



unl

Universidad  
Nacional  
de Loja

# GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL



Mauro Iván Guevara Palacios  
Jorky Roosevelt Armijos Tituana

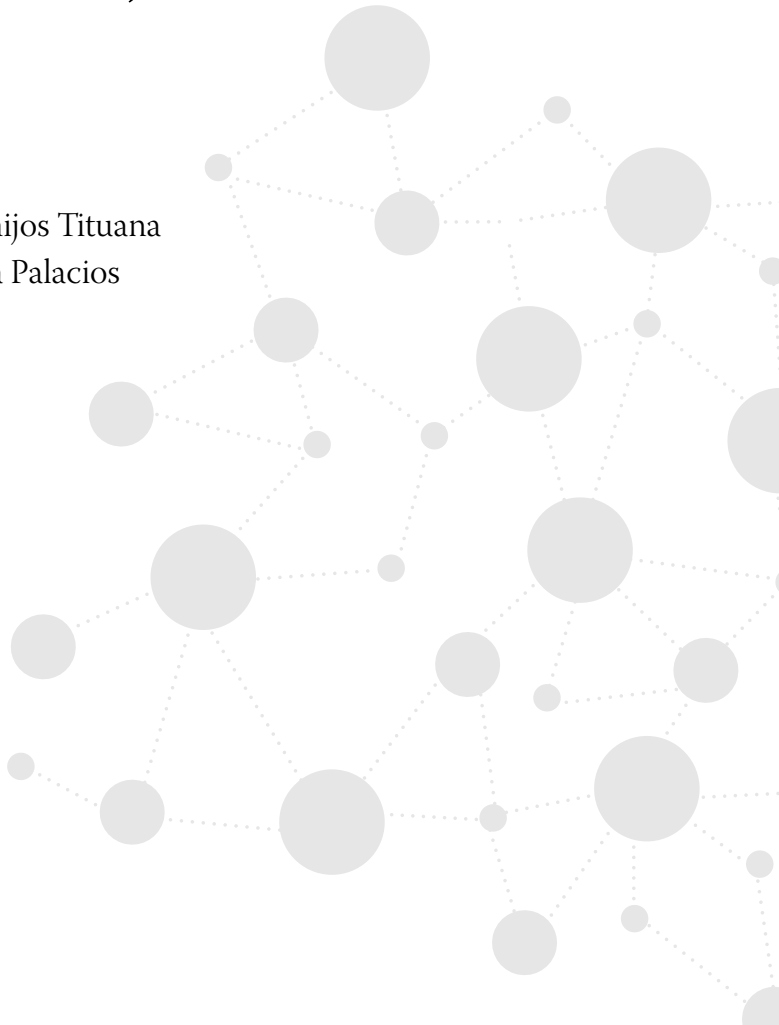


# GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL

**Autores:**

Jorky Roosevelt Armijos Tituana

Mauro Iván Guevara Palacios





**unl**

Universidad  
Nacional  
de Loja

Ph. D. Nikolay Aguirre

**Rector**

Ph. D. Elvia Zhapa

**Vicerrectora Académica**

Ph. D. Max Encalada

**Director de Investigación**

## **GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL**

### **Autores:**

Jorky Roosevelt Armijos Tituana

Mauro Iván Guevara Palacios

### **Revisión par académico:**

Diana Carolina Jumbo Flores

George Adalberto García Mera

### **Editorial Universitaria:**

Contacto : [comision.editorial@unl.edu.ec](mailto:comision.editorial@unl.edu.ec)

