

# MIPOB: UN PROGRAMA DE SIMULACIÓN PARA EL APRENDIZAJE EN MEJORA GENÉTICA ANIMAL

## MIPOB: A SIMULATION PROGRAM FOR LEARNING IN ANIMAL BREEDING

Alfonso, L.

Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos. Universidad Pública de Navarra. Campus Arrosadia. Pamplona. España. leo.alfonso@unavarra.es

### PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Genética. Selección. Docencia. Software. Simulación.

### ADDITIONAL KEYWORDS

Genetics. Selection. Teaching. Software. Simulation.

### RESUMEN

Se ha desarrollado un programa de simulación de apoyo a la docencia de los cursos introductorios a la Mejora genética animal. El programa surgió ante la ausencia de este tipo de herramientas docentes orientadas a estudiantes de primeros cursos de grado universitario, especialmente en lengua española. El programa simula una población animal cerrada de censo reducido en la que los estudiantes deben de ir tomando las decisiones de elección de futuros reproductores y cómo aparearlos. De esta forma se facilita la introducción de los conceptos básicos sobre selección y evaluación genética, y conservación y genética de poblaciones. El programa considera el caso particular del vacuno de carne y se pueden realizar hasta un total de diez generaciones de selección. Tras haber sido probado durante dos cursos consecutivos en enseñanza reglada universitaria, está disponible de forma gratuita para su libre utilización y distribución.

### SUMMARY

A simulation program has been developed to support the teaching of introductory courses in animal breeding. The program was conceived because the absence of this kind of educational tool aimed at students of first university degree courses, especially in Spanish language. The program simulates a closed animal population of small size in which students should take decisions of choice and mating of future parental. This facilitates the introduction of the basic concepts of selection and genetic evaluation, and also of

conservation and population genetics. The program considers the particular case of beef cattle and a total of ten generations of selection can be simulated. Having been tested for two consecutive courses in university formal education, it is available for free use and distribution.

### INTRODUCCIÓN

Al igual que en cualquier otra disciplina existen distintos métodos y actividades para afrontar el aprendizaje y la enseñanza de la mejora genética animal, pero la simulación mediante ordenador es especialmente atractiva dado el inconveniente, entre otros (Carlson, 1985), de la imposibilidad de realizar experimentos reales de selección genética con animales ganaderos en el breve tiempo que ocupa una asignatura o curso. La selección es un proceso lento de cambio de las características genéticas de las poblaciones animales, que sólo a medio-largo plazo cobra interés dado el carácter acumulativo de los cambios producidos generación tras generación.

La simulación no es una herramienta docente nueva, ni siquiera reciente. Heidhues y Henderson (1961), y Willham (1968) ya propusieron la utilización de la simulación como herramienta docente y de extensión, para entender las claves de la evaluación genética en ganado vacuno sin

## ALFONSO

tener necesariamente que disponer de unos conocimientos estadísticos muy avanzados. Así, se desarrollaron algunos programas informáticos que con el tiempo se fueron adaptando para su uso en ordenadores personales (Buchanan *et al.*, 1988), o más recientemente a través de internet (Medrano *et al.*, 2010).

Desde el inicio se constató que la utilización de estas herramientas permitía aumentar el interés, la comprensión, la aplicación y el conocimiento de la mejora genética animal (DeRouen *et al.*, 1989), y así ha sido personalmente después de haber utilizado durante varios años Cowgame (Buchanan *et al.*, 1988) en el desarrollo de distintas asignaturas y cursos sobre mejora genética animal. Los contenidos de los cursos de Mejora genética animal, así como las formas de estudio y aprendizaje de los estudiantes universitarios han ido variando, y actualmente es necesario disponer de herramientas que se adecuen mejor a los objetivos docentes, las competencias a adquirir por parte de los alumnos, su forma de estudiar, y a las actividades docentes a desarrollar.

Para el desarrollo de los primeros cursos introductorios a la Mejora genética animal hay otros programas de apoyo a la docencia, como Genup (Kinghorn, 1992) o PQGen (Altarriba *et al.*, 2010), que también resultan de gran utilidad, permitiendo ir más allá de los objetivos iniciales de los primeros programas de simulación, basados en entender y familiarizarse con la evaluación genética de reproductores, y así introducir otros contenidos importantes de genética de poblaciones y genética cuantitativa. No obstante, el planteamiento de los contenidos, y su funcionamiento, no obliga a la toma de decisiones continua y autónoma por parte del alumno, ni a la asunción de las consecuencias de las decisiones tomadas, lo cual le aleja en cierto modo de la reflexión sobre los resultados que se van alcanzando en un rebaño sometido a selección.

