



## CAPÍTULO 10

### CRITERIOS Y MÉTODOS DE SELECCIÓN

La herramienta del mejorador genético depende del objetivo de sistema de apareamiento, por ejemplo si queremos criar animales puros y el índice de herencia es alto para la característica seleccionada la respuesta a la selección será eficiente, estos sistemas de apareamientos son simples ya que trabajamos con razas puras, buscamos cruzar los mejores padres con las mejores madres de la población con el fin de tener progenies con altos rendimientos en las características seleccionadas, el problema está en saber cuáles son los mejores animales de la población.

La selección no es más que un proceso de reproducción diferencial donde se le da la oportunidad a los mejores genotipos a contribuir con sus gametos para formar la siguiente generación. Si los mejores animales son escogidos y apareados el promedio general de la siguiente generación aumentaría, eso lo medimos como la respuesta a la selección:

$$R = h^2 S$$

Dónde:

$S$  =diferencial de selección

$R$  =respuesta a la selección

Y sabiendo que:

$$S = \overline{y_s} - \overline{y_\mu}$$

Donde estos promedios son los del grupo seleccionado y el del rebaño.

Si buscamos maximizar la respuesta a la selección lo que se busca es aumentar el diferencial de selección, esto se logra aumentando el número de animales descartados.

**Criterios de selección:** Son las piezas de información que usa el mejorador genético:

- Pedigree
- Criterio individual
- Prueba de progenie
- Parientes colaterales

El criterio de selección usado depende de la actitud de la especie, tomemos como ejemplo la selección de toros en razas lecheras como la Holstein, el criterio individual quedaría completamente descartado debido a que los toros no dan leche, pero estos son transmisores de genes que contribuyen a la producción láctea, por lo tanto, un criterio por prueba de progenie o parientes colaterales (o ambos) sería apropiados.

Cuando se plantea aplicar la selección para  $n$  características simultáneas, en un rebaño particular, es necesario conocer cuáles animales (machos y hembras) tienen la capacidad de generar crías con las características deseadas. Esto se puede conocer calculando la

habilidad de transmisión predicha (PTA, para producción de leche) o la diferencia esperada de progenies (DEPs, para producción de carne) para los animales de un rebaño particular. El PTA es el mejor predictor del mérito genético de un animal, y se interpreta como una desviación de la media poblacional, es decir, representa la superioridad o inferioridad de un animal con respecto al promedio del rebaño.

En los índices de selección, los valores fenotípicos tienen que estar perfectamente ajustados por los factores ambientales que afectan al carácter (efectos fijos), de lo contrario, los estimadores podrían estar sesgados y ser menos confiables. Para la estimación de los PTA, es necesario conocer los índices de herencia, las correlaciones genéticas (si aplica) y el valor económico (si aplica) del rasgo a seleccionar. Con los índices de selección, se produce un valor óptimo para cada animal y es un valor único que está optimizado por los valores económicos, el índice de herencia y las correlaciones entre las características.

Por la teoría estadística, se conoce que el mejor predictor lineal del mérito genético de un animal es el producto del coeficiente de regresión, por el registro ajustado:

$$I_i = b_1 (y_i - \mu)$$

Donde:

$I_i$  = Índice de selección para un rasgo particular

$b_i$  = Coeficiente de regresión lineal.

$y_i$  = Valor fenotípico.

$\mu$  = Promedio del rebaño.

Si se cuenta con la información de más de un familiar:

$$I_i = \sum b_i (y_i - \mu)$$

Como se puede notar, el coeficiente de regresión, se asume como un valor poblacional, pero en realidad es un estimador del valor

real, por lo tanto, para utilizar un índice de selección los parámetros genéticos estimados, deben ser calculados a partir de muestras suficientemente grandes, para que los errores de muestreo no puedan distorsionar la eficiencia de las predicciones.

Cuando se utiliza un índice de selección para medidas repetidas de un animal (como por ejemplo producción láctea), el mejor predictor lineal del valor genético es:

$$I_i = \frac{nh^2}{1 + (n-1)R} (\bar{y}_i - \bar{y}_R) = b (\bar{y}_i - \bar{y}_R)$$

Donde:

$R$  = Es el índice de constancia del carácter.