**ISBN físico** - 978-9978-355-96-1

**ISB digital** - 978-9978-355-97-8

### **Diseño e impresión:**

**EDILOJA Cía. Ltda.**

Telefax: 593-7-2611418

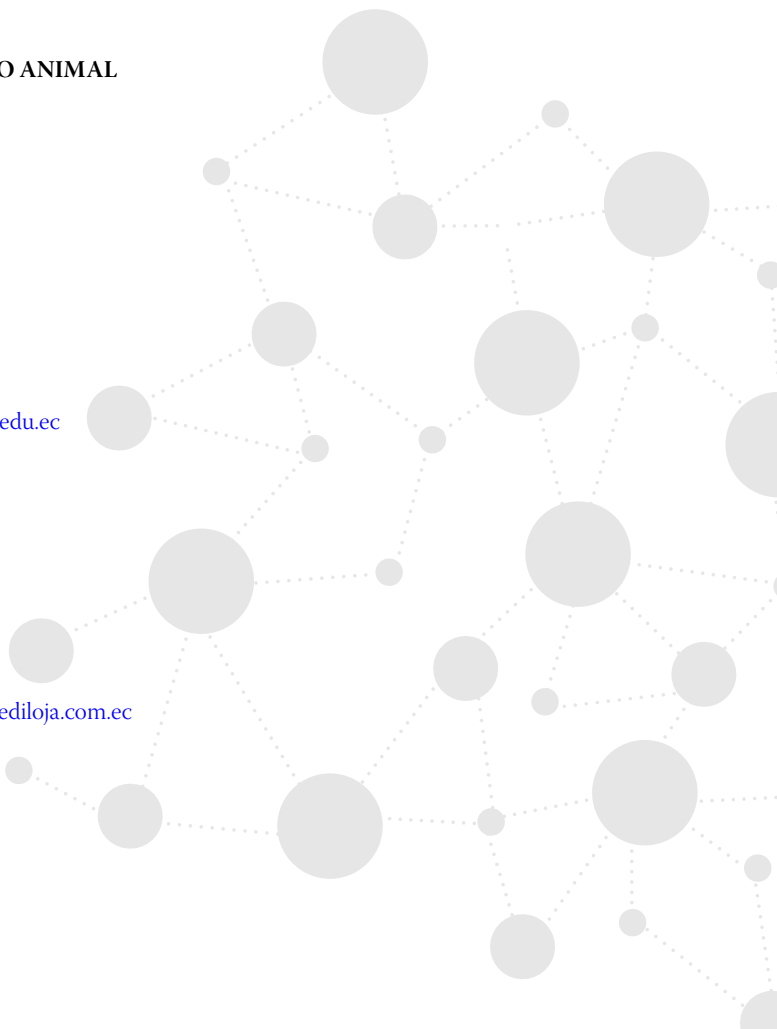
San Cayetano Alto s/n

[www.ediloja.com.ec](http://www.ediloja.com.ec) • [edilojainfo@ediloja.com.ec](mailto:edilojainfo@ediloja.com.ec)

Loja-Ecuador

Diciembre, 2023

Loja, Ecuador



# Índice

<b>ÍNDICE</b> .....	<b>5</b>
<b>PREFACIO</b> .....	<b>11</b>
<b>ACRÓNIMOS</b> .....	<b>12</b>
<b>INTRODUCCIÓN</b> .....	<b>13</b>
<b>CAPÍTULO 1.</b> .....	<b>15</b>
1. Genética Mendeliana.....	15
1.1. Número de Cromosomas por Especie .....	15
2. Citogenética.....	16
2.1. Células Somáticas.....	16
2.2. Células Sexuales.....	16
2.3. Cromosomas.....	17
2.4. Clasificación de los Cromosomas .....	17
2.4.1. Cromosomas Somáticos o Autosomas .....	17
2.4.2. Cromosomas Sexuales .....	17
2.5. Partes del Cromosoma .....	17
2.5.1. Formas .....	17
2.6. Modificación del Tamaño .....	18
2.7. Pérdida y Delación .....	18
2.8. Posición génica en los Cromosomas .....	19
2.8.1. Inversiones .....	19
2.8.2. Translocaciones.....	20
2.9. Modificación del Número de Cromosomas.....	20
2.9.1. Tipos de modificaciones.....	20
3. Gen y Código Genético.....	21
3.1. Gen.....	21
3.2. Código Genético .....	22
4. Leyes de Mendel.....	22
4.1. La Uniformidad de los Híbridos de la Primera Generación .....	22
4.1.1. El Experimento de Mendel.....	23
4.2. Caracteres y Características .....	23
4.2.1. Caracteres.....	23
4.2.2. Características.....	23

4.3.	Principio de la Segregación.....	24
4.4.	Transmisión Independiente de Caracteres.....	24
4.4.1.	El Experimento de Mendel.....	25
4.5.	Cruce de Prueba .....	25
4.6.	Cruce Retrogrado.....	26
5.	Herencia Monohíbrida.....	26
5.1.	Genes Codominantes .....	27
5.1.1.	Genes letales.....	27
5.1.2.	Genes subletales.....	28
5.1.3.	Alelos Múltiples.....	28
6.	Herencia di Híbrida.....	29
6.1.	Método Ramificado.....	31
6.1.1.	Ramificación para el fenotipo.....	32
7.	Probabilidades.....	35
7.1.	Probabilidad Independiente.....	36
7.2.	Probabilidad Mutuamente Excluyente.....	36
7.3.	Probabilidad Total.....	36
8.	Genealogía.....	38
9.	Interacción Génica.....	40
9.1.	Formas de Interacción.....	40
9.1.1.	Epistasis .....	40
9.1.2.	Epistáticos.....	40
9.1.3.	Hipostáticos .....	40
9.2.	Clases de Interacción Génica.....	41
9.2.1.	Interacción de Genes Dominantes.....	41
9.2.2.	Interacción de Genes Recesivos.....	41
9.2.3.	La Interacción de Genes Duplicados de Efecto Acumulativo .....	41
9.2.4.	Genes Dominantes y Duplicados.....	42
9.2.5.	Genes Recesivos y Duplicados.....	42
9.2.6.	Genes Dominantes y Recesivos Duplicados.....	42
9.2.7.	Genes Modificadores .....	43
10.	Genes Ligados, Limitados o Influenciados por el Sexo.....	44
10.1.	Herencia Ligada al Sexo.....	44
10.2.	Herencia de Genes Limitados al Sexo .....	45
10.3.	Herencia de Genes Influenciados por el Sexo.....	45

