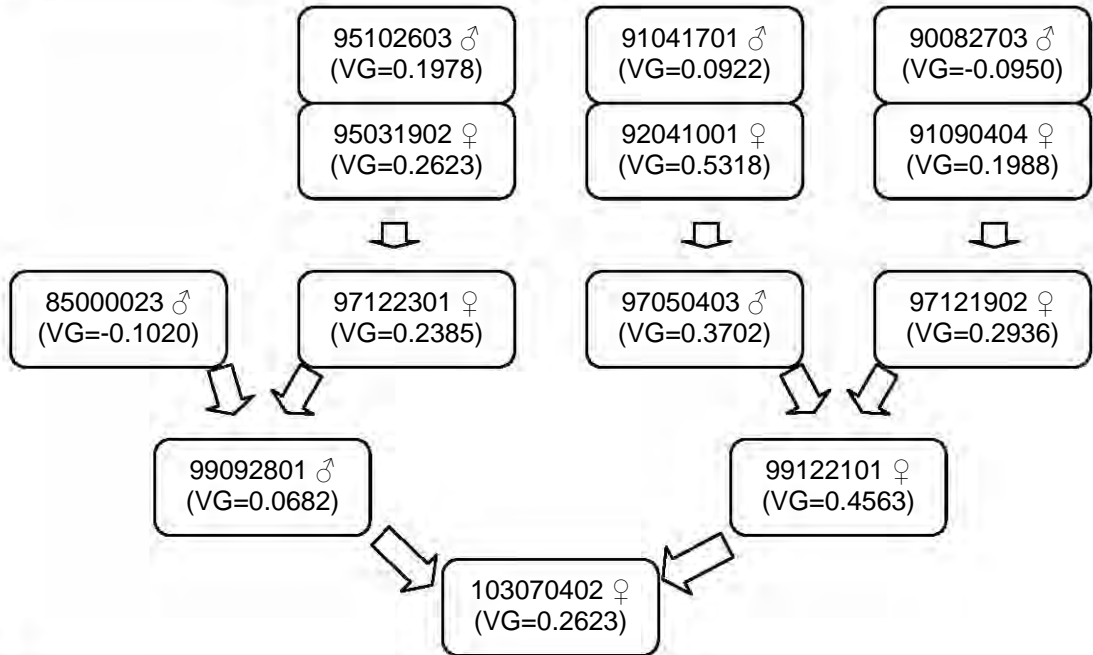
En el caso de TCT el cordero con mejor valor genético (0.26 corderos) corresponde a una hembra, hija del semental con un valor genético de 0.07 corderos y su madre presentó un valor genético de 0.46 corderos y es la segunda hembra con el mejor valor genético de la explotación.

El animal con el mejor valor genético para el TCNv fue de 0.17 corderos es una hembra, su padre presenta un valor genético de 0.083 corderos y su madre presenta el sexto valor genético mejor de la explotación de 0.262 corderos.

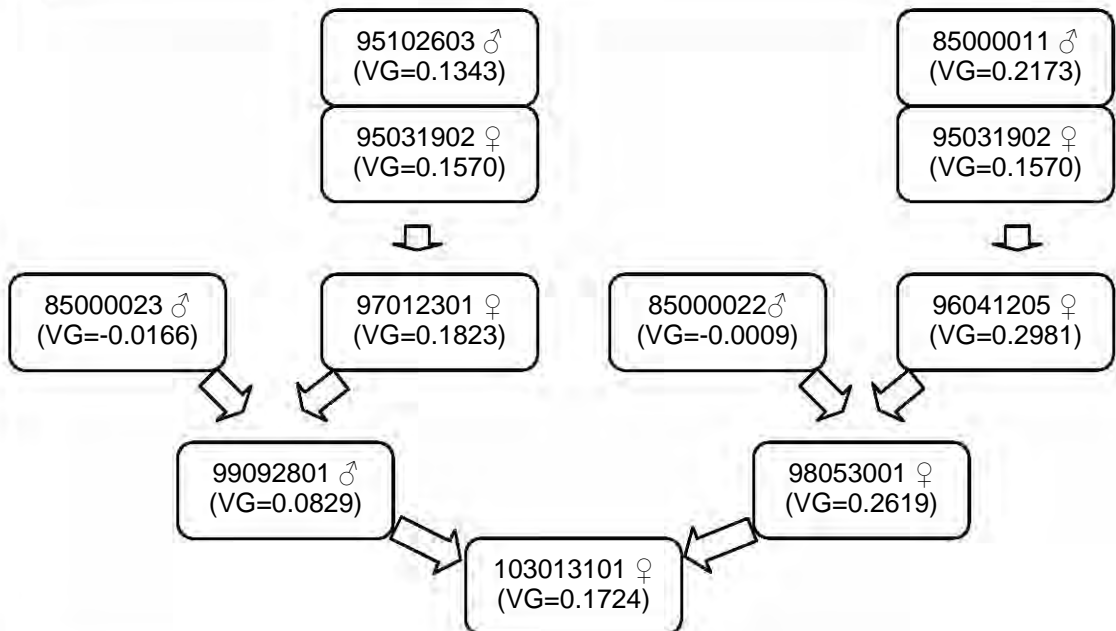
La Figura 4 muestra el pedigrí de los corderos del año 2003 con los valores genéticos positivos más altos, como se puede observar la mayoría de los animales que forman el pedigrí presentan un valor genético positivo estando estos entre valores medios y altos para el TCT y TCNv.

El cordero con menor valor genético en el año 2003 para el TCT fue una hembra con valor genético -0.156 corderos, su padre presentó un valor genético negativo de -0.088 y su madre tenía valor genético negativo de -0.224 corderos siendo la madre el segundo valor genético negativo más alto de la explotación.

FIGURA 4
Pedigrí del cordero del 2003 con el mejor valor genético (VG) para TCT



Pedigrí del cordero del 2003 con el mejor valor genético (VG) para TCNv



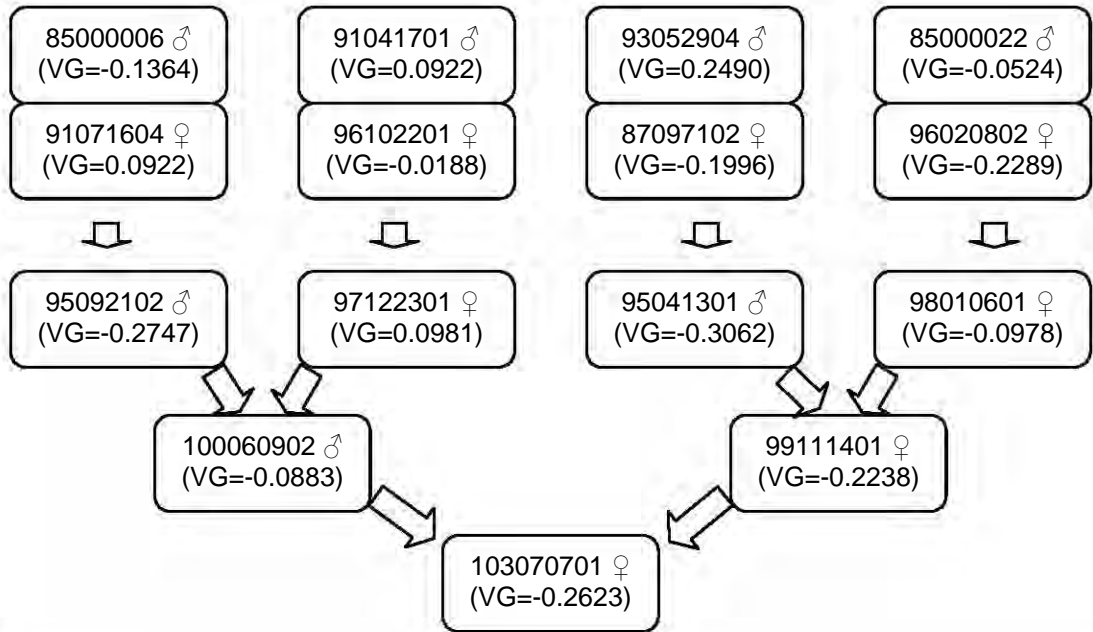
El cordero con el valor genético menor para el TCNV fue de -0.085 corderos es una hembra, su padre presenta un valor genético de -0.026 corderos y su madre presento un valor genético de -0.145 corderos; es de hacer notar que el animal con valor genético bajo para ambas características fue el mismo en el año del 2003, lo anterior refleja la importancia de conocer el valor genético de los animales antes de incluirlos en un programa reproductivo.

En la Figura 5 se presenta el pedigrí de los corderos del año 2003 con los valores genéticos negativos, y se puede observar que el valor genético de los animales que forman el pedigrí la mayoría es negativo.

