

BIBLIOGRAFIA

- 1) ABADIA, J., MILLAN, E., MONTAÑES, L. and HERAS, L. (1980). DTPA and NH_4HCO_3 -DTPA extractable Fe, Mn and Zn levels in the Ebro Valley. *An. Aula Dei*, 15(1-2): 181-193.
- 2) BAEYENS, J. (1970). *Nutrición de las plantas de cultivo*. Ed. Lemos, Madrid.
- 3) BRUQUE, S.; MARTINEZ, M.; MORENO, L. (1982). Fertilidad química de los suelos del Valle del río Guadalhorce (Málaga). *An. Edaf. Agrob.* 41(1-2): 183-310.
- 4) BUCKMAN, H.O. y BRADY, N.C. (1977). *Naturaleza y propiedades de los suelos*. Ed. Montaner y Simón, S.A. Barcelona.
- 5) DOLAR, S.G. and KEENEY, D.R. (1971b). Availability of Cu, Zn and Mn in soils. II. Chemical extractability. *J. Soil Food Agric.* 22: 279-282.
- 6) DUQUE, F. (1971). Estudio químico de suelos y especies prateras y pascícolas de comunidades seminaturales de la provincia de Salamanca. *Testis de Ciencias*, 1969-70. Acta Salmanticensis. Ciencias, 37:-
- 7) DUQUE, F. (1973). Copper and zinc status in pasture soils of Salamanca, Spain. *Soil Sci* 118: 276-283
- 8) ELSOKKARY, I.H. and LAG, J. (1980). Status of some trace elements in Egyptian soils and in wheat grains. *Ber. trop. Landwirtschaft. Veterinärmed* 18: 35-47.
- 9) FERRER, C. (1981). Estudio geológico, edáfico y fitoecológico de la zona de pastos del valle del Tena (Huesca). Ed. Institución «Fernando el Católico» (C.S.I.C.), Zaragoza.
- 10) FERRER, C.; AMELLA, A.; MAESTRO, M. y OCAÑA, M. (1982). Explotación de pastos en caseríos Guipuzcoanos V. Estudio ecológico agronómico. *Trabajos del I.E.P.G.E.*, 59, pp. 56. Ed. C.S.I.C. - Fac. de Veterinaria, Zaragoza
- 11) GÓMEZ, J.M.; RODRIGUEZ, R., GARCIA, A. y HOYOS, C. de. (1982). Detección de concordancias fisiológicas edáficas. *An. Edaf. Agrob.* 41(9-10): 1.643-1.655.
- 12) LUIS, E. y PUERTO, A. (1978). Estudio del suelo y relaciones con la vegetación en una ladera erosionada. *An. Edaf. Agrob.* 37(5-6): 419-429.
- 13) MARTENS, D.C. (1968). Plant availability of extractable boron, copper, and zinc as related to selected soil properties. *Soil Sci.* 106: 23-28.
- 14) MORO, A.; CALLEJA, A. y GARCIA, R. (1986). Acción de diversos factores sobre la disponibilidad de elementos minerales en suelos de prados permanentes. I. Características de situación, manejo y categorías texturales. En prensa.
- 15) NAIR, G.K. and MEHTA, B.V. (1959). Status of zinc in soils of Western India. *Soil Sci* 87: 155-159.
- 16) NEELAKANTAN, V. and MEHTA, B.V. (1971). Copper status of soil of Western India. *Soil Sci* 91: 251-256
- 17) PERSHIN, G.A.; MARTYNOV, A.N.; BLYEV, Y.K. and KRASNOVIDOV, A.N. (1981). Content of microelements in some soils of Leningrad Oblast. *Soviet Soil Sci.* 13(5): 61-67.
- 18) REDONDO, B. y GÓMEZ, J.M. (1982). Estudios sobre ecosistemas de pastizal. I. Suelos. 22º Reunión científica de la S.E.E.P., Mayo, pp. 19 La Coruña.
- 19) REUTHER, W. (1957). Copper and soil fertility. U.S. Dep. Agr. Yearbook, pp. 128-134.
- 20) SILLANPA, M. (1962a). Trace elements in Finnish soils as related to soil texture and organic matter content. *J. Soil Agric. Finland*, 34: 34-40.
- 21) SILLANPA, M. (1962b). On effect of some soil factors on the solubility of trace elements. *Agrogeol. Publ* 81: 1-24. (Citado por Sillanpa, M., 1972).
- 22) SILLANPA, M. (1972). Los oligoelementos en los suelos y en la agricultura. Ed. Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación, Roma.
- 23) SILLANPA, M. (1982). *Micronutrients and the nutrient status of soils a global study*. Ed. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Roma.
- 24) SIPPOLA, J. and TARES, T. (1978). The soluble content of mineral elements in cultivated Finnish soils. *Acta Agric. Scand.* 20: 11-25.
- 25) SØRENSEN, R.C.; OELSLIGLE, D.D.; KNUDSEN, D. (1971). Extraction of Zn, Fe and Mn from soils with 0.1 N hydrochloric acid as affected by soil properties: solution: soil textural solution soil ratio and length of extraction period. *Soil Sci* 3: 352-359.
- 26) URVAS, L.; ERVIO, R. HYVARINEN, S. (1978). Soil nutrient status as related to soil textural calcification. *An. Agric. Fenn.* 17: 75-82.
- 27) VELASCO, A., MEDINA, M. y PANEQUE, G. (1980). Fertilidad química de suelos de la comarca de los Pedroches (Córdoba). II. Micronutrientes. *Proc. 3º Congreso Nacional de Química*. Sevilla, Vol. I, pp. 69-76.