11.	Ligamiento y Entrecruzamiento .....	47
11.1.	Límite del Entrecruzamiento .....	49
12.	Mapa Cromosómico .....	49
<b>CAPÍTULO 2. ....</b>		<b>53</b>
13.	La Genética de Poblaciones.....	53
13.1.	Frecuencia Genotípica .....	53
13.1.1.	Frecuencia de Genes.....	53
13.1.2.	Frecuencia Fenotípica .....	53
13.2.	Cambios en la Frecuencia Génicas.....	55
13.2.1.	Procesos Dispersivos .....	55
13.2.2.	Migración .....	55
13.3.	Constitución Genética de la Población.....	57
13.4.	Hardy - Weinberg.....	58
13.4.1.	Características y Condiciones:.....	58
13.5.	Cálculo de Frecuencias para Genes Dominantes.....	60
13.6.	Cálculo de Frecuencias para Genes Codominantes.....	60
13.7.	Cálculo de Frecuencias para Alelos Múltiples.....	61
<b>CAPÍTULO 3. ....</b>		<b>65</b>
14.	Mejoramiento Animal.....	65
14.1.	Características .....	65
14.1.1.	Características Cualitativas .....	65
14.1.2.	Características Cuantitativas .....	65
14.2.	Modelo Mendeliano.....	65
14.3.	Parámetros Genéticos .....	66
14.3.1.	Repetibilidad.....	67
14.3.2.	Estimación de la Repetibilidad por Regresión...	68
14.3.3.	Cálculo de la Repetibilidad por Correlación.....	69
14.4.	Heredabilidad ( $h^2$ ).....	71
14.4.1.	Registros para Calcular la Heredabilidad.....	71
14.4.2.	Cálculo de la Heredabilidad por Regresión.....	71
14.4.3.	Cálculo de la heredabilidad por correlación. ....	73
14.4.4.	Cálculo de la Heredabilidad por Componentes de Varianza.....	75

14.5.	Correlaciones Genéticas.....	77
14.5.1.	Correlación Fenotípica .....	77
14.5.2.	Correlación Genética .....	77
14.5.3.	Correlación Ambiental.....	77
14.5.4.	Cálculo de Correlaciones.....	78
15.	Consanguinidad.....	78
15.1.	Coefficiente de Consanguinidad.....	79
16.	Parentesco .....	82
16.1.	Parentesco Directo y Colateral.....	82
16.2.	Cálculo del Parentesco .....	82
16.3.	Consanguinidad de la Población .....	83
16.3.1.	Prepotencia .....	83
17.	Sistemas de Apareamiento.....	84
17.1.	Exocria.....	84
17.2.	Tipos de Cruces .....	84
17.2.1.	Cruce Abierto.....	85
17.2.1.1.	Genética del Cruce Abierto.....	85
17.2.2.	Cruzamiento entre Razas.....	85
17.2.3.	Cruce en Secuencia.....	86
18.	Sistemas de Cruzamientos.....	86
18.1.	Cruce entre Dos Razas .....	86
18.1.1.	Retrocruce .....	87
18.1.2.	Cruzamiento Absorbente (encaste).....	87
18.1.3.	Cruce de Tres Razas.....	88
18.1.4.	Cruce Secuencial.....	88
19.	Heterosis .....	88
19.1.	Cálculo de la Heterosis.....	89
20.	Selección.....	90
20.1.	Selección Individual .....	90
20.2.	Selección por Genealogía.....	91
20.3.	Selección Unicarcáter .....	91
20.4.	Selección Multicarcáter .....	92
20.4.1.	Tándem.....	92
20.4.2.	Niveles Independientes de Descarte (NID) .....	96
20.4.3.	Índices de Selección (INDEX) .....	97
20.4.3.1.	Cálculo del Index.....	98



21.	Progreso Genético.....	101
21.1.	Intensidad de Selección .....	101
21.2.	Intervalo de Generación (IG) .....	105
22.	Pruebas de Progenie .....	106
22.1.	Modelos Bayesianos para Proyectar el Valor Genético.	106
23.	Mejoramiento de Ganado Lechero .....	108
23.1.	Etapas de un Programa de Mejoramiento Genético .....	108
23.2.	Parámetros para Modelos de Estudio Lechero .....	108
23.3.	Selección de Hembras .....	108
23.3.1.	La Más Probable Habilidad de Producción (MPHP) .....	108
23.3.2.	Valor Genético de la Hembra (VGH) .....	109
24.	Mejoramiento Ganado de Carne.....	111
24.1.	Objetivos de Mejoramiento .....	111
24.2.	Principales Rasgos a Mejorar .....	111
24.3.	Características de Importancia Económica .....	112
24.3.1.	Fertilidad .....	112
24.3.2.	Habilidad Materna.....	112
24.3.3.	Crecimiento Post Destete .....	112
25.	Mejoramiento de Ganado Porcino .....	116
25.1.	Heredabilidad de Características Reproductivas y Productivas .....	116
25.2.	Correlación Genética.....	117
25.3.	Número de Caracteres a Seleccionar .....	117
25.3.1.	Requisito de los Caracteres .....	117
25.4.	Índices de Productividad de la marrana .....	118
25.4.1.	Índice Línea Maternal .....	118
25.4.2.	Índice Línea Terminal .....	118
25.4.3.	Selección MARRANAS para Reemplazo de la Granja.....	118
26.	Mejoramiento en Ganado Ovino .....	119
26.1.	Definición de los Objetivos de Selección .....	119
26.1.1.	Objetivos General.....	119
26.1.2.	Objetivos Específicos.....	119
26.2.	Elección de los Criterios de Selección .....	119
26.3.	Evaluación Visual .....	119