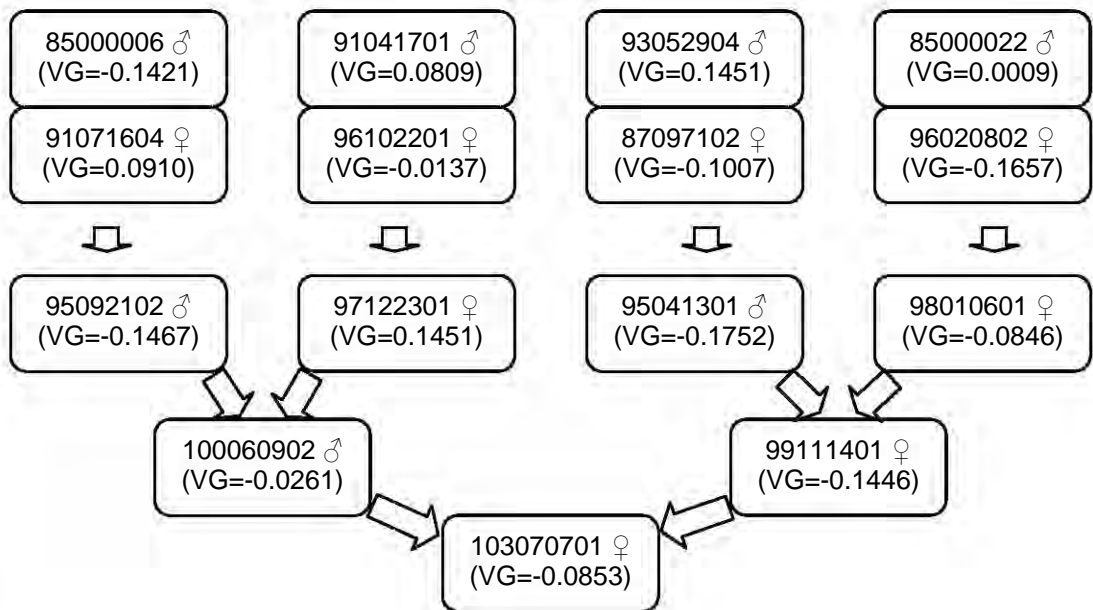
En el año del 2003 los sementales con diez o más montas fueron ocho, los cuales tienen un promedio del valor genético de 0.029 corderos con un mínimo de -0.148y un máximo de 0.37; para el TCNV el valor genético promedio fue 0.03 corderos con un mínimo de -0.07 y un máximo de 0.17. En ambas características cuatro de ellos presenta valor genético positivo y cuatro de ellos presenta el valor genético negativo. Las Figuras 6 y 7 muestran el valor genético para TCT y TCNV de los sementales utilizados en la unidad de producción en el 2003, y muestran que los 3 últimos sementales seleccionados de la unidad de producción presentan valores genéticos negativos para ambas características.

De los 16 sementales externos ingresados a la unidad de producción en el periodo estudiado, sus valores genéticos van de -0.19 a 0.28 corderos, de los cuales el 87.5% (14 animales) presentan un valor genético negativo y el 12.5% su valor genético fue positivo (2 animales) para el TCT; mientras que el valor genético para el TCNV va de -0.14 a 0.22 corderos, de los cuales 13 sementales tuvieron un valor genético negativo (81.25%) y 3 sementales tuvieron un valor genético positivo (18.75%). La evaluación de estos animales antes de ser utilizados como reproductores por medio la evaluación genética para las características bajo estudio hubiera permitido un mejor manejo de esta información y decidir en el menor tiempo posible su permanencia en la población o ser desechados, con la consecuencia de evitar la diseminación de material genético no benéfico para el tamaño de la camada en el rebaño.

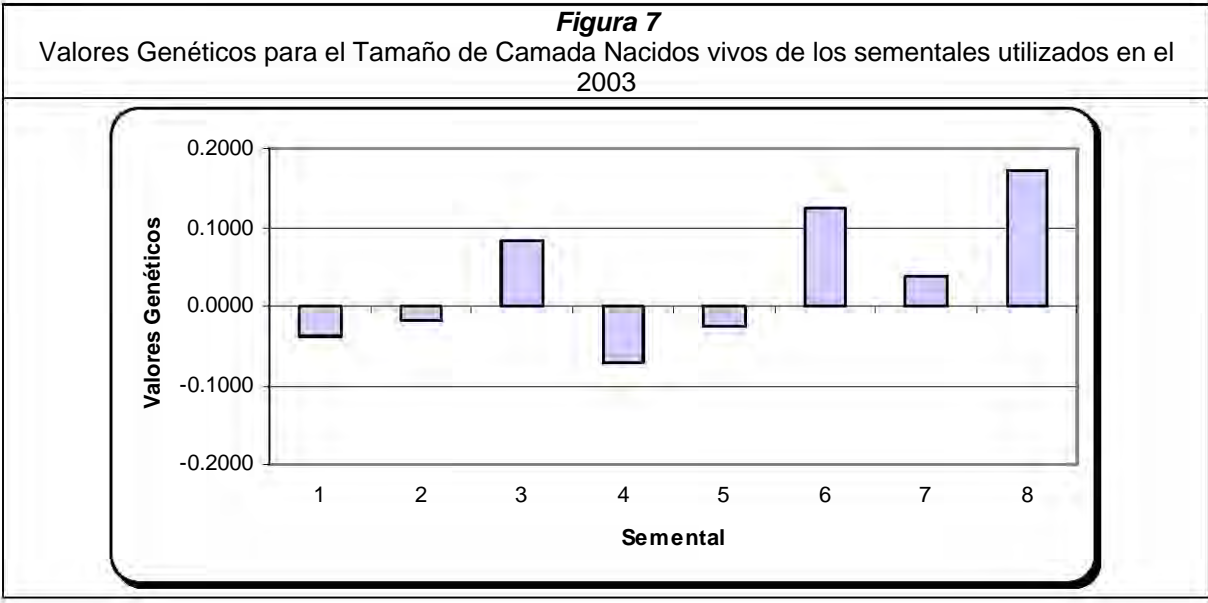
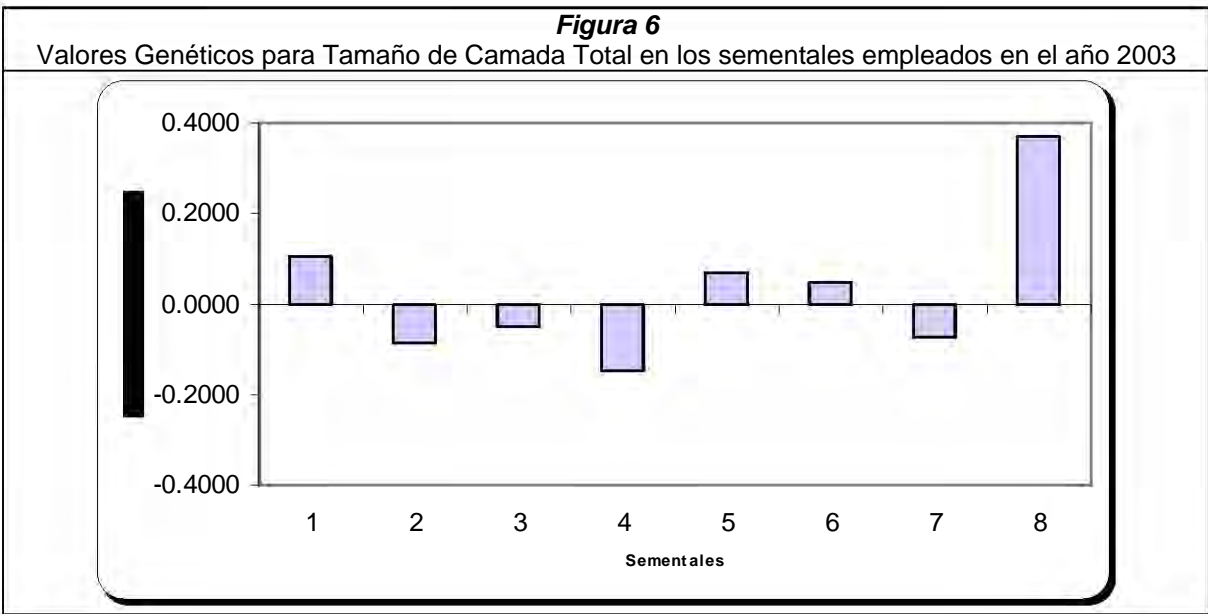
FIGURA 5
Pedigrí del cordero del 2003 con el valor genético (VG) negativo para TCT



Pedigrí del cordero del 2003 con el valor genético (VG) negativo para TCNv



La unidad de producción se vería mejorada al realizar la selección de posibles animales reproductores a partir de los resultados de una evaluación genética, aprovechando la información de los progenitores y parientes colaterales y en función de los objetivos económicos de la misma.