En este contexto, se pensó en desarrollar un programa (*MiPob*) que reuniera las

siguientes características: 1) fuera sencillo de utilizar y no precisara un excesivo conocimiento previo de las bases teóricas de la genética y la selección animal; 2) lo pudiesen utilizar de forma gratuita usuarios hispanoparlantes, sin grandes necesidades de equipamiento informático, en el entorno habitual MS-Windows, y sin necesidad de conexión a internet; 3) ayudase a entender el interés, las limitaciones y las consecuencias de seleccionar una población animal de censo reducido como estrategia de mejora genética, a través de la simulación de una población y la toma de decisiones -por parte del alumno- de cómo realizar los apareamientos entre animales; 4) ayudase a introducir en los cursos de mejora, si así se considerara, no sólo el concepto de valor genético de los animales, su predicción y la precisión de esas predicciones, si no también otros conceptos como la deriva genética, la consanguinidad, el parentesco entre animales, la depresión consanguínea de las producciones, los apareamientos dirigidos, la respuesta genética a la selección, el tamaño efectivo de población, etc.

## MATERIAL Y MÉTODOS

## PROCESO DE SIMULACIÓN

Para el desarrollo del programa se consideró un rebaño de vacuno de carne con las siguientes características:

1) Inicialmente está formado por 5 toros y 50 vacas, es decir se considera una población de reducido tamaño. El número de hembras debe mantenerse constante a lo largo de las generaciones, pero el número de machos se puede reducir a un mínimo de dos.

2) La población se considera genéticamente singular frente a otras poblaciones de vacuno por ser portadora de 5 alelos singulares, en 5 *loci* autosómicos, dialélicos, y ubicados en distintos cromosomas (es decir independientes), con distintas frecuencias (por defecto cuatro de ellos pre-

## HERRAMIENTA DE ESTUDIO DE LA SELECCIÓN ANIMAL

sentos en baja frecuencia, 0,05, y otro a frecuencia intermedia, 0,5).

3) El objetivo productivo de la población es el peso al sacrificio (peso al año asumiendo que los animales se sacrifican con una edad de 12 meses). Ese carácter tiene por defecto, en el programa, unos valores de 480 kg de media, 50 kg de desviación típica, y una heredabilidad de 0,35 (por simplicidad, no se consideran diferencias en el crecimiento de machos y hembras).

4) En cada generación padres e hijos pueden ser candidatos a la selección, es decir escogidos como futuros reproductores para formar la siguiente generación. Se considera un intervalo entre partos de 24 meses y una edad a la primera cubrición de 15 meses. Aunque el intervalo entre partos es demasiado largo, y la primera cubrición algo temprana, se facilita la simulación, al poder escoger simultáneamente a padres e hijos. El intervalo generacional mínimo resultante es de 36 meses.

5) En todos los animales se controla el parentesco (padre y madre, asumiendo que no hay errores de asignación). En base a toda la información genealógica disponible desde la creación de la población se calculan los coeficientes de consanguinidad y parentesco de los animales.

6) La fertilidad del rebaño tiene un valor inicial por defecto del 85 % (aunque se puede modificar), y la probabilidad de sexos al nacimiento está fijada en un 50 %. La fertilidad se ve afectada negativamente por el aumento de la consanguinidad, reduciéndose en un determinado porcentaje por cada 10 % de aumento de la consanguinidad (por defecto un 2 %). Por simplicidad, esa disminución de la fertilidad no afecta al número de partos, es decir se asume que se ve compensada por un aumento del número de cubriciones.

7) En la población se produce cada generación un determinado porcentaje de bajas de animales (por defecto un 5 %). Si la baja se produce antes del año de edad quiere decir que no se dispondrá del dato de peso

de ese animal, pues el control se realiza al año. Por simplicidad el porcentaje de bajas se considera independiente a la edad, y no se establece una longevidad máxima de los animales.

8) El valor genético de los animales para el peso al sacrificio se predice en función del peso individual de cada animal y del de todos sus descendientes. Al hacer la predicción del valor genético de los animales, se calcula también su precisión (fiabilidad).

9) Se pueden realizar un máximo de 10 generaciones de selección.

## SIMULACIÓN DE VALORES GENÉTICOS Y FENOTÍPICOS

El fenotipo para el carácter Peso al sacrificio se simula, para el animal  $i$ , según la expresión:

$$P_i = \mu + G_i + E_i$$

siendo:

$\mu$  = la media del carácter (480 por defecto)

$E_i$  = la componente no heredable del carácter que se simula según una variable normal de media 0 y desviación típica  $\sigma_e$  (20,16 por defecto)  $[N(0, \sigma_e^2)]$

$G_i$  = componente genética heredable del carácter (valor genético) que se simula según distintas expresiones:

- para los animales de la población inicial según una variable normal de media 0 y desviación típica  $\sigma_a$  (14,79 por defecto)  $[N(0, \sigma_a^2)]$