26.4. Prueba de Rendimiento.....	119
26.5. Estructura Genética .....	120
26.5.1. Núcleo Abierto .....	120
26.6. Tamaño Efectivo(Ne).....	120
26.7. Principales Cruzamientos .....	120
<b>BIBLIOGRAFÍA .....</b>	<b>121</b>

# Prefacio

El libro brinda un aporte para los alumnos que cursan la asignatura de Genética y Mejoramiento Animal a quienes le será útil. Podrán adquirir conocimientos que normalmente les resulta abstractos en la valoración genética, iniciando con las bases y finalizando en la especialización de la mejora animal.

En el desarrollo del texto se ha incorporado los conocimientos necesarios procedentes de otras disciplinas y, posteriormente, se introducen conceptos actuales aplicados a la práctica profesional.

# Acrónimos

ADN	Nombre químico de la molécula que contiene información genética
Alelo	Cada una de las dos probabilidades del gen
AA	Alelos dominantes
aa	Alelos recesivos
Aa	Alelo dominante y recesivo
( $\Delta q$ )	Incremento de la frecuencia $q$
(1 - m)	Población nativa
Po	Frecuencia inicial
m	Proporción de migrantes
$h^2$	Heredabilidad restringida
H	Heredabilidad en el sentido amplio
b	Coefficiente de regresión
rp	Coefficiente de correlación
r	Repetibilidad
Fx	Coefficiente de consanguinidad del individuo (x)
VG	Valor genético
VP	Valor productivo
DG	Incremento genético
DS	Diferencial de selección
i	Intensidad de selección
DT	Intervalo generacional
F <sub>1</sub>	Filial uno
F <sub>2</sub>	Filial dos
F <sub>0</sub>	Filial cero
MPHP	Más probable habilidad productora
VGH	Valor genético de la hembra

# Introducción

El mejoramiento genético tiene importancia en la producción animal, cuando tenemos variación genética, es por ello que el principio del mejoramiento se basa en el cambio genético de una población, orientado hacia una dirección y buscando objetivos específicos, que pueden ser i) incrementar de la productividad para lograr mayor rentabilidad, ii) optimizar las características que permitan una mejor calidad de vida de los animales iii) lograr la conservación de la biodiversidad.

Este proceso no resulta fácil, debido a que la mayoría de caracteres de interés económico, como la producción de leche y porcentaje de grasa, son variables cuantitativas basadas en la gran cantidad de genes que determinan su manifestación, así como los factores ambientales que influyen sobre dichos caracteres. Es preciso determinar conceptos y herramientas que permitan relacionar y complementar los conocimientos de genética con la bioestadística y con el uso de programas de mejoramiento genético.

El objetivo de este libro es brindar una guía del mejoramiento genético en animales domésticos, dirigido a estudiantes de Medicina Veterinaria, Zootecnia, Biología, carreras afines y profesionales, mediante conocimientos básicos del mejoramiento genético para un sistema de manejo productivo animal.



## CAPÍTULO 1.

### 1. Genética Mendeliana

Mendel experimentó con híbridos vegetales, polinizaciones naturales e inducidas, también estudió la filial uno (F1) y filial dos (F2). Los principios de Mendel postulan: a) Caracteres genéticos están controlados por factores que se encuentran a pares en cada organismo. b) Cuando dos factores distintos son responsables de un carácter que se encuentran en un individuo, uno de los factores domina sobre el otro y este se denomina recesivo. C) En los gametos, los factores emparejados se separan o segregan al azar de tal manera que cada gameto recibe uno u otro con igual probabilidad. d) En la formación de gametos, los pares de factores que segregan se transmiten independientemente uno de otro. Por medio de los procesos de mutación, un gen puede cambiar en dos o más formas alternativas, llamadas alelomorfos o alelos. Cuando la ciencia de la genética estuvo en su primera etapa, se consideró que el gen se comportaba como partícula independiente (Puertas, 2001).

#### 1.1. Número de Cromosomas por Especie

Tabla 1. Numero de cromosomas según la especie

<b>Animales</b>	<b>No. Cromosomas</b>	<b>Animales</b>	<b>No. Cromosomas</b>
Humanos	46	Gato	38
Bovinos	60	Pavo	82
Equinos	64	Pato	80
Gallina	77	Hámster	44
Gallo	78	Gorila	48
Cobayo	64	Perro	78
Cerdo	38	Conejo	44
Ovino	54	Rata	42
Asno	62	Zángano	16
Cabra	60	Gusano de seda	56
Abeja	32	Drosophila	8

## 2. Citogenética

La citogenética tiene importancia con el descubrimiento de la mecánica de la mitosis y la meiosis. La citogenética es una ciencia híbrida que intenta correlacionar las estructuras celulares, especialmente los cromosomas, con los fenómenos genéticos, mediante el estudio del ADN y proteínas, que son aquellos que contienen la mayor parte de la información genética de la célula (Stansfield, 1999).