EFICIENCIA DE LOS METODOS ML PARA LA ESTIMACION DE LA HEREDABILIDAD Y BLUP PARA LA VALORACION DE SEMENTALES EN EL GANADO OVINO DE LECHE

Por J. A. Carriedo (1)
F. San Primitivo (1)

INTRODUCCION

La estimación de la heredabilidad y la valoración genética de los sementales para la producción láctea ovina, utilizando datos de campo, presenta una compleja problemática estadística, debido al fuerte grado de desequilibrio y desconexión en la estructura de los datos¹⁵, consecuencia de una estructura poblacional específica³.

En este contexto, hemos analizado y comparado los métodos de estimación de la heredabilidad LS, ML y ML con transformación logarítmica de la variable.

Se ha admitido como supuesto de partida que los métodos ML y BLUP¹⁷ son más rigurosos estadísticamente basándose en el tipo de función de distribución de la variable producción láctea^{20, 6, 14}.

Se han seguido dos tipos de modelos matemáticos, en uno de los cuales se ha incluido el factor de variación «grupo de los sementales», frecuentemente contemplado en los estudios llevados a cabo en el ganado vacuno (Schaeffer¹⁶ y Szkotnicki y col.¹⁸).

A partir de los resultados obtenidos para la producción láctea ovina, mediante los procedimientos estadísticos indicados, se trata de comparar estos métodos cuando son aplicados a un tipo de estructura de datos relativamente específico o particular³.

MATERIAL Y METODOS

Se han utilizado datos procedentes de tres rebaños de ovejas de raza Churra, pertenecientes a las Diputaciones Provinciales de Burgos y Palencia². Las variables contempladas han sido las producciones lácteas en cada uno de los dos primeros partos o lactaciones, normalizadas a 150 días de duración.

(1) Dpto. de Producción Animal.

Las estimaciones de la heredabilidad de la producción láctea se han realizado para cada una de las dos primeras lactaciones por separado, siguiendo un diseño básico de medios hermanos, a partir de la varianza explicada por el factor semental o progenitor masculino.

En los modelos matemáticos se ha incluido como factor de tipo genético aleatorio el semental y los restantes factores ambientales como fijos.

Se han utilizado los dos modelos matemáticos siguientes:

Modelo n.º 1:

$$y_{ijklmn} = u + R_i + E_j + T_k + Y_{l(i)} + S_{m(i)} + E_{ijklmn}$$

Modelo n.º 2:

$$y_{ijklmn} = u + GR_i + E_j + T_k + Y_{l(i)} + S_{m(i)} + E_{ijklmn}$$

en los que los términos E, T, Y, R y S, corresponden a los factores de variación: estación, tipo y año de parto, rebaño y semental, respectivamente.

En el segundo modelo se ha incluido el factor grupo-rebaño (GR), con el objetivo de estudiar el efecto del factor de variación «semental» en cada rebaño y «dentro de» los periodos de tiempo que hemos establecido, contemplándose estadísticamente de esta forma la contemporaneidad de los grupos de sementales^{16,18}.