- para los animales de las siguientes generaciones como la semisuma del valor genético de sus padres ( $G_p$  y  $G_m$ ) más una componente de muestreo mendeliano ( $\Phi_i$ ), es decir:  $G_i = [(G_p + G_m)/2] + \Phi_i$ , donde la componente de muestreo mendeliano ( $\Phi_i$ ) se obtiene teniendo en cuenta el coeficiente de consanguinidad de padre ( $F_p$ ) y madre ( $F_m$ ), a partir de una variable aleatoria con distribución normal de media 0 y desviación típica  $(1/4) \cdot (1 - ((F_p + F_m)/2))^{(1/2)} \cdot \sigma_a$  (ver p.ej. Sorensen y Kennedy, 1984).

Cada uno de los cinco *genes singulares* se simula inicialmente para cada animal de la población base. Se asigna aleatoriamente uno de los dos alelos posibles a cada uno de

## ALFONSO

los  *cromosomas*  de acuerdo a las frecuencias alélicas consideradas. Para las siguientes generaciones, a cada animal se le asigna aleatoriamente uno de los dos alelos de cada parental, y se calcula la frecuencia de cada alelo en la población mediante conteo simple.

## PREDICCIÓN DEL VALOR GENÉTICO

El valor genético de los animales se calcula teniendo en cuenta el fenotipo propio y el de todos sus hijos mediante un índice de selección (ver p.ej. Van Vleck  *et al.* , 1987). Asumiendo que no existen factores ambientales no aleatorios en el rebaño (tal como se simula), el cálculo se realiza mediante la siguiente expresión:

$$EBV = b_i \cdot (P_i - P_m) + b_h \cdot (P_h - P_m)$$

donde:

EBV = Valor genético predicho ( *Expected breeding value* )

$P_i$  = Peso al sacrificio del animal

$P_h$  = Media del peso al sacrificio de todos sus hijos

$P_m$  = Media del peso al sacrificio de todos los animales de la población

$$b_i = \frac{\{h^2 \cdot [1 + 0.25 \cdot h^2 \cdot (n - 1)]/n\} - (0.5 \cdot h^2)^2}{[1 + 0.25 \cdot h^2 \cdot (n - 1)]/n - (0.5 \cdot h^2)^2}$$

$$b_h = \frac{0.5 \cdot h^2 \cdot (1 - h^2)}{[1 + 0.25 \cdot h^2 \cdot (n - 1)]/n - (0.5 \cdot h^2)^2}$$

siendo  $h^2$  la heredabilidad, y  $n$  el número de hijos con registros.

La precisión de la predicción de esos valores genéticos se calcula según la expresión:

$$\text{Precisión} = \sqrt{b_i + (0.5 \cdot b_h)}$$

Aunque se podía haber considerado una evaluación genética basada en el modelo animal y su correspondiente resolución  *BLUP* , se optó por la utilización de un índice de selección simple basado en regresión múltiple para facilitar la comprensión a estu-

diantes sin conocimientos estadísticos del modelo mixto.

## CÁLCULO DE LOS COEFICIENTES DE CONSANGUINIDAD Y PARENTESCO

El cálculo de los coeficientes de consanguinidad y parentesco se realiza siguiendo el método tabular (ver p.ej. Van Vleck  *et al.* , 1987): se construye una matriz con todos los animales simulados hasta el momento ordenados cronológicamente (se trata una matriz simétrica) y se asignan sus elementos empezando por el primer elemento de la primera fila, y continuando con esa misma fila, siguiendo como reglas: a) elementos de la diagonal =  $1 + 1/2$  de la suma de los coeficientes de relación entre sus padres si los conocemos; en caso contrario 1; b) elementos de fuera de la diagonal =  $1/2$  de la suma del valor de sus padres en esa fila. Como resultado se obtienen los coeficientes de relación aditiva de parentesco entre todos los animales implicados, y a partir de esos valores se deducen los coeficientes de consanguinidad y de parentesco de Malécot. El coeficiente de consanguinidad de un animal será el coeficiente de relación de parentesco consigo mismo (elementos de la diagonal de la matriz) menos 1. El coeficiente de parentesco de Malécot entre dos animales será el coeficiente de relación aditiva de parentesco (elementos de fuera de la diagonal) dividido por 2. Es interesante señalar que este coeficiente de parentesco entre dos individuos es igual al coeficiente de consanguinidad de un hipotético descendiente, lo que indica qué apareamientos es deseable evitar para mantener la variabilidad.