### 2.1. Células Somáticas

Las células somáticas contienen un par de cromosomas heredados de los progenitores, tanto del paterno como del materno. Tienen estructura (2n) porque el (1n) procede de la hembra y el otro (1n) del macho. El número de cromosomas es diploide (2n). Están en todas las células del organismo, excepto en las gónadas, para la segregación de los cromosomas de los progenitores a los descendientes.

### 2.2. Células Sexuales

Las células sexuales son gametos que contienen la mitad del número de cromosomas de las células somáticas, se llaman células Haploides (n).

Las células sexuales presentes en los gametos de animales (ovulo y espermatozoide) y en plantas (polen y saco embrionario).

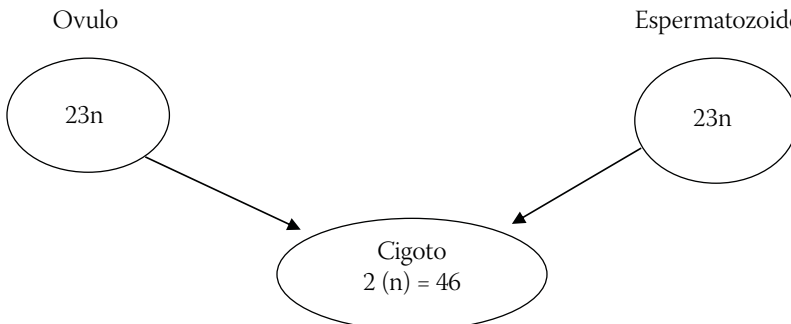


Figura 1. La unión de los gametos masculino y femenino, mediante la fecundación o fertilización restablece el número diploide de la célula o Cigoto: Fuente: Klug et al. (2006).



## 2.3. Cromosomas

Los cromosomas son estructuras necesarias para procesos como: la replicación y la segregación.

## 2.4. Clasificación de los Cromosomas

Los cromosomas se clasifican en somáticos y sexuales.

### 2.4.1. Cromosomas Somáticos o Autosomas

Son todos los cromosomas de las células excluyendo los cromosomas sexuales o células sexuales, son diploides ( $2n$ ).

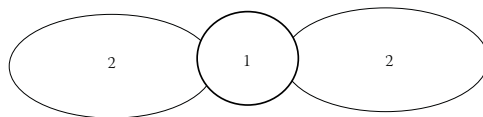
### 2.4.2. Cromosomas Sexuales

Son aquellos que dan lugar al sexo y la variación de un par de cromosomas morfológicamente distintos X e Y (heteromórficas). Los cromosomas Y determinan el sexo, las hembras tienen 2 cromosomas X morfológicamente idénticos. Son haploides ( $n$ ).

## 2.5. Partes del Cromosoma

Centrómero (1)

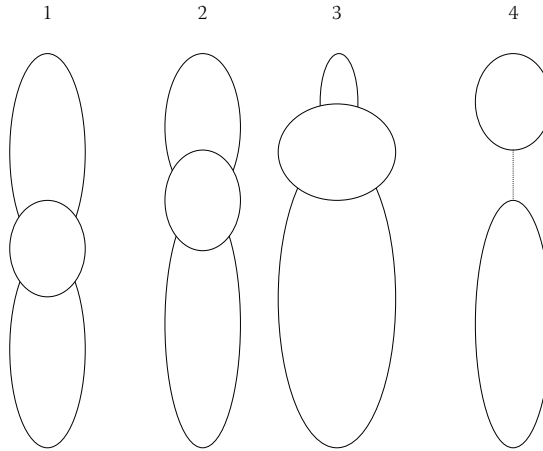
Cronómeras (2)



### 2.5.1. Formas

Depende del tamaño de las cronómeras y de la posición del centrómero

1. Metacéntricos. - centrómero en el centro
2. Submetacéntricos. - centrómeros en un lado
3. Telocéntricos. - centrómero muy al extremo
4. Asteroideos. - Centrómero fuera de las cronómeras



## 2.6. Modificación del Tamaño

Los cromosomas pueden presentar una longitud de 100 a 150 veces más que los normales, debido a que se han adherido varias cromátidas tomando el nombre de **politénico**.

## 2.7. Pérdida y Delación

La pérdida o delación consiste cuando un cromosoma pierde una parte del cromosoma, esta puede ser terminal cuando ocurre en la parte final o intercalar cuando la delación se presenta en el centro del cromosoma. Cuando la pérdida o delación es significativa, puede modificar el fenotipo, se puede derivar de un alelo dominante o recesivo.