En el factor de variación denominado grupo-rebaño se han establecido dos periodos para cada uno de los tres rebaños, siendo de esta forma el número de niveles de este factor «seis».

El tipo de distribución y el grado de utilización de los sementales a lo largo de los años incide sobre la problemática del diseño estadístico, causando un importante grado de desequilibrio y desconexión entre subclases, siendo muy alta la influencia del factor año de parto sobre la producción láctea, en el ganado ovino².

Ambos factores, considerados conjuntamente, pueden ser una importante causa de sesgo en la estimación de los parámetros genéticos².

Considerando los aspectos estadísticos, relativos a la estructura de los datos, hemos creído adecuado contemplar, en uno de los modelos matemáticos, la inclusión del factor de variación «grupo de sementales», que nos permite estudiar el efecto de los sementales «dentro de series temporales de sementales» o agrupaciones de sementales caracterizadas por tener un cierto grado de contemporaneidad.

En la estimación por mínimos cuadrados (LS) hemos seguido a Harvey^{7,8,9}, utilizando en este tipo de análisis el programa LSML76 (Harvey⁸). Cuando se sigue este método de estimación paramétrica LS, las consideraciones de factor fijo o aleatorio tienen las limitaciones referidas por Harvey^{7,8,9,10}.

Para la estimación ML de la heredabilidad, así como de las estimaciones BLUP del valor genético de los sementales hemos seguido el algoritmo iterativo indicado por Schaeffer¹⁶ y Szkotnicki y col.¹⁸, aplicable al tipo de modelos matemáticos considerados por nosotros.

Cuando este proceso iterativo converge, se obtienen al final estimaciones ML de la heredabilidad y BLUP del valor genético de los sementales¹⁷, es decir, estimaciones ML-BLUP de los parámetros genéticos.

Las estimaciones BLUP del valor genético de los sementales se han obtenido mediante el programa LSMLMW de Harvey¹⁰, siendo las estimaciones de los efectos aleatorios absorbidos en el proceso de cálculo (Eriksson y col.⁵). Se han utilizado estos programas LSMLMW en cada una de las sucesivas etapas del proceso iterativo, obteniéndose en cada una de ellas estimaciones del valor genético de los sementales.

En nuestro estudio se han obtenido los coeficientes de consanguinidad y de parentesco mediante la valoración de arborescencias genealógicas (Wright²¹). La media de los coeficientes de consanguinidad, así como de parentesco entre los sementales, presentaron valores bajos¹⁴.

Creemos que los bajos valores de los coeficientes de consanguinidad pueden, en cierta medida, justificar que no se hayan utilizado métodos ML-BLUP generales¹² que consideran estos coeficientes.

En relación a los coeficientes de parentesco el bajo valor obtenido para la media no justifica la no utilización de la matriz de parentesco, debido a que el parentesco entre «ciertos» individuos es relevante y de interés en nuestro trabajo. Este aspecto creemos que debería ser analizado cuantitativamente debido a la importancia que en principio creemos que puede tener.

El grado de intensidad de selección efectuado en las poblaciones estudiadas¹⁴, tampoco hace necesario contemplar el factor «presión de selección» para proceder a la estimación de parámetros genéticos, pudiéndose desechar, en nuestro caso, aquellos algoritmos que lo incluyen, como el de Henderson¹¹.

En el método ML-BLUP utilizado no se ha tenido en cuenta que los sementales pertenezcan a diferentes generaciones (Thompson¹⁹, y Dempfle⁴).

En general, la utilización de varias lactaciones o caracteres conjuntamente (Henderson y Quaas¹², y Lee y Wardrop¹³) es el sistema más adecuado para la obtención de estimaciones BLUP. En nuestro estudio, las estimaciones ML de la heredabilidad y las BLUP del valor genético de los sementales se han llevado a cabo para cada una de las dos primeras lactaciones por separado, dado que, en nuestro estudio, únicamente hemos contemplado dos lactaciones, y que además, frecuentemente en la información de un animal no figuran las dos.

En relación al procedimiento ML-BLUP «simplificado» que hemos utilizado, podría ser de interés contrastarlo con otros métodos ML-BLUP alternativos que aunque exijan más complejidad de cálculo, sean más informativos respecto a los objetivos de nuestro trabajo. Dentro de estos métodos serían de interés, por un lado, el modelo animal que contemple la matriz de parentesco, y por otro lado el modelo en el que además del factor aleatorio semental se incluya el factor de variación «madre», mediante el cual se pueden analizar los efectos genéticos no aditivos y maternos.