## CÁLCULO DEL TAMAÑO EFECTIVO DE POBLACIÓN

El tamaño efectivo de población ( $N_e$ ) se calcula para cada generación teniendo en cuenta el número de machos ( $N_m$ ) y hembras ( $N_h$ ) que han actuado como reproductores según la expresión:

HERRAMIENTA DE ESTUDIO DE LA SELECCIÓN ANIMAL

$$N_e = \frac{4 N_m N_h}{N_m + N_h}$$

Es obligado indicar inmediatamente que esa expresión asume apareamientos al azar y homogeneidad en el número de hijos producidos por cada reproductor, por lo que sólo se puede considerar como una estimación del límite superior que podría tener el tamaño efectivo de población. Bajo selección, se puede considerar que el tamaño efectivo de población será de aproximadamente un 70 % del calculado mediante las

fórmulas anteriores (FAO, 2013).

Se ha considerado interesante contemplar el concepto de tamaño efectivo de población dentro del programa por ser muy utilizado en el terreno práctico de la conservación de poblaciones, y considerarlo útil a efectos de introducir la discusión sobre la relación existente entre la selección animal y la conservación de poblaciones.

Para interpretar los resultados que ofrece el programa hay que tener en cuenta que si en una generación se produce la baja de algún animal que ha actuado como repro-

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
1	ANIMAL	GRUPO	PESO	EBV	PRECISIÓN	ESTADO	PADRE	MADRE	COEF. CONSANGUINIDAD			
2	1	TORO	669	18.707	0,8041			0	0	0		
3	2	TORO	512	-25.901	0,8156			0	0	0		
4	3	TORO	654	-28.562	0,7812			0	0	0		
5	4	TORO	505	12.336	0,7521			0	0	0		
6	5	TORO	631	35.117	0,8119			0	0	0		
7	6	VACA	536	11.860	0,5383			0	0	0		
8	7	VACA	353	-33.121	0,5383			0	0	0		
9	8	VACA	416	-19.841	0,5383			0	0	0		
10	9	VACA	461	-14.859	0,512			0	0	0		
11	10	VACA	507	9.327	0,5383			0	0	0		
12	11	VACA	426	-4.832	0,5383	Baja		0	0	0		
13	12	VACA	518	8.140	0,5383	Baja		0	0	0		
14	13	VACA	468	-9.529	0,512			0	0	0		
15	14	VACA	357	-20.607	0,512			0	0	0		
16	15	VACA	468	-5.374	0,5383			0	0	0		
17	16	VACA	572	6.066	0,5383			0	0	0		
18	17	VACA	309	-31.439	0,5383			0	0	0		
19	18	VACA	328	-27.916	0,5383			0	0	0		
20	19	VACA	482	7.804	0,5383			0	0	0		
21	20	VACA	371	-33.247	0,512			0	0	0		
22	21	VACA	383	-35.346	0,5383			0	0	0		
23	22	VACA	449	-9.944	0,5383			0	0	0		
24	23	VACA	476	-6.944	0,5383			0	0	0		
25	24	VACA	390	-15.411	0,5383			0	0	0		
26	25	VACA	544	-9.448	0,5383			0	0	0		
27	26	VACA	463	-30.024	0,512			0	0	0		
28	27	VACA	577	6.281	0,5383			0	0	0		
29	28	VACA	557	5.646	0,512			0	0	0		

**Figura 1.** Ejemplo de consulta de [Resultados\_VG]: permite consultar las producciones, información genealógica, coeficiente de consanguinidad y valor genético predicho (EBV) y su precisión, para los animales que forman parte de la población en una de las generaciones simuladas -con la información adicional de si ha sido dado de baja o continúa en activo. (Example query [Results\_BV]: allows checking performances, genealogical information, inbreeding coefficient and predicted breeding value (EBV), and precision for animals that are part of the population in each of the generations simulated, with the information additional if animals have died or are still alive).

## ALFONSO

ductor, el tamaño efectivo calculado no se podrá deducir a partir de la estructura final de la población en esa generación. Tampoco se podrá deducir a partir del aumento de la consanguinidad de la población, dado que este se calcula como el valor medio de los coeficientes de consanguinidad de los animales presentes en la población, y no a partir del tamaño efectivo calculado.

### INTERFAZ GRÁFICA

El programa, desarrollado en entorno gráfico mediante *Liberty Basic* (version 4.04, *Shoptalk Systems*), utiliza ficheros de formato *Comma Separated Value (CSV)* para alimentar ciertos datos por parte del usuario. Según la configuración de la computadora es posible que los ficheros *CSV* no se abran directamente con la hoja de cálculo predeterminada sino a través de Internet Explorer de Windows; si eso resulta inconveniente o incómodo para trabajar, en la página de soporte técnico y ayuda de Microsoft se puede acceder al paquete de configuración de Internet Explorer para abrir documentos de Office. Por otra parte, también hay que tener en cuenta al importar los ficheros a la hoja de cálculo que esos ficheros *CSV* utilizan el punto (.) como símbolo decimal.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### VISIÓN GENERAL: COMPONENTES

El programa se estructura en base a ocho menús desplegables:

1) Inicio: permite conocer en que generación de la simulación nos encontramos [*Situación actual*] e iniciar el proceso de simulación creando un nuevo rebaño de partida [*Crear población*].