Para las pruebas de progenie, se utiliza una ecuación similar, pero tiene leves modificaciones, la principal es que el índice de constancia es remplazado por la heredabilidad. Para este caso el mejor predictor del mérito genético para un reproductor es:

$$I_i = \frac{1/2nh^2}{1 + 1/4(n-1)h^2} (\bar{y}_i - \bar{y}_R) = b (\bar{y}_i - \bar{y}_R)$$

Donde:

$h^2$  = Índice de herencia de la característica en cuestión

Cuando se aplica la selección para  $n$  rasgos, el índice de selección toma en cuenta el valor de los parámetros genéticos y la importancia económica de cada rasgo (el valor económico es opcional). Este índice genera un sistema de ecuaciones que puede ser resuelto por métodos algebraicos. El vector de parámetros de regresión, se estiman resolviendo un sistema de ecuaciones que se construye de tal forma que en las filas y columnas de la matriz donde se tengan sub índices iguales se colocan varianzas, y donde sean desiguales se colocan

covarianzas. En esta estructura del lado izquierdo corresponden varianzas y covarianzas fenotípicas ponderadas por parámetros de regresión, y del lado derecho varianzas y covarianzas genéticas ponderados por valores económicos. La expresión algebraica es:

$$Pb = Ga$$

Donde:

$P$  = matriz de covarianzas fenotípicas

$b$  = vector de parámetros de regresión

$G$  = matriz de covarianzas genéticas

$a$  = vector de valores económicos

La solución de esta expresión es:

$$b = P^{-1} Ga$$

Donde:

$P^{-1}$  = Inversa de la matriz fenotípica.

La expresión  $b = P^{-1} Ga$ , es equivalente (en este caso con 2 características) a resolver el siguiente sistema de ecuaciones:

$$\sigma_{py1}^2 b1 + COV_{p(y1y2)} b2 = \sigma_{ay1}^2 a1 + COV_{a(y1y2)} a2$$

$$COV_{p(y1y2)} b1 + \sigma_{py2}^2 b2 = COV_{a(y1y2)} a1 + \sigma_{ay2}^2 a2$$

### Ejemplo 9

Se quiere evaluar a dos toros usando el criterio individual, con registros de 100 Kg y 200Kg, para cada uno, en un periodo específico. Para los candidatos no se conocen ascendientes de ninguno de ellos y la heredabilidad del carácter es  $h^2 = 0.50$ .

**1.-) Modelo animal (modelo mixto).**

Se construyen las ecuaciones del modelo mixto de Henderson usando la multiplicación matricial, para este caso:

**Tabla 25**  
*Datos de toros*

	Promedio	Toro1	Toro2	RHS
Promedio	2	1	1	300
Toro 1	1	1	0	100
Toro 2	1	0	1	200

De color gris tenemos  $(X'X)$ , de verde  $(X'Z)$ , de Naranja  $(Z' X)$  de celeste  $(Z'Z)$  y de amarillo RHS.

Como no se conoce información genealógica la matriz A es igual a la matriz identidad, y, por lo tanto, su inversa:

$$A^{-1} = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix}$$

El parámetro alfa es igual a  $1 - h^2 / h^2$ , por lo tanto:

$$\alpha = \frac{1 - 0.5}{0.5} = 1$$

Y, si multiplicamos por la inversa de la matriz de parentesco, obtenemos para este caso la misma matriz:

$$A^{-1} * 1 = A^{-1}$$

Por lo tanto:

$$(Z'Z) + A^{-1} * \alpha = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 2 & 0 \\ 0 & 2 \end{pmatrix}$$

Entonces, las ecuaciones completas son:

$$\begin{pmatrix} 2 & 1 & 1 \\ 1 & 2 & 0 \\ 1 & 0 & 2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mu \\ a_1 \\ a_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 300 \\ 100 \\ 200 \end{pmatrix}$$

Y la solución viene de:

$$\begin{pmatrix} \mu \\ a_1 \\ a_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 2 & 1 & 1 \\ 1 & 2 & 0 \\ 1 & 0 & 2 \end{pmatrix}^{-1} * \begin{pmatrix} 300 \\ 100 \\ 200 \end{pmatrix}$$

Resolviendo el sistema de ecuaciones tenemos:

$$\begin{pmatrix} \mu \\ a_1 \\ a_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 150 \\ -25 \\ 25 \end{pmatrix}$$