El método ML-BLUP es estadísticamente más riguroso que el LS, por lo que «a priori» admitimos que proporciona estimaciones insesgadas o estadísticamente adecuadas. Las estimaciones ML-BLUP se utilizan comparativamente con el objetivo de determinar en qué grado el método LS, menos complejo computacionalmente, proporciona estimaciones insesgadas de los parámetros genéticos.

Se han analizado comparativamente las estimaciones de los parámetros genéticos realizadas por los métodos ML-BLUP y LS, con las obtenidas mediante estos métodos cuando se llevó a cabo la transformación logarítmica de la variable.

En principio, contemplar este método de estimación con transformación logarítmica está justificado debido, por un lado, al sesgo y curtosis que presenta la función de distribución de la producción láctea¹⁴, y por otro lado, al no cumplirse en los análisis el supuesto de homoscedasticidad¹⁴. Estos aspectos, frecuentes al analizar caracteres productivos (Van Vleck²⁰, y Falconer⁶), podrían hacer aconsejable el uso de la transformación logarítmica⁶.

La discusión de la metodología estadística se ha realizado considerando, por un lado, el sesgo de las estimaciones de la heredabilidad, y por otro lado, las estimaciones del valor genético obtenidas según el método empleado.

Para analizar esto último, se ha calculado el coeficiente de correlación lineal entre las

estimaciones puntuales del valor genético de los sementales obtenidas para cada pareja de métodos comparados.

RESULTADOS Y DISCUSION

En la tabla n.º 1 figuran, para cada una de las dos primeras lactaciones, los grados de libertad correspondientes a los factores de variación incluidos en los dos modelos matemáticos utilizados. En estos modelos figura o bien el factor de variación «rebaño (R)» o el factor «grupo (GR)».

TABLA 1
Grados de libertad de los factores de variación para cada una de las dos primeras lactaciones

Factor de variación	lactación 1 g. de l.	lactación 2 g. de l.
Rebaño(R)-Modelo n.º1	2	2
Grupo(GR)-Modelo n.º2	5	4
Tipo parto (T)	1	1
Estación (E)	3	3
Año (Y)	18	16
Semental (S)	36	28
Residual (ε)	1064	789
Total	1125	840

Los datos descriptivos que figuran en la tabla n.º 1 son indicativos del nivel y tipo de información utilizados.

Esta información está ligada a la precisión estadística de las estimaciones de la heredabilidad, indicándose en la siguiente tabla los valores relativos a la precisión de las estimaciones obtenidas.

En la tabla n.º 2 figura, para cada una de las dos primeras lactaciones, las estimaciones puntuales de la heredabilidad y su correspondiente error típico, obtenidas mediante el método de mínimos cuadrados con y sin transformación logarítmica.

TABLA 2
Estimaciones puntuales de la heredabilidad y error típico obtenidas por el método LS, para cada una de las dos primeras lactaciones

Método	Lactación	
	n.º1	n.º2
LS sin transformación logarítmica (modelo n.º1)	0,274±0,084	0,249±0,093
LS con transformación logarítmica (modelo n.º1)	0,257±0,081	0,288±0,100

Para el método LS, las estimaciones de la heredabilidad obtenidas con y sin transformación logarítmica se pueden considerar como semejantes. Por ello se puede admitir que el método LS sin transformación es más adecuado, permitiéndonos una mejor interpretación biológica y estadística de los resultados.

Las estimaciones LS obtenidas para la heredabilidad son del mismo orden que las encontradas por Barillet¹ siguiendo también el Método III de Henderson de ajuste de constantes.

En principio, el método LS de estimación de componentes de varianza podría ser adecuado debido a que, por un lado, permite obtener estimaciones de los componentes de varianza de cada factor ajustadas o «condicionadas» para los restantes factores incluidos en el modelo, y por otro lado, porque el procedimiento de computación es sencillo.

No obstante, dentro de nuestros objetivos figura comparar las estimaciones de la heredabilidad obtenidas por el método LS con las ML, siendo estas últimas más rigurosas estadísticamente.