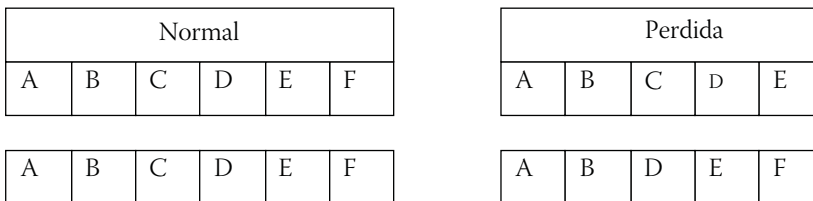
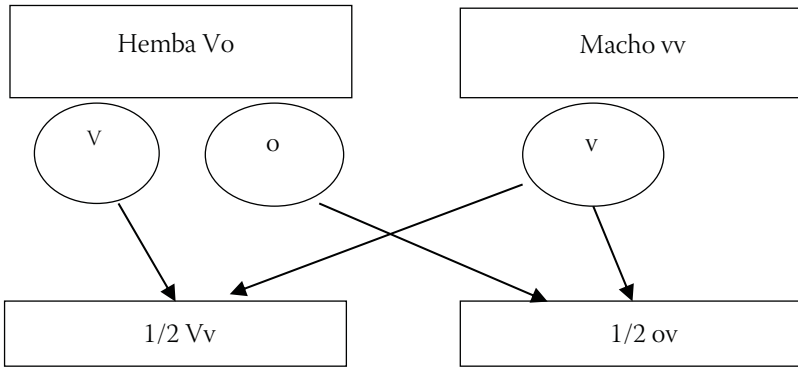


Figura 2. La pérdida de un gen a partir de un cromosoma normal en la parte central y terminal

**Ejercicio 1.** El apareamiento en ratas entre una hembra normal (V) portadora del alelo danzarín(o) con un macho homocigótico recesivo(vv)



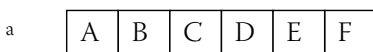
Resultado:  $\frac{1}{2}$  Normales (Vv) y  $\frac{1}{2}$  Danzarines (ov)

## 2.8. Posición génica en los Cromosomas

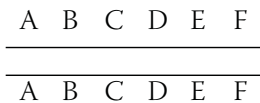
La posición de los genes en los cromosomas comprende dos cambios con respecto a su ubicación.

### 2.8.1. Inversiones

Las inversiones se originan del orden normal de los segmentos entre los cromosomas, después se rompen las regiones, posteriormente se ordenan, así una inversión heterocigótica tiene un cromosoma invertido y su homólogo en el orden normal.



#### Cromosomas Hómologos



#### Cromosomas Metacéntricos

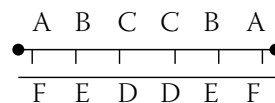


Figura 3. Los genes del segmento invertido se originan en un cromosoma normal

## 2.8.2. Translocaciones

Los cromosomas sufren rupturas espontaneas, una translocación reciproca implica intercambio se segmentos, estos cambios de posición de los genes se puede presentar en los cromosomas homólogos o no homólogos.

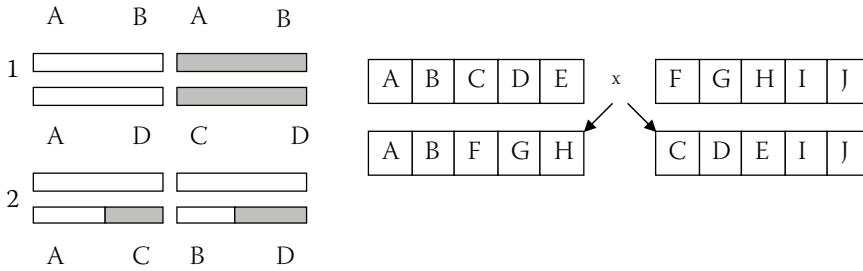


Figura 4. Translocación entre los cromosomas 1 y 2

## 2.9. Modificación del Número de Cromosomas

Las especies tienen un número característico de cromosomas, la mayor parte de los organismos superiores son diploides, con dos juegos de cromosomas homólogos, uno del padre y el otro de la madre. El número de cromosomas se determina mediante el proceso de cariograma, luego el cariotipo, mediante el análisis de las células nerviosas o sangre, también en células germinativas y en cualquier tejido ADN. El cariotipo es la fórmula genética del porcentaje de individuos Ej. 46XX corresponde a una hembra normal y 46XY corresponde a un macho. El cariotipo es un conjunto de cromosomas, se refiere también a una imagen de los cromosomas de un individuo, es utilizado para indagar estructuras o números de cromosomas anormales (Stansfield, 1999).

### 2.9.1. Tipos de modificaciones

- a. **Euploidia.** – Son monoploides con un juego único de cromosomas, triploides se derivan de la unión de un gameto monoploide ( $n$ ) con un diploide ( $2n$ ). Modificaciones del número en  $\pm n$ . ( $n$  = número impar de cromosomas de cada uno de las especies)
- b. **Aneuploidía.** – El término aneuploidía se aplica a las variaciones solo de una parte de los cromosomas y el sufijo sómico es una parte de su nomenclatura. Se pueden presentar variaciones de los cromosomas,

los cuales no implican juegos completos. Modificación del número de cromosomas en  $\pm 1$