2) Aparear: permite definir y realizar los apareamientos entre los reproductores activos.

3) Simular: permite simular los descendientes de los apareamientos previamente diseñados en hasta un máximo de diez generaciones.

4) Resultados VG: permite consultar las producciones, información genealógica, coeficiente de consanguinidad y valor genético predicho (EBV o VG) y su precisión, para los animales que forman parte de la población en cada una de las generaciones simuladas -con la información adicional de si ha sido dado de baja o continúa en activo-.

5) Consultas fxy: permite consultar cuales son las hembras emparentadas con cada uno de los machos activos de la población, cuantificando su grado de relación familiar mediante el coeficiente de parentesco (fxy).

6) Evolución: ofrece los resultados de las características de la población en cada una de las generaciones simuladas.

7) Utilidades: facilita el acceso a algunas aplicaciones de MS-Windows (calculadora, notas, explorador).

8) Sobre MiPob: da acceso al manual de usuario, información del programa y fundamentalmente a los valores de los parámetros de simulación que por defecto considera el programa (y que pueden ser modificados -con precaución- si lo desea el usuario).

### CREACIÓN DEL REBAÑO

Para empezar se debe crear un rebaño [*Inicio [Crear Población]*]. Al hacerlo se borra toda la información que exista si se hubiera creado un rebaño anterior.

Los datos de cada generación que se vayan creando se pueden consultar en [*Resultados\_VG*] Los datos se abren con la hoja de cálculo predeterminada en el ordenador para poder consultarlos, ordenarlos, etc., pudiendo guardar los cambios para recordar los criterios de elección de reproductores que se utilicen en el proceso de selección. La información que se tendrá de cada animal es su Identificación, Grupo (Toro, Vaca, Ternero, Ternera), Peso (kg), EBV (valor genético predicho), Precisión (de su EBV), Estado (si ha sido dado de Baja), Padre, Madre y Coef. Consanguini-

## HERRAMIENTA DE ESTUDIO DE LA SELECCIÓN ANIMAL

	A	B	C	D	E	F	G
1	id TORO	5	1	60	0	0	(a)
2	N° hembras	25	10	15	0	0	(b)
3	Hembra 1	40	44	32	0	0	
4	Hembra 2	43	42	28	0	0	
5	Hembra 3	50	10	16	0	0	
6	Hembra 4	41	46	27	0	0	
7	Hembra 5	47	(c) 6	19	0	0	
8	Hembra 6	54	72	57	0	0	
9	Hembra 7	53	82	81	0	0	
10	Hembra 8	30	79	66	0	0	
11	Hembra 9	49	92	80	0	0	
12	Hembra 10	35	83	59	0	0	
13	Hembra 11	103	0	13	0	0	
14	Hembra 12	89	0	25	0	0	
15	Hembra 13	69	0	23	0	0	
16	Hembra 14	64	0	52	0	0	
17	Hembra 15	100	0	15	0	0	
18	Hembra 16	87	0	0	0	0	
19	Hembra 17	56	0	0	0	0	
20	Hembra 18	98	0	0	0	0	
21	Hembra 19	61	0	0	0	0	
22	Hembra 20	96	0	0	0	0	
23	Hembra 21	90	0	0	0	0	
24	Hembra 22	102	0	0	0	0	
25	Hembra 23	73	0	0	0	0	
26	Hembra 24	99	0	0	0	0	
27	Hembra 25	63	0	0	0	0	
28							
29							
30							
31							

**Figura 2.** Plantilla para definir apareamientos. El procedimiento a seguir es: (a) Identificar a los machos a aparear en la primera fila de cada columna; (b) Indicar debajo el número de hembras que va a cubrir cada macho; (c) Listar debajo las hembras que cubrirá cada macho. En el ejemplo se utilizan 3 machos reproductores (los machos número 5, 1, 60) que cubren respectivamente a 25 hembras (las número 40, 43,....., 63), 10 hembras (las número 44, 42,....., 83) y 15 hembras (las número 32, 28,....., 15). (Template to define matings. The steps are: (a) Identify the males to be used in the 1st row of each column, (b) Indicate below, for each male, the number of females that will be mated, (c) List below, for each male, cows which will be mated. In the example, 3 males are used (males no. 5, 1, 60) with 25 females (no. 40, 43,....., 63), 10 females (no. 44, 42,....., 83) and 15 females (no. 32, 28,....., 15), respectively).

## ALFONSO

dad (coeficiente de consanguinidad) (**figura 1**). Dado que se simula el peso al año, los animales jóvenes que aparecen en cada generación y se han dado de baja no disponen de registro de peso.