La exactitud de los valores genéticos fue obtenida a partir de la correlación entre el VG real y el VG predicho para la característica de interés, y es un indicador de la cantidad de información disponible al momento del cálculo de los VG. La exactitud toma valores de 0 a 0.99 y puede ser dividida en 3 grupos como se describe en el Cuadro 10⁶⁰.

Cuadro 10		
Clasificación de las exactitudes de los Valores Genéticos		
Exactitud Baja	Exactitud Moderada	Exactitud Alta
0 a 0.4	0.41 a 0.6	> 0.6

Las exactitudes de los valores genéticos de los individuos bajo estudio presentaron un mínimo de 0.045 y un máximo de 0.893 para el TCT, y para el TCNv el mínimo fue de 0.052 y un máximo de 0.853. La distribución en las tres categorías de las exactitudes se puede ver en el Cuadro 11.

Cuadro 11			
Distribución de las exactitudes de los valores genéticos de animales en el estudio			
	Exactitud Baja (0 a 0.4)	Exactitud Moderada (0.41 a 0.6)	Exactitud Alta (>0.6)
TCT	30.9%	59.8%	9.3%
TCNv	38.2%	56.9%	4.9%

TCT=Tamaño de Camada Total; TCNv=Tamaño de Camada Nacidos vivos

Las exactitudes de los valores genéticos de los corderos nacidos en el 2003 presentan un valor mínimo de 0.43 y un máximo de 0.85 para el TCT; para el TCNv el valor de la exactitudes mínima fue de 0.05 y el máximo de 0.49. En el Cuadro 12 se observa la distribución de las exactitudes.

Para las hembras empleadas en el 2003, las exactitudes de los valores genéticos se encuentran entre 0.0532 y 0.6932 en el TCT, mientras que las exactitudes para el TCNv se encuentran entre 0.2715 y 0.7329. El Cuadro 13 muestra la distribución de las exactitudes para las hembras en el año 2003. En este grupo las ovejas tienen varias partos y por lo tanto poseen varias fuentes de información y dentro del rebaño se encuentra una importante cantidad de parientes, entre medios hermanos, hermanos completos, progenitores, abuelos y

otro, con lo que las exactitudes de la mayoría de las hembras presentan exactitudes entre moderadas a altas.

Cuadro 12			
Distribución de las exactitudes de los valores genéticos de los corderos nacidos en el 2003			
	Exactitud Baja (0 a 0.4)	Exactitud Moderada (0.41 a 0.6)	Exactitud Alta (>0.6)
TCT		30.56%	69.44%
TCNv	81.17%	18.83%	
TCT=Tamaño de Camada Total; TCNv=Tamaño de Camada Nacidos vivos			

Cuadro 13			
Distribución de las exactitudes de los valores genéticos de las hembras empleadas en el 2003			
	Exactitud Baja (0 a 0.4)	Exactitud Moderada (0.41 a 0.6)	Exactitud Alta (>0.6)
TCT	47.9%	31.2%	20.9%
TCNv	22.3%	47.0%	30.7%
TCT=Tamaño de Camada Total; TCNv=Tamaño de Camada Nacidos vivos			

En los sementales las exactitudes están entre 0.19 a 0.65 en el TCT, mientras que para TCNv las exactitudes de los sementales empleados en el 2003 estuvieron entre 0.37 a 0.76. Seis de esos ocho sementales son reemplazo de la unidad de producción y cuentan con información de progenie, parientes colaterales, progenitores presentando exactitudes en todos los grupos; y dos son externo los cuales solo cuenta con información de progenie presentando exactitudes de moderadas a altas para ambas características.

En el caso de los ovinos el introducir un semental al rebaño implica la realización de una serie de apareamientos para poder conseguir una exactitudes de moderada a alta para su evaluación, mientras que los que sementales generados en la unidad de producción cuentan con información de ancestros, parientes colaterales y con su propia información, por lo que el número de crías necesarias para tener evaluaciones confiables se reduce.

Al iniciarse el control de producción para realizar evaluaciones genéticas las exactitudes de los individuos son bajas y se incrementan conforme pasan las generaciones, ya que dependen de la cantidad y calidad de la información que aporta la familia del individuo.

Cuadro 14			
Distribución de las exactitudes de los valores genéticos de los Sementales empleados en el 2003			
	Exactitud Baja (0 a 0.4)	Exactitud Moderada (0.41 a 0.6)	Exactitud Alta (>0.6)
TCT	25%	50%	25%
TCNv	12.5%	62.5%	25%
TCT=Tamaño de Camada Total; TCNv=Tamaño de Camada Nacidos vivos			

4.5. Tendencias fenotípicas y genéticas en el periodo de 1985 a 2003.

La tendencia fenotípica calculada en el periodo de 1985 a 2003 del TCT fue de 0.034 ± 0.002 corderos/año, mientras que TCNv este incremento anual fue de 0.032 ± 0.002 corderos/año. La tendencia del efecto genético aditivo directo anual del TCT fue de 0.001 ± 0.0001 corderos/año y para TCNv fue de 0.002 ± 0.000 corderos/año ambas características.

La Figura 8 y 9 se muestran las tendencias fenotípicas y genéticas para las características TCT y TCNv respectivamente del periodo estudiado.

Debido a que han existido tres criterios de elección en los animales de reemplazo en la unidad de producción se obtuvieron la tendencia fenotípica y genética en cada uno de ellos, los tres periodos fueron: 1986 a 1990 el criterio de selección fue la ganancia diaria pre-destete; el criterio de selección principal de 1991 a 1995 fue tamaño de la camada total y de 1996 a 2003 se consideró el TC y la ganancia diaria pre-destete.

4.5.1. Tendencias fenotípicas y genéticas en el periodo de 1985 a 1990

En el periodo de 1985 a 1990 el criterio de selección de los reemplazos de la unidad de producción fue la ganancia de peso pre-destete. Las tendencias fenotípicas presentan un incremento significativo ($P < 0.0001$) para ambas características, sin embargo las tendencias genéticas presentaron un decremento sin ser significativo, es decir desde el punto de vista fenotípico el TCT aumento 0.064 corderos/año y TCNv aumento 0.063 corderos/año, sin embargo genéticamente estas características no mostraron cambios significativos.

Figura 8
Tendencias Fenotípicas y Genéticas promedio anual para Tamaño de la Camada Total en Ovino Pelibuey de 1985 a 2003