( $2n + 1$ ) Trisomía y ( $2n - 1$ ) Monosomía

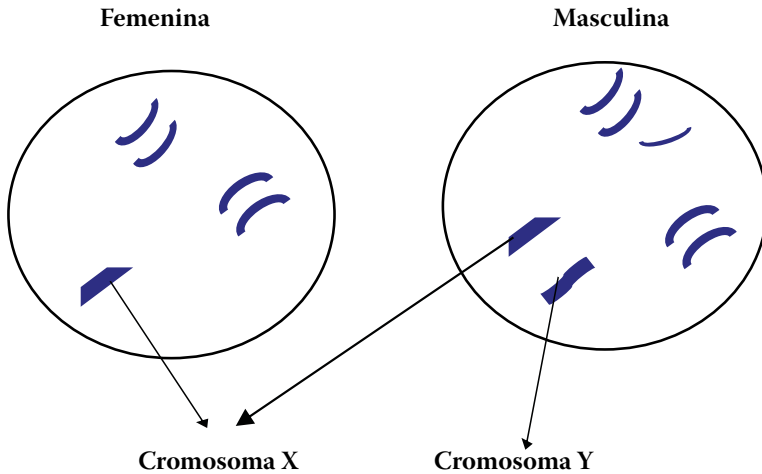


Figura 5. Muestra el complemento cromosómico de la mosca del mediterráneo, *Drosophila Melanogaster* ( $2n=8$ ) con tres pares autosómicos (2,3, 4) y un par de cromosomas sexuales. Fuente: Stansfield (1999).

### 3. Gen y Código Genético

El gen biológicamente es la unidad hereditaria, mientras que el código genético es la evidencia de una herencia evolutiva.

#### 3.1. Gen

Unidad hereditaria que controla cada carácter en los seres vivos. A nivel molecular corresponde a una sección de ADN, que contiene información para la síntesis de una cadena proteínica. El gen puede ser tan pequeño con pocos cientos de pares de bases o muy largo como miles. Los genes están dispuestos en los cromosomas, uno a continuación de otro.

### **3.2. Código Genético**

El código genético está formado codones que corresponden a un conjunto de tres bases nitrogenadas del ARNm, que codifican a los aminoácidos durante la síntesis de proteínas. La combinación de 3 bases nitrogenadas de las 4 que forman el ARNm, dan lugar a la existencia de 64 codones diferentes, para 20 aminoácidos.

Los 60 codones restantes, agrupan 19 aminoácidos, como consecuencia el código genético es degenerado, debido a que la mayoría de los aminoácidos están codificados por más de un codón. En los seres vivos es universal porque lo comparten, esto evidencia una herencia evolutiva común (Hohenlohe, 1985).

## **4. Leyes de Mendel**

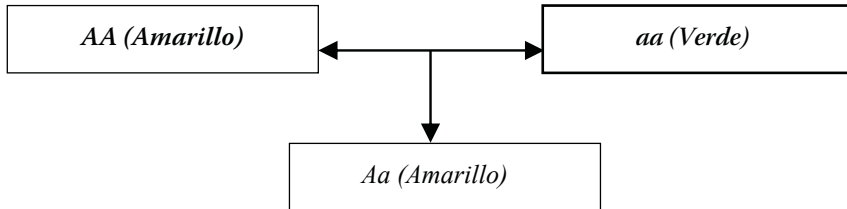
Mendel presentó principios genéticos básicos, uno de ellos es conocido como el Principio de la Segregación, encontró en cada progenitor que una sola forma alélica del gen es transmitida a la progenie a través de un gameto. Por ejemplo: una planta que tenía el factor o gen para semillas redondas y también para semillas rugosas, transmitiría solo uno de estos dos alelos a sus descendientes a través de un gameto. En la actualidad sabemos que la base física para este principio es en el primer anafase de la división meiótica, en la cual los cromosomas homólogos se segregan o se separan entre sí. Si el gen para semillas redondas se encuentra en un cromosoma y su forma alélica para semilla rugosa en el cromosoma homólogo, es evidente que los cromosomas normalmente no están en el mismo gameto (Stansfield, 1999).

### **4.1. La Uniformidad de los Híbridos de la Primera Generación**

El enunciado de la ley determina que cuando se cruzan dos homocigotos puros para un determinado carácter, tenemos como resultado un híbrido de la primera generación, conocido como filial uno (F1).

### 4.1.1. El Experimento de Mendel

Mendel llegó a la conclusión trabajando con una variedad pura de plantas de guisantes que producían las semillas amarillas y con otra de semillas verdes, al cruzar entre estas plantas, obtenía siempre plantas con semillas amarillas.



Además, determina que la segregación de un par de genes ocurre independientemente de otro cromosoma no homólogo. En un par de cromosomas homólogos están los alelos para la forma de la semilla y en otro par se encuentran los alelos para el color verde o amarilla de la semilla, que se comportan como una unidad independiente.

## 4.2. Caracteres y Características

Es importante diferenciar entre caracteres y características o rasgos

### 4.2.1. Caracteres

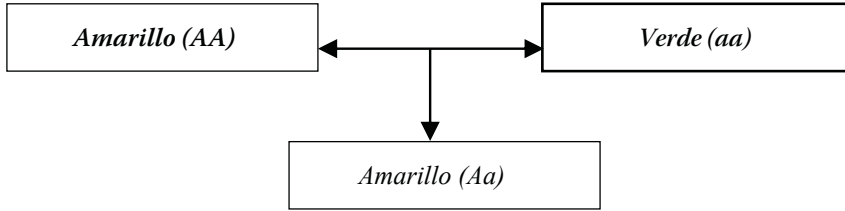
Son rasgos que identifica a cada uno de los individuos de una especie.