### ELECCIÓN DE LOS FUTUROS REPRODUCTORES Y TOMA DE DECISIONES DE APAREAMIENTO

De los animales presentes en el rebaño en cada generación, se deben escoger los machos (toros o terneros) y hembras (vacas o terneras) que se quieran utilizar como futuros reproductores. Una vez escogidos, se debe introducir la información a través del menú [Aparear].

Primero, se recuerdan las reglas del manejo reproductivo del rebaño, que son usar un mínimo de 2 machos (máximo 5) y un máximo de 25 hembras por macho (con un total de 50 hembras reproductoras por generación). Luego, se debe proceder a definir los apareamientos en la hoja de cálculo que a tal efecto se abrirá (**figura 2**). En ella se debe trabajar de la siguiente forma: (a) Identificar a los machos a aparear en la primera fila de cada columna; (b) Indicar debajo el número de hembras que va a cubrir cada macho; (c) Listar debajo las hembras que cubrirá cada macho.

Tras guardar los apareamientos diseñados (siempre manteniendo el formato CSV) se puede pasar a simular la siguiente generación. Por si hay algún error en el diseño de los apareamientos en ese momento se controla: 1) que se haya usado un mínimo de 2 machos, 2) que se haya apareado un total de 50 hembras por macho, 3) que no se hayan apareado más de 25 hembras por macho, 4) que los animales realmente existan y no estén dados de baja, 5) que no se haya confundido algún macho con alguna hembra y viceversa, 6) que se intente aparear dos veces una misma hembra, 7) que se intente aparear dos lotes de hembras con un mismo macho. El programa emite el correspondiente aviso si ocurre alguno de los errores anteriores para poder volver al fichero de apareamientos y hacer la oportuna corrección.

### SIMULACIÓN DE LAS GENERACIONES

Usando los apareamientos indicados en [Aparear] se creará la próxima generación de animales mediante la opción [Simular]. Para ello se debe de haber salvado y cerrado la hoja de cálculo de apareamientos.

Una vez creada la nueva generación de animales se deberá trabajar del mismo modo

	A	B	C	D
1	MACHO	HEMBRA	COEF. PARENTESCO	
2	1	56	0,25	
3	1	57	0,25	
4	1	59	0,25	
5	1	61	0,25	
6	1	63	0,25	
7	1	64	0,25	
8	1	66	0,25	
9	1	68	0,25	
10	1	119	0,125	
11	1	122	0,125	
12	1	136	0,25	
13	1	137	0,25	
14	1	139	0,25	
15	1	142	0,125	
16	1	143	0,125	
17	1	145	0,125	
18	1	146	0,25	
19	1	147	0,125	
20	1	152	0,125	
21	1	153	0,125	
22	1	154	0,125	
23	1	155	0,125	
24	2	69	0,25	
25	3	72	0,25	
26	3	73	0,25	
27	3	76	0,25	
28	3	79	0,25	
29	3	80	0,25	
30	3	81	0,25	
31	3	82	0,25	

**Figura 3.** Ejemplo de consulta de relaciones de parentesco entre toros y vacas [Consulta\_fxy]. En este ejemplo, el macho 1 está emparentado con 22 hembras, mientras que el 2 sólo con una hembra, la número 69 con la que tiene un coeficiente de parentesco de 0,25. (Example query of relationships among bulls and cows [View\_fxy]. Example: male 1 is related to 22 females, while male 2 with only one female, no. 69, with a coancestry coefficient of 0.25).

## HERRAMIENTA DE ESTUDIO DE LA SELECCIÓN ANIMAL

que con la población inicial, es decir, escogiendo los futuros reproductores y decidiendo cómo aparearlos. La única diferencia es que en esa y sucesivas generaciones se podrá tener en cuenta: 1) la consanguinidad de los animales al escogerlos como futuros reproductores; 2) el parentesco entre animales al decidir cómo aparearlos.

El coeficiente de consanguinidad aparece en la última columna de los ficheros de

consulta accesibles en [Resultados\_VG] (figura 1). El parentesco se puede consultar (a partir de la primera generación) en [Consulta\_fxy] con funcionamiento análogo a la consulta de datos productivos y predicción del valor genético, abriendo una hoja de cálculo. En este caso la información que se obtiene es, para cada uno de los machos en activo, la relación de hembras en activo con él emparentadas, y su coeficien-