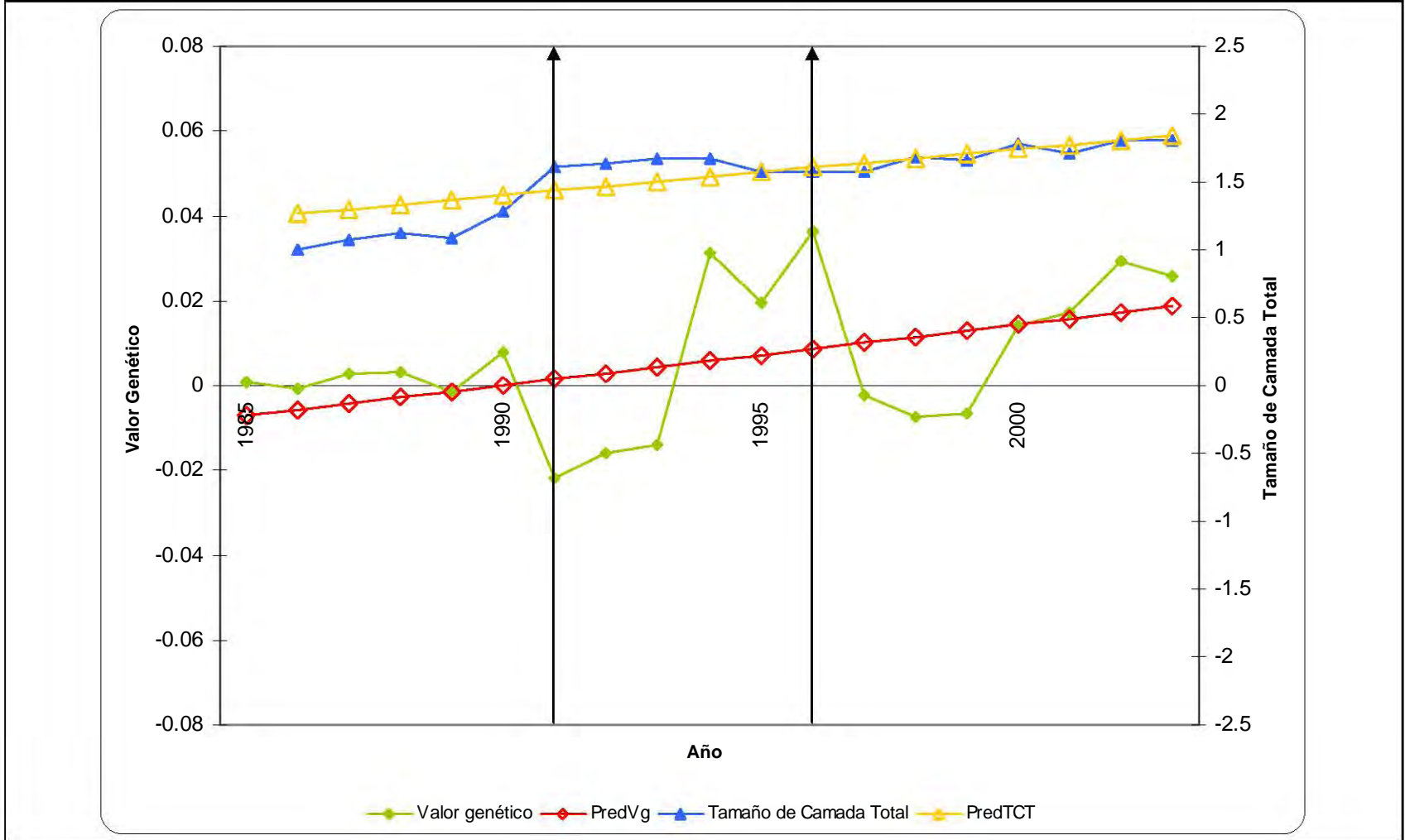
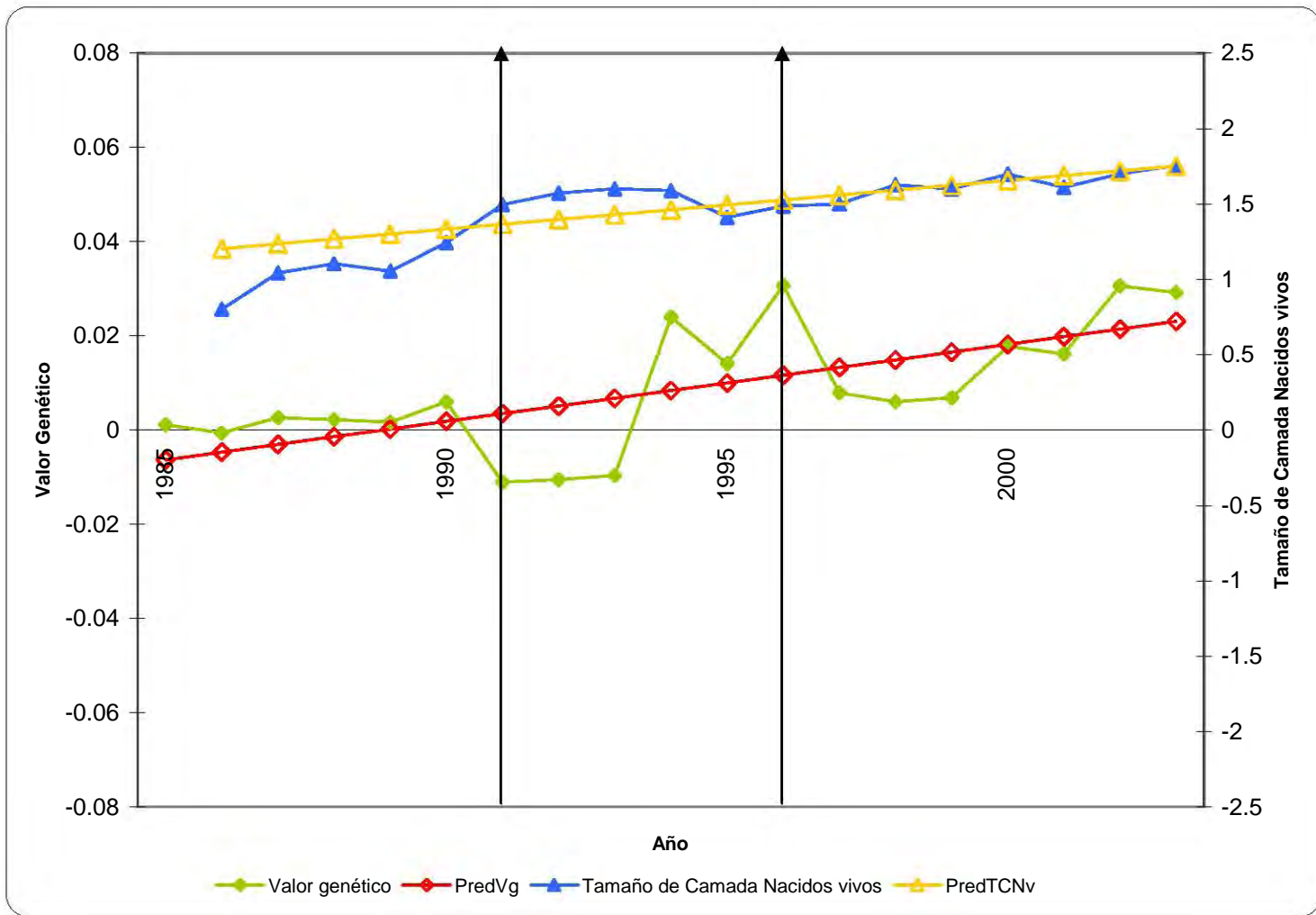


Figura 9
Tendencia Fenotípica y Genética promedio anual para Tamaño de Camada Nacidos vivos en Ovinos
Pelibuey de 1985 a 2003



Las Figuras 10 y 11 presentan las tendencias fenotípicas y genéticas para ambas características. Se puede observar en ambas variables (TCT y TCNv) un aumento fenotípico, sin embargo genéticamente no hay cambio.

Ercanbrack y Knight⁵⁵ en ovinos de las razas Rambouillet, Targhee, Columbia y Polypay en líneas seleccionadas para el peso de la camada al destete, obtiene una tendencia fenotípica anual en prolificidad de 0.0184 corderos, dicho valor difiere con el valor obtenido para ovino Pelibuey en este estudio para TCT y TCNv.

4.5.2. Tendencias fenotípicas y genéticas en el periodo de 1991 a 1995.

Los cambios fenotípicos para el periodo de 1991 a 1995 en los cuales el criterio de elección de los reproductores fue principalmente el tamaño de la camada fueron -0.006 ± 0.014 corderos/año ($P=0.668$) y -0.019 ± 0.013 corderos/año ($P=0.15$) para TCT y TCNv respectivamente. Sin embargo el cambio genético para el TCT se incrementó en promedio 0.013 ± 0.001 corderos y 0.009 ± 0.001 corderos/año para el TCNv ambos significativos ($P < 0.0001$).

Estudio realizado por Hanford et al.³⁴ en ovinos Columbia, estima un cambio genético promedio para el tamaño de la camada de 0.013 corderos/año en el periodo de 1950 a 1998, dicho valor es igual al estimado para el TCT, y similar para el estimado para el TCNv en Pelibuey. Burfening et al.⁵⁶ en ovino Rambouillet estima cambios genéticos para el tamaño de la camada total en una línea de ovinos seleccionada encontrando un cambio de 0.0164 ± 0.0007 corderos, este resultado es similar al encontrado para el TCNv y para el TCT en ovino Pelibuey en este estudio.

Ercanbrack y Knight⁵⁵ en ovinos de las razas Rambouillet, Targhee, Columbia y Polypay en líneas seleccionadas para el peso de la camada al destete, obtiene una tendencia fenotípica anual en prolificidad de 0.0184 corderos, dicho valor difiere con el valor obtenido para ovino Pelibuey, el cambio genético que determinan fue de 0.0144 corderos para las mismas razas, este valor es similar para la característica TCT y TCNv en Pelibuey.

Las Figuras 12 y 13 se presentan las tendencias fenotípicas y genéticas para TCT y TCNv respectivamente durante el periodo comprendido de 1991 a 1995. La media de los valores fenotípicos presentan un incremento que se mantiene hasta el año de 1993 sin embargo decae en los últimos dos años del periodo. Mientras que para los cambios en el efecto genético aditivo directo se incrementa desde 1991 hasta el año de 1994 sin embargo para el último año del periodo (1995) decrece.

4.5.3. Tendencias fenotípicas y genotípicas en el periodo de 1996 a 2003.

Los cambios fenotípicos para TCT y TCNv muestran un incremento de 0.036 y 0.034 corderos/año respectivamente, mientras que el cambio genético para el TCT se incrementa 0.003 y 0.002 corderos/año para el TCNv durante el periodo de 1996 a 2003, donde el criterio de elección de los reproductores de la unidad de producción son el tamaño de la camada del que proviene el animal y el peso pre-destete.