TABLA 3
Estimaciones de la heredabilidad, en la primera y segunda lactación, obtenidas por el método ML con y sin transformación logarítmica, para el modelo n.º 1 y 2

Modelo	Método	Lactación	
		n.º1	n.º2
n.º1	ML con transformación logarítmica	0,211	0,217
n.º1	ML sin transformación	0,214	0,212
n.º2	ML con transformación logarítmica	0,215	0,220
n.º2	ML sin transformación	0,217	0,215

En la tabla n.º 3 figuran las estimaciones puntuales de la heredabilidad en la primera y segunda lactación, efectuadas por el método ML con y sin transformación logarítmica, para los modelos matemáticos n.ºs 1 y 2.

Analizando comparativamente las estimaciones LS de la heredabilidad con las estimaciones ML (tablas n.ºs 2 y 3), las LS pueden considerarse como ligeramente superiores a las obtenidas por el método ML.

Por lo tanto, el método ML de estimación de la heredabilidad es más adecuado que el LS para las poblaciones y condiciones de campo analizadas por nosotros, presentando las estimaciones LS de la heredabilidad un sesgo positivo.

En el algoritmo ML-BLUP, para la estimación de la heredabilidad, o para la valoración genética de sementales, cuando introducimos como «dato inicial» de la heredabilidad la obtenida previamente por el método de estimación LS, únicamente se requirieron dos etapas en el procedimiento iterativo.

Como se observa en la tabla n.º 3, las estimaciones ML de la heredabilidad obtenidas con y sin transformación logarítmica de la variable, son semejantes.

Por lo tanto, el método ML sin transformación logarítmica, al permitir una mejor interpretación biológica y estadística de los resultados, es más adecuado que el ML con transformación de la variable.

En relación a la incidencia de la utilización del modelo n.º 1 o n.º 2 sobre las estimaciones de la heredabilidad, los resultados indicados en la tabla n.º 3 muestran que ambos modelos matemáticos proporcionan estimaciones ML semejantes de la heredabilidad.

Estos resultados parecen indicar que, para el tipo de población y estructura de datos contemplados, ambos modelos (n.ºs 1 y 2) son estadísticamente válidos para realizar estimaciones ML de la heredabilidad.

Se han comparado las estimaciones BLUP del valor genético de los sementales, con las LS y BLUP con transformación logarítmica, siguiéndose en estos métodos de estimación paramétrica el modelo n.º 1 en el que el factor semental se analiza dentro de cada rebaño.

En la tabla n.º 4 figura el coeficiente de correlación y determinación entre las estimaciones BLUP y las LS, así como entre las estimaciones BLUP y las BLUP con transformación logarítmica, para la primera y segunda lactación.

TABLA 4

Coeficiente de correlación y de determinación entre las estimaciones BLUP del valor genético de los sementales y las LS, y entre las estimaciones BLUP y BLUP con transformación logarítmica, para la primera y segunda lactación

		LS sin transformación (modelo n.º 1)	BLUP con transformación logarítmica (modelo n.º 1)
BLUP sin transformación de la variable (modelo n.º 1)	Primera lactación	0,69 (0,49)	0,98 (0,96)
	Segunda lactación	0,88 (0,77)	0,97 (0,93)

Dentro de cada apartado de la tabla n.º 4 figura, en la parte superior, el coeficiente de correlación, y en la inferior el de determinación. Este último indica la proporción de varianza o información que explica un método sobre el otro.

Para los métodos BLUP y BLUP con transformación logarítmica, el coeficiente de correlación y de determinación son altos, siendo las valoraciones de los sementales obtenidas por ambos métodos semejantes.

Entre ambos métodos, el BLUP sin transformación de la variable se muestra el más idóneo, al permitir una fácil interpretación, a nivel productivo, del valor genético de los sementales.

Cuando se comparan las estimaciones del valor genético de los sementales obtenidas por los métodos BLUP y LS, los coeficientes de correlación y determinación presentan valores que, no son lo suficientemente altos como para poder admitir que ambos métodos proporcionan valoraciones semejantes.

Considerando la estructura de los datos, la distribución de los sementales a lo largo

de los años no es aleatoria, incidiendo este importante factor de variación, año de parto, en las predicciones del valor genético de los sementales. Así, aquellos sementales utilizados en los años en que las producciones fueron más altas pueden ser sobrevalorados, e inversamente, los sementales cuyas hijas correspondan a años, dentro de cada rebaño, con niveles productivos bajos, serán infravalorados.

En este sentido, desde un punto de vista estadístico «matemáticamente estricto», las hipótesis de los modelos matemáticos no se cumplen, no solamente para el caso en que se realizan estimaciones LS, sino que tampoco se cumplirían cuando se llevan a cabo predicciones BLUP.