RESUMEN RESULTADOS											
	Generaciones										
	G0	G1	G2	G3	G4	G5	G6	G7	G8	G9	G10
Tamaño efectivo de población=	18.2	7.7	7.7	11.3	7.7	7.7	7.7	7.7	14.8		
Nº animales alta: Toros=	5	2	2	3	2	2	2	2	4		
Vacas=	47	48	48	46	48	49	45	48	46		
Terneros=	28	24	21	27	33	23	25	26	21		
Terneras=	19	24	27	20	15	25	21	23	26		
Nº animales de baja=	6	4	4	7	4	3	9	3	7		
Media fenotípica=	481.7	487.9	494.2	491.4	494.0	502.8	496.7	502.4	501.0		
Media valor genético verdadero=	4.6	7.9	14.7	16.0	16.0	18.2	17.3	18.7	21.3		
Consanguinidad media=	0.00	0.01	0.02	0.10	0.09	0.09	0.09	0.16	0.20		
Fertilidad media rebaño (%)=	85.00	84.84	84.63	83.45	83.69	83.67	83.61	82.60	82.0		
Frecuencia alélica 1=	0.076	0.162	0.230	0.306	0.338	0.294	0.304	0.328	0.293		
Frecuencia alélica 2=	0.071	0.034	0.034	0.005	0.005	0.005	0.005	0.000	0.000		
Frecuencia alélica 3=	0.062	0.059	0.069	0.049	0.044	0.049	0.044	0.015	0.005		
Frecuencia alélica 4=	0.024	0.020	0.025	0.019	0.010	0.005	0.010	0.010	0.010		
Frecuencia alélica 5=	0.371	0.407	0.358	0.340	0.319	0.358	0.358	0.333	0.202		

**Figura 4.** Ejemplo de la salida «Resumen de resultados» para ocho generaciones simuladas. El tamaño efectivo de población corresponde al valor teórico (sobrestimado) calculado según se indica en el texto. Las medias del peso al sacrificio, valor genético verdadero y consanguinidad corresponden a los descendientes obtenidos en cada generación, es decir, no incluyen los animales utilizados como reproductores. La fertilidad media en una generación se deduce indirectamente a partir de la consanguinidad media estimada en esa generación. Las frecuencias alélicas se calculan por conteo simple en todos los animales presentes en cada generación en el rebaño, reproductores y descendientes. (Example of summary results of eight generations simulated. The effective population size correspond to theoretical value (overestimated) computes as indicated in the text. The average slaughter weight, true breeding value, and inbreeding, are from progeny obtained at each generation (parents are not considered). The average fertility is computed using the average inbreeding of the respective generation. The allele frequencies are computed by simple counting for all the animals of the population at each generation (parents and progeny)).

## ALFONSO

te de parentesco (no aparecen listadas las hembras no emparentadas) (**figura 3**). Los valores que aparecen corresponden al coeficiente de parentesco de Malécot.

El programa está pensado para poder trabajar con él en varias sesiones de modo que si se cierra se guarde la información generada hasta el momento, y que sólo se borre esa información cuando decidamos crear otro rebaño. Por eso, puede ser útil consultar cual fue la última generación que simulamos para retomar el trabajo; se puede hacer en cualquier momento en [*Inicio[Situación actual]*], apareciendo un mensaje que informa de la última generación simulada. También se puede deducir la última generación simulada si se consulta la evolución de las características de la población en [*Evolución*]. Cabe indicar que se puede repetir una determinada generación volviendo a simularla, en cuyo caso todas las generaciones posteriores que ya se hubieran simulado también se borrarían.

#### EVALUACIÓN DE LOS CAMBIOS PRODUCIDOS EN LA POBLACIÓN

Mediante la consulta [*Evolución*] se puede consultar el Resumen de las generaciones simuladas de la población, y por lo tanto evaluar las consecuencias de las decisiones de apareamiento que se hayan ido tomado hasta el momento (**figura 4**).

Concretamente se puede ver cómo evolucionan, en función de cómo se hayan realizado los apareamientos: 1) el tamaño efectivo de la población; 2) el número de animales según grupo y estado; 3) la media del peso al sacrificio; 4) la media del valor genético verdadero; 5) la consanguinidad media de la población; 6) la fertilidad media del rebaño; y 7) la frecuencia de los *alelos singulares* de la población.

#### PARÁMETROS DE SIMULACIÓN

Los valores utilizados para los distintos parámetros de la simulación se pueden consultar en [*Sobre\_MiPob [Valores simulación]*] (**figura 5**). Esos valores se pueden

modificar abriendo el archivo de texto *param.txt* aunque sólo tiene sentido hacerlo antes de crear una nueva población, y nunca en medio de alguna generación (los resultados serían totalmente incoherentes). Si se modifican hay que salir y volver a entrar en el programa para hacer efectivos los cambios.