En las Figuras 14 y 15 se muestran los cambios genéticos y fenotípicos de TCT y TCNv en el periodo de 1996 a 2003. La tendencia fenotípica se mantiene constante, sin embargo el efecto genético aditivo directo presenta cambios alrededor del 0 para la variable TCT durante los años de 1997 a 1999 toma valores negativos, volviéndose positivos a finales del periodo. Para el TCNv los cambios genéticos no llegaron a cero en los años de 1997 a 1999 sin embargo si decrecen en esos años, y se incrementan en los subsiguientes.

Ambos incrementos en la tendencia genética son bajos en relación a los encontrados por Burfening et al.⁵⁶ en una línea seleccionada de ovino Rambouillet para el tamaño de la camada (0.0164 ± 0.0007 corderos) y similares a los encontrados por Hanford et al.³⁴ en ovinos Columbia (0.0084 corderos) y Ercanbrack y Knight⁵⁵ en ovinos de las razas Rambouillet, Targhee, Columbia y Polypay en líneas seleccionadas para el peso de la camada al destete (0.0144 corderos).

En relación al cambio fenotípico es alto en encontrado en ovinos Pelibuey comparado con el obtenido por Ercanbrack y Knight⁵⁵ en ovinos de las razas

Rambouillet, Targhee, Columbia y Polypay en líneas seleccionadas para el peso de la camada al destete, de 0.0184 corderos/año.

Figura 10
Tendencias Fenotípicas y Genéticas para Tamaño de la Camada Total en
Ovino Pelibuey de 1985 a 1990

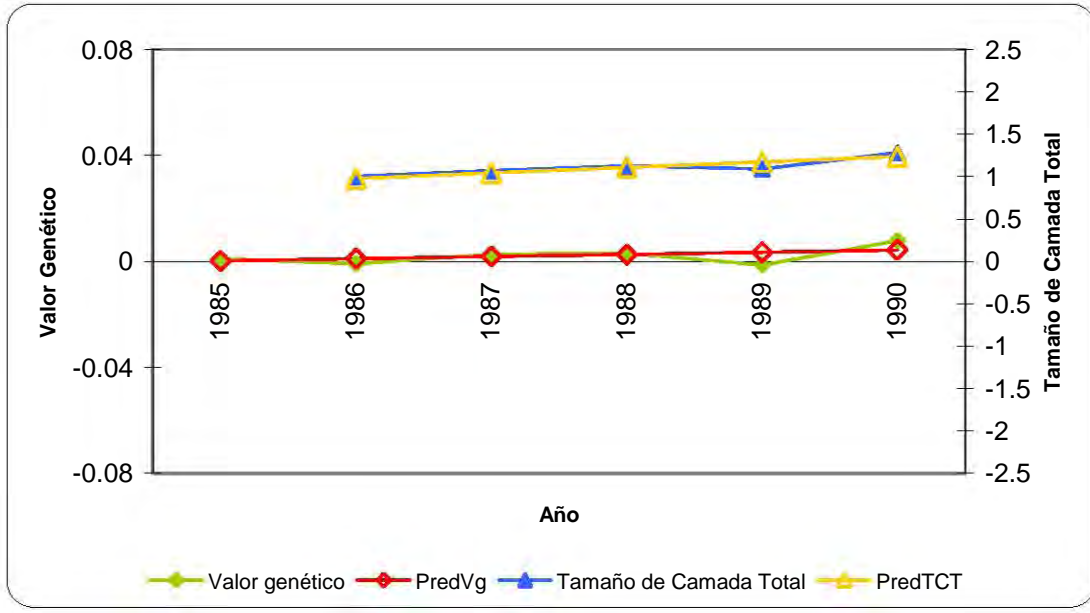


Figura 11
Tendencia Fenotípica y Genética para Tamaño de Camada Nacidos vivos en
Ovinos Pelibuey de 1985 a 1990

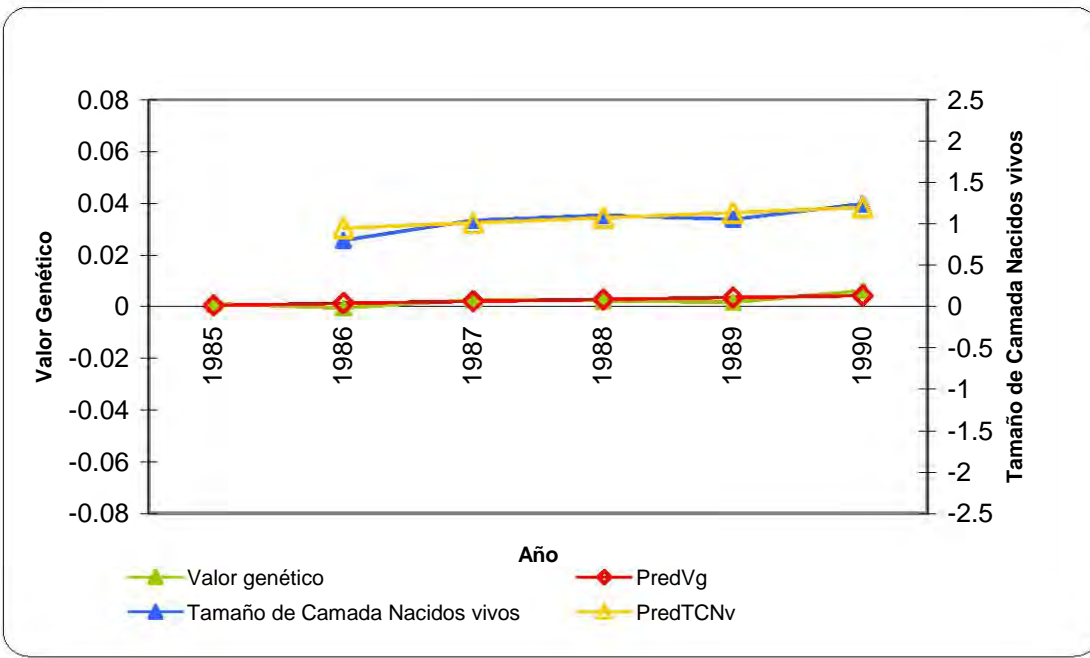


Figura 12

Tendencias Fenotípicas y Genéticas para Tamaño de la Camada Total en Ovino Pelibuey de 1991 a 1995

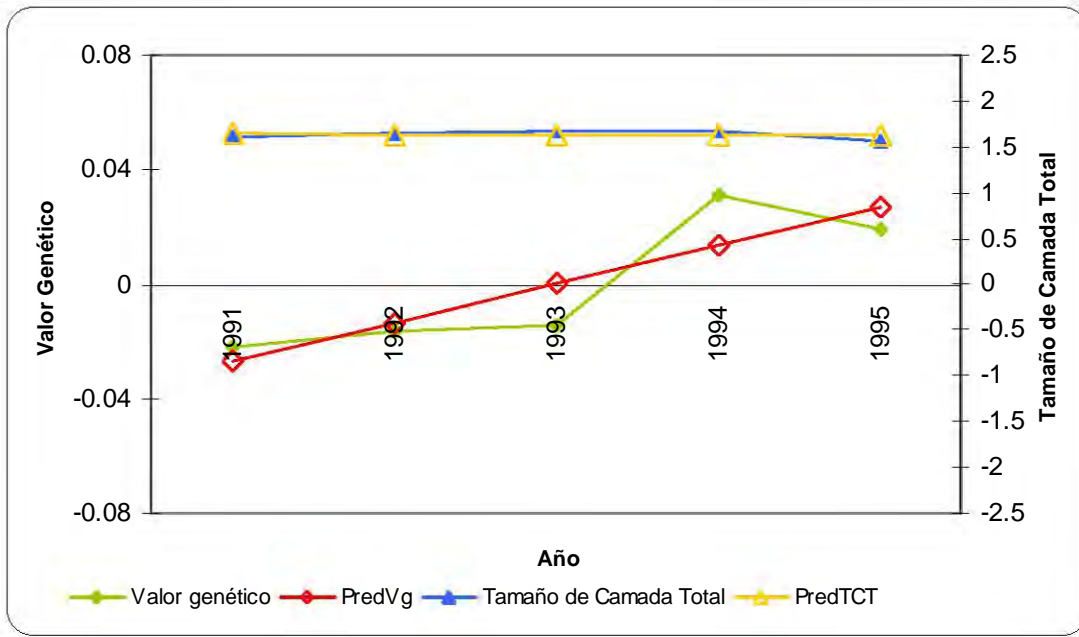


Figura 13

Tendencia Fenotípica y Genética para Tamaño de Camada Nacidos vivos en Ovinos Pelibuey de 1991 a 1995