Desde este enfoque rigurosamente matemático, creemos que en ningún tipo de modelo matemático se cumplen «todas» las hipótesis o supuestos requeridos en el modelo, incluidos los métodos BLUP más sofisticados.

No obstante, existen modelos y métodos de estimación paramétrica que se pueden considerar «mejores o peores» cuando se tratan de aplicar a un tipo de estructura de datos.

Las predicciones del valor genético que hemos obtenido mediante el método BLUP, podemos considerar que difieren marcadamente de las obtenidas siguiendo el método LS, por lo que al admitir «a priori» que las BLUP son las más correctas, inferimos que las LS presentan un sesgo, debido en nuestra opinión a que el «ajuste» para los factores ambientales se realiza en este procedimiento de una forma menos correcta.

En la tabla n.º 5 figura el rango de valores en el que están comprendidas las estimaciones puntuales del valor genético de los sementales, para los métodos LS y BLUP, en cada una de las dos primeras lactaciones.

TABLA 5

Rango de valores en el que están comprendidas las estimaciones puntuales LS y BLUP, para la primera y segunda lactación, expresados mediante los valores extremos de las desviaciones de la media total, medidos en litros

Lactación	Método			
	LS		BLUP	
n.º 1	-27,48	y +34,07	-9,66	y +10,45
n.º 2	-27,55	y +32,88	-7,24	y +16,00

El rango de valores de las estimaciones LS es muy superior al de las BLUP, siendo la variabilidad de las estimaciones LS notablemente superior a las BLUP.

La diferencia entre la amplitud del rango de valores de las predicciones del valor genético de los sementales BLUP y la amplitud de las LS nos parece totalmente justificada en términos teóricos.

Cuando se utiliza el método LS para la estimación del valor genético de los sementales, este factor de variación subyace en el modelo como «fijo», mientras que es aleatorio cuando las predicciones son BLUP.

Si el número de hijas por semental es muy elevado, la variabilidad de las estimaciones LS y BLUP tenderían a igualarse, mientras que cuando el número de hijas por semental es bajo, la varianza de las estimaciones LS aumenta y la de las BLUP disminuye.

La variabilidad de las estimaciones puntuales LS de los sementales no creemos que sea totalmente comparable con la estimación de la heredabilidad, aunque ésta se calcule a partir del componente de varianza debido al semental.

En este sentido, el método de estimación de componentes de varianza LS^{7, 8, 9, 10}, creemos que puede considerarse adecuado, teniendo en cuenta que los componentes de varianza se obtienen «ajustados» para los restantes factores de variación.

Para el modelo mixto, el método BLUP permite obtener estimaciones de los efectos medios de los factores aleatorios rigurosamente «ajustadas» en comparación con las estimaciones LS.

En este sentido, el tipo de ajuste estadístico para los factores ambientales o fijos, así como la estructura de los datos fuertemente desequilibrada y con un cierto grado de desconexión, creemos que son los factores causantes del sesgo de las estimaciones LS, y de que la correlación entre las estimaciones LS y BLUP no sea lo suficientemente alta como para admitir que ambos métodos son equivalentes.

La mayor variabilidad de las estimaciones LS, frente a las BLUP, es estadísticamente explicable considerando el modelo general mixto¹⁷, y las varianzas implicadas en el algoritmo de cálculo^{16, 18}, no siendo este un factor que influya negativamente a la hora de poder utilizar el método LS para la valoración genética de sementales.

La relación entre las estimaciones LS y BLUP se ha establecido mediante dos tipos de modelos matemáticos (n.ºs 1 y 2), siendo las anteriormente indicadas (tabla n.º 4) las referidas al modelo n.º 1.

Para el modelo n.º 2, en el que el semental se ha incluido dentro del factor de variación grupo-rebaño, los coeficientes de correlación entre las estimaciones LS y BLUP han estado comprendidos entre 0,65 y 0,70.

Por lo tanto, cuando se sigue el modelo matemático n.º 2 no se obtiene un aumento en el grado de correlación entre las estimaciones LS y BLUP.

En conclusión, para el análisis genético de la producción láctea ovina, a partir de datos de campo, con un tipo de estructura fuertemente desequilibrada contemplada por nosotros, creemos destacables los siguientes aspectos:

1. Las estimaciones LS del valor genético de los sementales son sesgadas, no corrigiéndose el sesgo con la utilización de modelos matemáticos encaminados a compensar el grado de desequilibrio y desconexión de la estructura de los datos.