#### CONCLUSIONES

El programa *MiPob* permite entender el interés, las limitaciones y las consecuencias de seleccionar una población animal de censo reducido como estrategia de mejora genética. Se basa en la simulación de un proceso de selección a lo largo de varias generaciones partiendo de la idea de que es más fácil aprender haciendo, que viendo, o escuchando. El estudiante se ve obligado a tomar sus propias decisiones en su propio rebaño, motivándose para querer saber que puede ocurrir ante distintas decisiones. Por ello, es una herramienta académica útil para introducir conceptos como la deriva genética, la consanguinidad, el parentesco entre animales, la depresión consanguínea de las producciones, el valor genético de los animales, la precisión en la predicción de esos valores genéticos, los apareamientos dirigidos y la respuesta genética a la selección. No obstante, hay que tener en cuenta que es solo una herramienta de aprendizaje, y como tal debería utilizarse para alimentar el debate y la discusión entre alumnos y profesores, nunca sustituirlo ni mermarlo. Utilizarlo sin más, podría conducir a confundir ciertos conceptos, no sólo de los procesos de selección, sino también de su papel en los programas de mejora y en la producción animal en general.

El programa ha sido utilizado durante dos cursos consecutivos en la docencia de una asignatura introductoria a la Mejora genética animal en la Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos de la Universidad Pública de Navarra (España). La acogida por parte de los estudiantes ha sido

## HERRAMIENTA DE ESTUDIO DE LA SELECCIÓN ANIMAL

positiva, y sus comentarios han permitido corregir errores y mejorar su funcionamiento. Se puede descargar, gratuitamente y sin ningún tipo de limitación de uso, en la siguiente dirección: <http://www.unavarra.es/rmga/mipob>. No requiere instalación ni importantes recursos informáticos, de modo que se puede utilizar guardándolo en cual-

quier carpeta de cualquier soporte físico de memoria. Incluye un Manual de uso en el que someramente se explica tanto el funcionamiento como los fundamentos teóricos del programa. Aunque está expresamente desarrollado para estudiantes hispanohablantes por la ausencia de material específico en su lengua materna, también hay

* VALORES USADOS POR EL PROGRAMA *	
Media inicial del carácter =	480
Heredabilidad =	0.350
Desviación típica fenotípica =	25.003
% de bajas por generación =	5.00
% de fertilidad inicial =	85.00
Efecto depresor de la consanguinidad sobre la fertilidad (por cada 10% incremento F) =	0.15
Frecuencia inicial alelos singulares =	
Alelo 1=	0.050
Alelo 2=	0.050
Alelo 3=	0.050
Alelo 4=	0.050
Alelo 5=	0.500
Salir	

**Figura 5.** Consulta de los valores de los parámetros utilizados en la simulación [Sobre\_MiPob [Valores simulación]]. Se pueden modificar según se indica en el texto. (Query of parameter values used for simulation [About\_MiPob[Simulation values]]. They can be modified as indicated in the text).

ALFONSO

disponible una versión del programa en inglés. Pese a que el programa se distribuye tal cual, se prevé su actualización y correc-

ción de posibles errores como respuesta al envío de sugerencias y comentarios al autor de esta contribución.

BIBLIOGRAFÍA

- Altarriba, J.; Moreno, C. and Varona, L. 2010. Population and quantitative genetics (PQgen): A software program for teaching on animal breeding. 9<sup>th</sup> World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany. pp. 1-97.
- Buchanan, D.S.; Burdit, L.G. and Willham, R.L. 1988. COWGAME: A beef cattle selection simulation program. *J Hered*, 79: 215.
- Carlson, J.P. 1985. Overcoming animal breeding teaching problems. *NACTA Journal* 29: 71-73.
- DeRouen, S.M.; Moss, J.W. and Franke, D.E. 1989. Using a computer simulation program for animal breeding instruction. *NACTA Journal* 33: 72-74.
- FAO. 2013. In vivo conservation of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. No. 14. Rome. 242 pp.
- Heidhues, T. and Henderson, C.R. 1961. Teaching selection principles with herd records generated by an electronic computer. *J Anim Sci*, 20: 659-664.
- Kinghorn, B.P. 1992. GENUP - a suite of programs to help teach animal breeding theory. Proc. 10<sup>th</sup> Australian Association of Animal Breeding and Genetics 10: 555-559.
- Medrano, J.F., Ahmadi, A. and Casellas, J. 2010. Dairy Cattle Breeding Simulation Program: A simulation program to teach animal breeding principles and practices. *J Dairy Sci*, 93: 2816-2826.
- Sorensen, D.A. and Kennedy, B.W. 1984. Estimation of response to selection using least-squares and mixed model methodology. *J Anim Sci*, 58: 1097-1106.
- Van Vleck, L.D., Pollak, E.J. and Oltenacu, E.A.B. 1987. Genetics for the animal sciences. W.H. Freeman and Company. New York. 391 pp.
- Willham, R. L. 1968. New goals in undergraduate teaching of genetics. *J Anim Sci*, 27: 888-892.