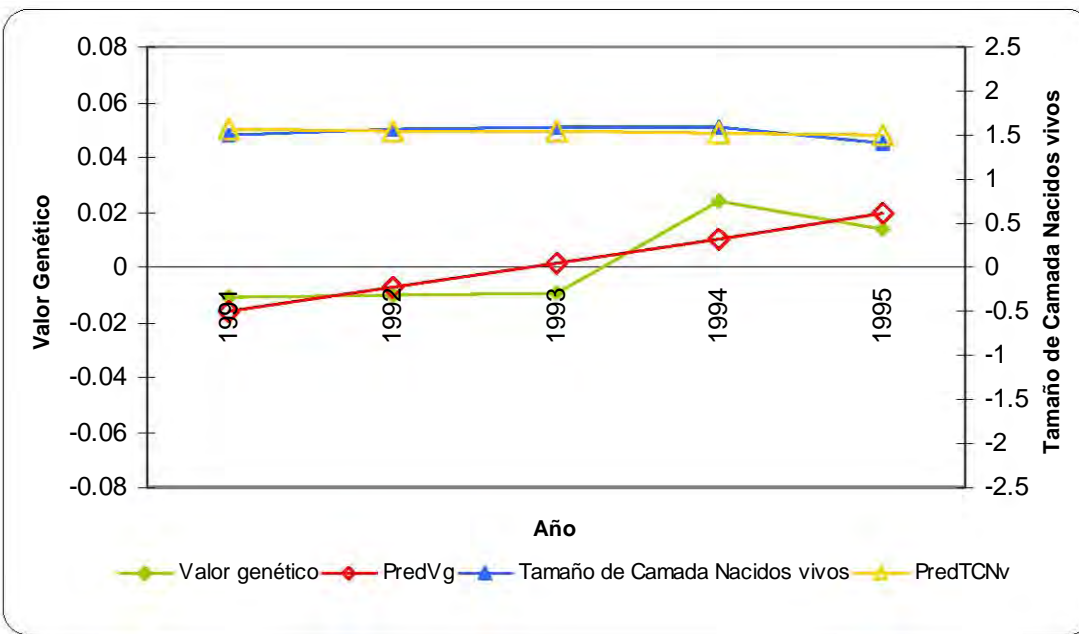


Figura 14

Tendencias Fenotípicas y Genéticas para Tamaño de la Camada Total en Ovino Pelibuey de 1996 a 2003

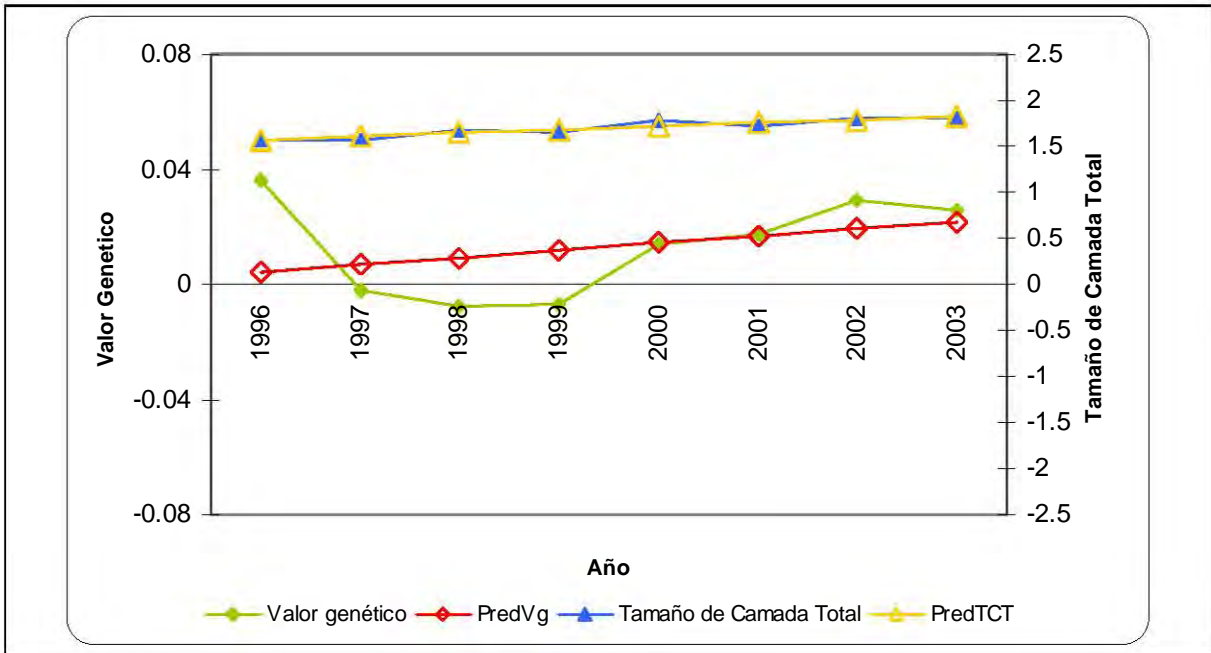
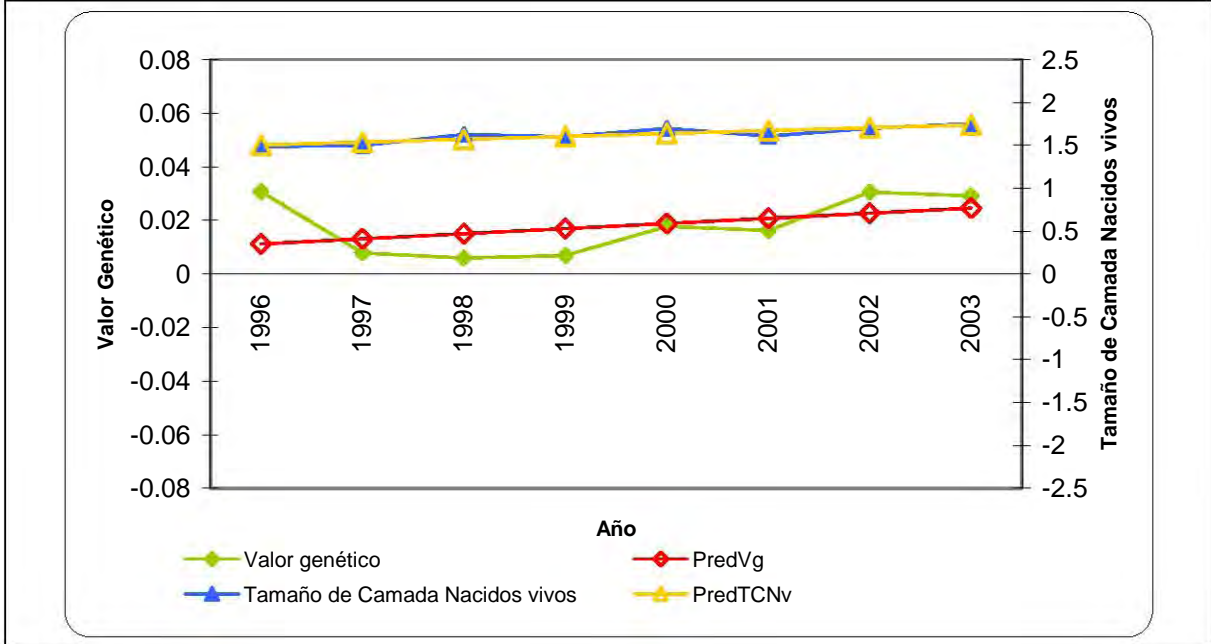


Figura 15
Tendencia Fenotípica y Genética para Tamaño de Camada Nacidos vivos en Ovinos Pelibuey de 1996 a 2003



5. RECOMENDACIONES

La respuesta por selección para el TCN y TCNv no representará cambios importantes en la media de la población de la siguiente generación, en función de los valores de heredabilidad obtenidos $h^2_{TCT}=0.1106$ y $h^2_{TCNv}=0.0719$, sin embargo se debe de considerar que el cambio es acumulativo a través de las generaciones.

Para obtener un incremento en ambas características dentro del rebaño, se deberán considerar principalmente los valores genéticos de los individuos así como las exactitudes de dicho valor, estos valores consideran una importante cantidad de fuentes de información para la mayoría de los individuos, por lo que el valor genético del individuo recién nacido puede tener una exactitud baja. Sin embargo la predicción del valor genético reflejará en buena medida la capacidad genética del individuo.

Además de la evaluación genética, el ingreso y permanencia de los individuos en el rebaño, deberá tomar en cuenta los criterios reproductivos debido a que el manejo en este rubro es importante.