2. Las estimaciones BLUP del valor genético de los sementales presentan una variabilidad muy inferior a la de las estimaciones LS.

3. El método ML-BLUP sin transformación logarítmica es el más adecuado para la estimación de parámetros genéticos, y particularmente en la valoración genética de sementales.

4. En comparación con las estimaciones ML, las estimaciones LS de la heredabilidad presentan un sesgo positivo.

RESUMEN

A partir de un modelo lineal mixto, en el que se considera el factor semental como aleatorio y los ambientales, estación, tipo, año y número de parto, y rebaño, como fijos, se ha discutido la eficiencia de algunos métodos de estimación de parámetros genéticos para la producción láctea ovina.

Los métodos considerados han sido, el de máxima verosimilitud (ML), ML con transformación logarítmica de la variable, y el de mínimos cuadrados (LS), para la estimación de la heredabilidad, y el BLUP (predicción lineal insesgada de mínima va-

rianza), BLUP con transformación logarítmica y LS, en la valoración genética de sementales.

Las estimaciones BLUP del valor genético de los sementales han presentado una menor variabilidad que las estimaciones LS. Las estimaciones del valor genético de los sementales y de las heredabilidades obtenidas por el método LS fueron sesgadas. Los métodos ML y BLUP se han mostrado como los más adecuados para la estimación de parámetros genéticos.

EFFICIENCY OF ML HERITABILITY ESTIMATION AND BLUP SIRE EVALUATION METHODS IN DAIRY EWES

SUMMARY

In dairy ewe we have discussed the efficiency of some genetic estimation procedures for the general mixed lineal model, with the random sire factor, and the fixed environmental factors following: flock, and season, year, number and type of lambing.

Maximum likelihood (ML), ML with transformed variable to logarithmic scale and least squares (LS) heritability estimation methods, and best linear unbiased predictor (BLUP), BLUP-log and LS sire evaluation procedures, are considered.

The BLUP breeding values presented a lower variability than the LS values. The estimated breeding values and heritabilities for LS method were biased. In order to estimate genetic parameters the ML and BLUP procedures has been the more suitable.

BIBLIOGRAFIA

- 1) BARILLET, F. (1985). Amélioration génétique de la composition du lait des brebis. L'exemple de la race Lacaune. *Tesis doctoral* Institut National Agronomique. Paris-Grignon. pp. 34-35.
- 2) CARRIEDO, J. A. y SAN PRIMITIVO, F. (1982). Estudio genético de los factores que influyen en la producción láctea del ganado ovino. III. Heredabilidad y repetibilidad. *II Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Producción Ganadera*. Madrid. 4-8 de octubre, 1982.
- 3) CARRIEDO, J. A. y SAN PRIMITIVO, F. (1985). Variabilidad genética de la producción láctea y operatividad del sistema de selección de sementales en núcleos de ganado ovino de raza Churra. *An. Fac. Vet. León*, 31. En prensa.
- 4) DEMPFFLE, L. (1982). Problems in estimation of breeding values. *II Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Producción Ganadera*. Madrid, octubre de 1982.
- 5) ERIKSSON, J., WILTON, J. W. y HENNINGSSON, T. (1979). Evaluating performance-tested Beef Bulls for Daily Gain by BLUP. *Acta Agriculturae Scandinavica*, 29: 393-396.
- 6) FALCONER, D. S. (1970). *Introducción a la Genética Cuantitativa*. Ed. C.E.C.S.A. México, pp. 347-356.
- 7) HARVEY, W. R. (1970). Estimation of variance and covariance components in the mixed model. *Biometrics*, 26: 485-496.
- 8) HARVEY, W. R. (1977). *User's guide for LSML76*. The Ohio State University. Columbus, U.S.A. Mimeografía.
- 9) HARVEY, W. R. (1979). *Least-Squares Analysis of Data with Unequal Subclasses Numbers*. DSDA Agr. Res. Serv. ARS H-4.
- 10) HARVEY, W. R. (1985). *User's guide for LSMLMW*. The Ohio State University. Columbus, U.S.A. Mimeografía.
- 11) HENDERSON, C. R. (1975). Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, 31: 423-447.
- 12) HENDERSON, C. R. y QUAAS, R. L. (1976). Multiple trait evaluation using relatives records. *J. Anim. Sci.*, 43: 1.188-1.197.
- 13) LEE, A. J. y WARDROP, J. (1984). Predicting Daily Milk Yield, Fat Percent, and Protein Percent from Morning or Afternoon Test. *J. Dairy Sci.*, 67: 351-360.
- 14) SAN PRIMITIVO, F. y CARRIEDO, J. A. (1986). Comparación entre algunos métodos de estimación del valor genético de los sementales para la producción láctea ovina. *Jornada sobre mejora genética del ganado ovino de leche*. I.N.I.A. Madrid, 3 de junio de 1986.