## 2.-) Índice de selección.

Para los índices de selección, el mejor predictor del valor genético de un animal, es el coeficiente de regresión lineal multiplicado por el registro ajustado (registro ajustado por los efectos fijos). Para este caso el efecto fijo es la media, por lo tanto, se calcula el valor estimado de la media:

$$\mu = \frac{\sum y}{n}$$

Por lo tanto:

$$\mu = \frac{100 + 200}{2} = 150$$

Notemos que el valor para el efecto fijo media, coincide perfectamente al calculado con el modelo animal. Procedemos a desviar los datos de la media:

$$y^* = 100 - 150 = -50$$

$$y^* = 200 - 150 = 50$$

Ya tenemos los desvíos de la media para los animales 1 y 2, para el criterio individual el valor del coeficiente de regresión es igual a la heredabilidad:

$$a_i = b * (y_i - \mu) = h^2 * (y_i - \mu)$$

Por lo tanto:

$$a_1 = 0.5 (-50) = -25$$

$$a_2 = 0.5 (50) = 25$$

El cual es un resultado idéntico al encontrado con el modelo animal. Los DEPs son la mitad del valor genético, por lo tanto:

$$DEP_1 = -\frac{25}{2} = -12.5kg$$

$$DEP_2 = \frac{25}{2} = 12.5kg$$

Por lo tanto, se debe seleccionar al animal 2.

Se nota que con el **Modelo animal** se hizo un trabajo estadístico mayor para obtener los mismos resultados que con un índice de selección, el cual es sencillo de aplicar. Esto lleva a la reflexión, de que, si no disponemos de una buena información genealógica, las ventajas del modelo animal no son tan aparentes con respecto al índice de selección, por el contrario, si se dispone de una buena matriz A, las

estimaciones serán más precisas, y, por lo tanto, es conveniente aplicar el modelo animal.

**Ejemplo 10.**

Se quiere evaluar vacas por producción láctea y peso al destete, por lo tanto, se decidió estimar sus valores genéticos para estos rasgos usando un índice de selección. Los datos de los parámetros genéticos y fenotípicos son:

$Y_1$  = Producción de leche

$Y_2$  = Peso al destete

$a_1$  = valor económico de producción de leche

$a_2$  = valor económico del peso al destete

$$h_{y1}^2 = \frac{\sigma_{ay1}^2}{\sigma_{py1}^2}$$

$$h_{y2}^2 = \frac{\sigma_{ay2}^2}{\sigma_{pv2}^2}$$

Covarianza genética de  $y_1$  ,  $y_2$

Covarianza fenotípica de  $y_1$  ,  $y_2$

Los valores de los parámetros se colocan según el criterio mencionado:

$$100b_1 + 70.70b_2 = (45) \cdot (2) + (31.20) (1)$$

$$70.70b_1 + 200 b_2 = 31.20 (2) + (60) (1)$$

Resolviendo los productos:

$$100b_1 + 70.70b_2 = 90 + 31.20$$

$$70.70b_1 + 200 b_2 = 62.40 + 60$$

Resolviendo la aritmética:

$$\begin{aligned} 100b_1 + 70.70b_2 &= 121.20 \\ 70.70b_1 + 200b_2 &= 122.40 \end{aligned}$$

Para encontrar los valores de los coeficientes de regresión se puede aplicar la ecuación de determinantes:

$$\begin{vmatrix} 100 & 70.70 \\ 70.70 & 200 \end{vmatrix} = 20000 - 4998.49 = 15001.51$$

$$X_1 = 24240 - 8653.68 = 15586.37$$

Por lo tanto, el coeficiente de regresión para  $b_1$  es:

$$b_1 = \frac{15586.37}{15001.51} = 1.0389$$

Usando el mismo criterio, podemos encontrar el valor para el segundo coeficiente de regresión. Para estos valores el índice de selección es:

$$I = 1.0389(y_1 - \mu) + 0.2447(y_2 - \mu)$$

### Uso del SAS.

```
proc iml;
reset print;
P= { 100 70.70, 70.70 200};
G={45 31.20, 31.20 60};
a={ 2, 1};
b= inv(P)*G*a;
```

**Tabla 26**  
*Salida índice de selección*

<b>P</b>	2 rows	2 cols (numeric)
	100	70.7
	70.7	200
<b>G</b>	2 rows	2 cols (numeric)
	45	31.2
	31.2	60
<b>A</b>	2 rows	1 col (numeric)
		2
		1
<b>B</b>	2 rows	1 col (numeric)
		1.0389834
		0.2447194

Resultados idénticos a los encontrados manualmente.