La selección de los animales que ingresarán al rebaño como reproductores, es un factor importante para tener una mejora genética constante de la población. Este proceso presenta la problemática de cómo evaluar a un semental externo y decidir en el menor tiempo la conveniencia de mantenerlo en la unidad de producción o desecharlo para evitar que se disemine el material genético en la población. Se recomienda considerar los siguientes puntos para el ingreso de sementales externos al rebaño.

- ☆ Provenir de parto múltiple.
- ☆ Se recomienda ser apareado con al menos 8 hembras con antecedentes de partos múltiples para obtener un mínimo de 10 crías para que la exactitud de su valor genético alcance un valor moderado (entre 0.41 a 0.6), en tal caso el semental quedará incluido del programa para la generación de reemplazos.

Los individuos que sean seleccionados al interior del rebaño tienen la ventaja de contar con la evaluación genética dentro de éste, lo que permite contar

con valores genéticos y con exactitudes de los mismos. Por lo anterior se recomienda tomar en cuenta los siguientes puntos para la selección:

- ☆ Los animales deberán de provenir de partos múltiples.
- ☆ Los corderos considerados como posibles sementales, serán seleccionados del 10% de la población con valor genético alto y positivo y con una exactitud al menos de 0.6. Los corderos con exactitudes menores de 0.6 se considerarán como sementales externos; esto debido a que las fuentes de información para calcular su valor genético son escasas o nulas y se requiere de la información de su progenie para incrementar la exactitud del valor genético.
- ☆ Las hembras de reemplazo serán seleccionadas del 20% superior de la población con valores genéticos altos y positivos, y exactitudes al menos de 0.6. Si las hembras presentan una exactitud menor de 0.6 se determinará su permanencia con la evaluación segundo parto.

Criterios de permanencia de las hembras:

- ☆ Las madres deberán de presentar al menos un parto por año, de ser factible 3 partos en dos años, manteniendo un promedio de 1.8 corderos nacidos por año.
- ☆ Deberán presentar un valor genético positivo de la población, con exactitudes mayores de 0.6
- ☆ Las hembras deberán ser reemplazadas como máximo después del parto noveno o décimo, excepto si su valor genético está dentro del 20% mayor de los individuos en el rebaño.

Criterios de permanencia de los machos:

- ☆ El valor genético deberá estar entre el 20% mayor de los machos en la unidad de producción.
- ☆ Mantener un buen porcentaje de fertilidad.

Un apareamiento será recomendable entre animales con valores genéticos positivos.

Para evitar la venta de posibles reemplazos que mejoren la producción, se recomienda estimar los valores genéticos cada seis meses. Además de ser

conveniente estimar parámetros genéticos para la característica de peso de la camada predestete y tamaño de la camada, debido a que son los criterios de selección de los animales en la explotación, así como del comportamiento de pesos en el corral de engorda.

Tomando en cuenta que el Tamaño de la camada es una característica que se ve afectada además de las cuestiones genéticas por las ambientales y sobre todo las referentes al manejo nutricional de la hembra al inicio de cada ciclo estral se recomienda considerar una dieta especial para la hembra en esta etapa, con ello se facilitaría la recuperación de la hembra por la lactancia anterior, tendrá un buen peso corporal en el momento del apareamiento y favorecemos la ovulación y la implantación de los embriones.

6. CONCLUSIONES

Los efectos que influyen en la capacidad genética del individuo para expresar el Tamaño de la Camada (Totales y Nacidos vivos) son el número de parto y la interacción año*época.

La heredabilidad directa para Tamaño de la Camada Total y Tamaño de la Camada Nacidos vivos indican poca variabilidad genética aditiva en la población, por lo que el cambio en la media fenotípica entre generaciones por medio de un programa de selección será bajo; sin embargo, estos cambios son acumulativos, por lo que al mantener un programa de selección constante los cambios en la media fenotípica serán importantes al transcurrir las generaciones.

Los criterios de selección de los animales de reemplazos empleados por el productor han modificado las tendencias tanto fenotípicas como genéticas, por lo que si se plantea un buen programa de selección de reemplazos para esta características estos cambios se verán reflejados con el tiempo en una repercusión económica.

La estructura familiar permite obtener una mayor exactitud en las evaluaciones genéticas en ovinos, no sólo dentro del rebaño sino entre rebaños, de aquí la importancia del control de paternidades en la unidad de producción.

Los componentes de varianza y los parámetros genéticos estimados con el modelo animal por medio de las metodologías REML y Modelo Umbral fueron similares, posiblemente por la estructura de la base. Se sugiere realizar programas de simulación donde se estimen parámetros con diferentes tamaños de muestra menores a los empleados en este estudio para determinar posible diferencias en los estimadores, para determinar si existen diferencias en las estimaciones obtenidas por ambas metodologías.

7. LITERATURA CITADA

- 1) De Lucas TJ, Arbiza ASI. Producción Ovina en el Mundo y en México. México:Editores Mexicanos Unidos, 2000.
- 2) Lewis RM, Simm G. Small ruminant breeding programmes for meat: Progress and prospects. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock; 2002 agosto 19-23; Montpellier Francia. Session 02. Breeding ruminants for meat production. Communication N°02-01.
- 3) AMCO. La ovinocultura mexicana en vías de desarrollo. 1999 Jul-Sep [2005 feb 14]; 0(0). <http://www.borrego.com.mx/temas/amco.html>
- 4) Ortiz HA. Sistemas de Producción Ovina en el Altiplano. Memorias del Curso Internacional de Manejo Productivo y Reproductivo en Ovinos. 2003 noviembre 4-5; Oaxtepec (Morelos) México. Federación de Colegios y Asociaciones de Médicos Veterinarios Zootecnistas de México, A.C., Colegio de Médicos Veterinarios Zootecnistas de Morelos A.C. y Dirección General de Ganadería del Gobierno del Estado de Morelos, 2003:13-22.
- 5) SAGARPA. Inventarios ganaderos. 2002 Febrero [2005 Marzo 1]; <http://www.sagarpa.gob.mx/Dgg/indexovino.htm>
- 6) Pérez CR. Factores que influyen en la prolificidad en ovinos de razas tropicales (tesis de Maestría). Cuautitlan (Edo de México) México. FES-Cuautitlan UNAM, 1987.
- 7) Land RB y Robinson DW. Genetics of Reproduction in Sheep. London: Garden City Press Ltd Letchworth Herts, 1985.
- 8) Fayer MMI y Owen JB. Nuevas técnicas de producción ovina. Zaragoza: Acribia, 1994.
- 9) Hafez ESE y Hafez B. Reproducción e inseminación artificial en animales.7^a. ed. México: Mc Graw-Hill, 2000.
- 10) Buxadé CC. Zootecnia. Bases de Producción Animal. Tomo VIII Producción Ovina. Madrid: Ediciones Mundi-Prensa, 1996.

- 11) Hagger C. Genetic and environmental influences on size of first litter in sheep, estimated by the REML method. *J Anim Breed Genet* 2000;117:57-64.
- 12) Lanestosa ZU. Contribución al estudio del borrego Pelibuey en el estado de Tabasco. (tesis de licenciatura). Villahermosa (Tabasco) México. Univ Juárez Autónoma de Tabasco, 1981.
- 13) Ramírez LG, Medina RJ. Mejoramiento genético del borrego Pelibuey en México (tesis de licenciatura). Texcoco (Edo. de México) México:, Univ Autónoma de Chapingo, 1995.
- 14) Castro GH, Campos MG. Determinación de efectos fijos que afectan al peso al nacimiento, ganancia de peso al destete y peso al destete en ovinos Pelibuey blanco, canelo y pinto. Memorias II Congreso Latinoamericano de Especialistas en Pequeños Rumiantes y Camélidos Sudamericanos. XI Congreso nacional de Ovinocultura, 2000 mayo 22-25, Mérida (Yucatán) México. Asociación Mexicana de Técnicos Especialistas en Ovinos AC, 2000.
- 15) Campos, MG, Sánchez, GG, Castro, GH: Comparación de la productividad de hembras Pelibuey de las tres variedades de color el ovino Pelibuey. Memorias II Congreso Latinoamericano de Especialistas en Pequeños Rumiantes y Camélidos Sudamericanos. XI Congreso nacional de Ovinocultura, 2000 mayo 22-25, Mérida (Yucatán) México. Asociación Mexicana de Técnicos Especialistas en Ovinos AC, 2000.
- 16) Sánchez GG, Campos MG, Castro GH, López OR. Probabilidad de parto múltiple explicada por el tipo de parto anterior y el intervalo al parto anterior en borregas Pelibuey. Memorias de la XXXVII Reunión Nacional de Investigación Pecuaria; 2001 octubre 9-12; Tuxtla Gutiérrez (Chiapas) México. INIFAP, 2001:152.
- 17) Campos MG, Sánchez GG, Castro GH, López OR. Avances del estudio de la prolificidad a primer parto en Borregas Pelibuey: Efecto de la edad. Memorias de la XXXVII Reunión Nacional de Investigación Pecuaria; 2001 octubre 9-12; Tuxtla Gutiérrez (Chiapas) México. INIFAP, 2001:151.