- 15) SCHAEFFER, L. R. (1975). Disconnectedness and variance component estimation. *Biometrics*, 31: 969-977.
- 16) SCHAEFFER, L. R. (1976). Maximum likelihood estimation of variance components in dairy cattle breeding research. *J. Dairy Sci.*, 59: 2, 146-2, 151.
- 17) SEARLE, S. R. (1971). *Linear Models*. Ed. John Wiley & Sons, New York, pp. 485-490.
- 18) SZKOTNICKI, W. D., TONG, A. K. W., KROTCH, K. M., SHARABY, M. A., JHONSON, L. P. y SCHAEFFER, L. R. (1977). Maximum likelihood estimation of genetic parameters in canadienne, brown swiss, and milking short-horn. *Can. J. Anim. Sci.*, 58: 271-275.
- 19) THOMPSON, R. (1982). Methods of Estimation of Genetic Parameters. *II Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Producción Ganadera*. Madrid, Octubre de 1982.
- 20) VAN VLECK, L. D. (1968). Variation of milk records within paternal-sib groups. *J. Dairy Sci.* 51: 1, 465-70.
- 21) WRIGHT, S. (1922). Coeficiente of inbreeding and relation ship. *Amer. nat.* 56: 330-338.

APORTACION AL ESTUDIO ANATOMICO DE UN PROCESO DE RINOCEFALIA ASOCIADA A AGNATIA EN UN CERDO

Por C. García
M. Arias
J. Ramos
J. Sandoval (1)

INTRODUCCION

Es bien sabido que, en el curso de la morfogénesis, determinadas partes corporales del embrión y en concretos momentos de su desarrollo, pueden verse afectadas con relativa facilidad por influencias teratógenas de muy diversa naturaleza. Una de las regiones más susceptible es la determinante de los tejidos orofaciales²⁰, particularmente el primer arco branquiógeno, cuyo mesodermo en evolución va a ser responsable del desarrollo de las mandíbulas y musculatura masticadora.

La agnatia es un fenómeno que consiste en la carencia congénita de mandíbula, aunque sería más correcto hablar de microagnatia ya que muy a menudo persiste algún rudimento de ésta. Tal anomalía es causada por un fallo en la evolución de dicho arco branquiógeno y estructuras asociadas^{15, 18, 23}. El grado de afectación es muy variable²¹, y se presenta generalmente acompañada de otras alteraciones, tales como atelostomía, microglosia (incluso aglosia) y sinotia más o menos acusadas^{18, 26}.

No obstante, la incidencia en cerdos es muy escasa¹, algo más frecuente en terneros^{4, 9, 22}, perro^{11, 25} y caballo²⁷. Afecta bastante más a los ovinos^{5, 6, 7, 12, 16} y rarisimamente al hombre^{1, 13, 26}.

En estudios realizados en Australia sobre grandes poblaciones de ovinos durante tres años⁶ demostraron que la agnatia (o microagnatia) iba acompañada de otras alteraciones como desarrollo anormal de la boca (atelostomía y microstomía), nariz distorsionada (atelorrinia) e incluso convertida en una especie de probóscide o trompa (rinocefalia). El síndrome de agnatia afecta, asimismo, a estructuras no óseas (cavidad bucal, lengua, faringe, oídos, ojos, etc.), es decir, acompañada de dismorfia en la zona. Con frecuencia se observa persistencia de la membrana bucofaringea, encontrándose ocluidos o poco desarrollados el esófago y la laringe⁶. Lógicamente, estos fallos de la morfogénesis bucofacial resultan incompatibles con la vida; los animales mueren an-

(1) Departamento de Biología Celular y Anatomía.

An. Fac. Vet. León, 1986, 32, 237-245