- 18)AMCO. Pelibuey una raza en expansión. 1999 Oct-Dic [2005 febrero 14]; 1(1).
<http://www.borrego.com.mx/temas/amco.html>.
- 19)Campos MGR: Diferencia Esperada en la progenie para peso al destete de ovinos Pelibuey, usando el modelo animal en una explotación semi-intensiva (tesis de maestría). Cd. de México (DF) México: Fac. Med. Vet. Zootec. UNAM, 2002.
- 20)González GR, Torres HG, Becerril PC. Relación del color del pelaje y factores ambientales con características reproductivas en ovejas tropicales. *Agrociencia* 2001;35:41-50.
- 21)Van Vleck LD, Polak JE and Branford-Oltenacu AE. *Genetics for the animal sciences*. New York: W.H. Freeman and Company,1987.
- 22)Dong MC, Van Vleck LD and Wiggans GR. Effect of relationships on Estimation of Variance Components with an Animal Model and Restricted maximum Likelihood. *J Dairy Sci* 1988;71:3047-3052.
- 23)María GA. Estimates of variance due to direct and maternal effects for reproductive traits of Romanov sheep. *Small Rumin Res* 1995;18:69-73.
- 24)Altarriba J, Verona L, García CLA and Moreno C. Bayesian Inference of Variance Components for Litter Size in Rasa Aragonesa Sheep. *J Anim Sci* 1998;76:23-28.
- 25)Ap Dewi J, Owen JB, El-Sheikh A, Axford RFE and Beigi-Nassiri M. Variation in ovulation rate and litter size of Cambridge sheep. *J Anim Sci* 1996;62:489-495.
- 26)Guevara VG, Ceró RA, Estévez AJ, Delgado CM, Sánchez AY. Influencia de algunos factores ambientales sobre el tamaño de la camada en ovejas Pelibuey. *Rev Prod Anim* 1993,7:161-162.
- 27)Guevara VG, Romero MS, Paneca AA, Ceró RA, Estévez AJ. Repetibilidad del tamaño de la camada en ovejas Pelibuey. *Rev Prod Anim* 1993,7:177-179.
- 28)Pérez-Enciso M, Foulley JL, Bodin L. Elsen JM and Poivey JP. Genetic improvement of litter size in sheep. A comparison of selection methods. *Genet Sel Evol* 1995;27:43-61.

- 29) Segura JC, Sarmiento L, Rojas O. Productivity of Pelibuey and Blackbelly ewes in México under extensive management. *Small Ruminant Research* 1996;21:57-62.
- 30) Kominakis A, Rogdakis E and Koutsotolis K. Genetic parameters for milk yield and litter size in Boutsico dairy sheep. *Can J Anim Sci* 1998;78:525-532.
- 31) Okut H, Bromley CM, Van Vleck LD and Snowder GD. Genotypic Expression at Different Ages: I. Prolificacy traits of Sheep. *J Anim Sci* 1999;77:2357-2365.
- 32) Yazdi MH, Johansson K, Gate P, Nasholm A, Jorjani H and Liljeadahl LE. Bayesian Analysis of birth weight and size in Baluchi sheep using gibbs sampling. *J Anim Sci* 1999;77:533-540.
- 33) Browley CM, Van Vleck LD and Snowder GD. Genetic correlations for litter weight weaned with growth, prolificacy, and wool traits in Columbia, Polypay, Rambouillet and Targhee Sheep. *J Anim Sci* 2001;79:339-346.
- 34) Hanford KJ, Van Vleck LD and Snowder GD. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Columbia sheep. *J Anim Sci* 2002;80:3086-3098.
- 35) Matika, O., van Wyk, J.B., Erasmus, G.J. and Baker, R.L. Genetic parameter estimates in Sabi sheep. *Livest Prod Sci* 2003;79:17-28.
- 36) SanCristobal-Gaudy M, Bodin L, Essen JM and Chevalet C. Genetic components of litter size variability in sheep. *Genet Sel Evol* 2001;33:249-271.
- 37) Janssens S, Vandepitte W and Bodin L. Genetic parameters for litter size in sheep: natural *versus* hormone-induced oestrus. *Genet Sel Evol* 2004;36:543-562.
- 38) Bunge R, Thomas DL, Nash TG, Nash TG and Fernando RL. Performance of hair breeds and prolific wool breeds of sheep in Southern Illinois: effect of breed of service sire on lamb production of Suffolk and Targhee ewes. *J Anim Sci* 1993;71:321-325.
- 39) Brown MA and Jackson WG. Ewe productivity and subsequent preweaning lamb performance in St. Croix sheep bred at different times during the year. *J Anim Sci* 1995;73:1258-1263.

- 40) Falconer DS and Mackay TFC. Introducción a la Genética Cuantitativa. 4^a ed. España: Acribia, 1996.
- 41) Blasco A. La controversia Bayesiana en mejora animal. ITEA 1998;94:1:5-41.
- 42) López OR. (Co) Varianzas fenotípica y genéticas de características reproductivas y de la curva de lactancia en ganado Holstein (tesis de maestría). Cd. de México (DF) México: Fac. Med. Vet. Zootec. UNAM, 2002
- 43) Hoffer A. Variante component estimation in animal breeding: a review. J Anim Breed Genet 1998;115:247-265.
- 44) Lukefahr SD. Aplicación de modelos animal en programas de mejoramiento genético de conejos. Agrociencia serie Ciencia animal 1992;2:145-176.
- 45) Van Vleck LD. Selection index and introduction to mixed model. Florida: CRC Press Inc, 1993.
- 46) Sorensen D and Gianola D.: Likelihood, Bayesian and MCMC methods in quantitative genetics. Springer-Verlag. New York, USA. 2002.
- 47) Gabiña D. Improvement of the reproductive performance of raza Aragonesa flocks in frequent lambing systems. II. Repetability and heritability of sexual precocity, fertility and litter size. Selection strategies. Livestock Production Science 1989;22:87-98.
- 48) Pérez-Enciso M, Foulley JL, Bodin L and Poivey JP. Genetic implications of a bivariate threshold model for litter size components. J Anim Sci 1994;72:2775-2786.
- 49) Waldron DF and Thomas DL. Increased litter size in Rambouillet Sheep: I. Estimation of genetic parameters. J Anim Sci 1992;70:3333-3344.
- 50) Fogarty NM. Genetic parameters for live weight, fat and muscle measurements, wool production and reproduction in sheep: a review. Animal breeding Abstracts 1995;63:101-143.
- 51) Matos CAP, Thomas DL, Gianola D, Tempelman RJ and Young LD. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using Lineal and Nonlinear Models: I. Estimation of genetic parameters. J Anim Sci 1997;75:76-87.

- 52) Bromley CM, Snowden GD and Van Vleck LD. Genetic parameters among weight, prolificacy, and wool traits of Columbia, Polypay, Rambouillet, and Targhee Sheep. *J Anim Sci* 2000;78:846-958.
- 53) Safari E, Fogarty NM and Gilmour AR. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Production Science* 2005;92:271-289.
- 54) Ercanbrack SK and Knight AD. Responses to various selection protocols for lamb production in Rambouillet, Targhee, Columbia and Polypay Sheep. *J Anim Sci* 1998;76:1311-1325
- 55) Bunfening PJ, Kachman SD, Hanford KJ and Rossi D. Selection for reproductive rate in Rambouillet sheep: Estimated genetic change in reproductive rate. *Small Rumin Res* 1993;10:317-330.
- 56) Comisión Nacional del Agua. Subdirección General Técnica. Unidad del Servicio Meteorológico Nacional. Normales climatológicas estándar y provisionales 1961-1990 [2005 Marzo 14]; <http://smn.cna.gob.mx/productos/normales/estacion/mex/NOR15054.TXT>
- 57) SAS. SAS® User's Guide. Versión 6.12. 4ª ed. Cary (NC): SAS Institute INC. 1989.
- 58) AS Reml. The absolute apex in REML. 2004 Dic [2004 Agosto 14]; <http://www.vsn-intl.com/ASReml/>
- 59) García-Cortés LA. Instituto Nacional de Investigación Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA). Depto. de Mejora Genética Animal. Noviembre del 2004. Madrid, España.
- 60) Bordon, R. Questions and answers about national cattle evaluation. Colorado State University. 2005 Nov [2005 Noviembre 12]; <http://www.redangus1.org/epdqanda.htm>