### 4.2.2. Características

Es el grado de expresión del carácter.

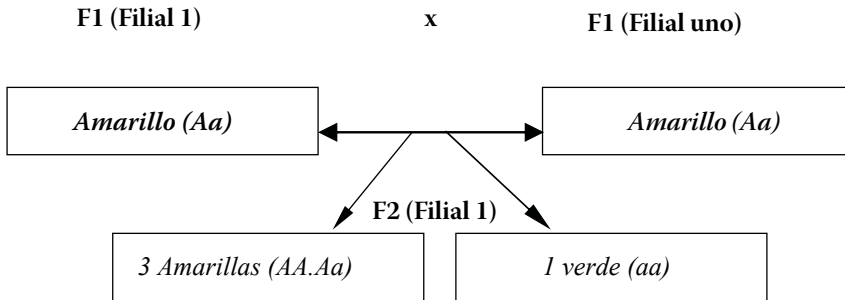
Especie	Carácter	Característica
Humanos	Color del pelo	Claro, Oscuro, Castaño, Blanco
Conejo	Tamaño de las orejas	Largas, pequeñas
Oveja	Diámetro lana	Fina o gruesa

Cruce de guisantes Amarillos (AA) con Verdes(aa), homocigóticos puros para el color.



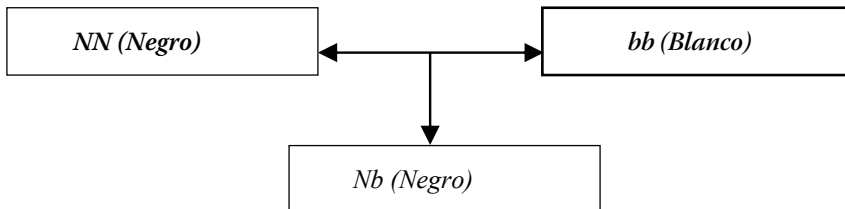
### 4.3. Principio de la Segregación

El principio de la segregación es importante porque se refiere a la separación o disyunción de los alelos, establece que cada uno de los alelos se segregan en una proporción 1:1; en el cruce entre heterocigóticos de dos semillas de color amarillo portadoras del alelo verde.



### 4.4. Transmisión Independiente de Caracteres

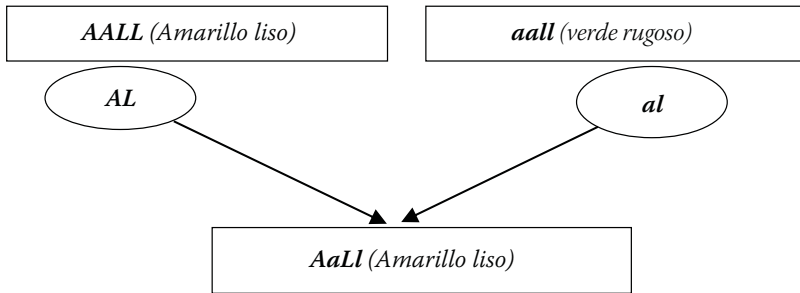
La transmisión independiente de caracteres se efectúa en la herencia independiente, su enunciado manifiesta que dos rasgos diferentes cada uno de ellos se transmiten independientemente. Cruce entre un homocigótico para el color negro (NN) y para el color blanco (bb).





### 4.4.1. El Experimento de Mendel.

En este experimento, Mendel cruzó plantas de guisantes de semilla amarilla y lisa con plantas de semilla verde y rugosa; homocigóticas para los dos caracteres. Las semillas obtenidas en este cruzamiento todas fueron amarillas y lisas, cumpliéndose así la primera ley para cada uno de los caracteres estimados, después identifico que los alelos dominantes son los que determinan el color amarillo y la forma lisa y que constituyen la F1 son dihíbridas (AaBb).

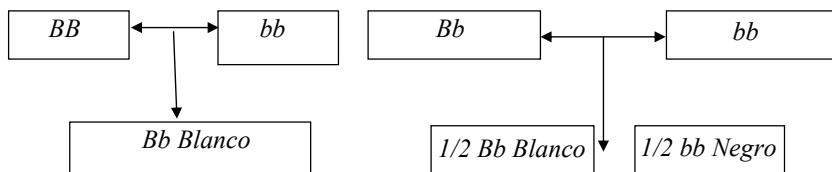


**Ejemplo 1.** En ovinos el color de la lana blanca es dominante, mientras que la lana negra es recesiva. Determinar la proporción y relación fenotípica y genotípica en un cruce entre heterocigóticos.

Cruce	Proporción y Relación	Características
$Bb \times Bb$	Proporción Genotípica	$\frac{1}{4} BB$ $\frac{1}{2} Bb$ $\frac{1}{4} bb$
	Relación Genotípica	1            2            1
	Proporción Fenotípica	$\frac{3}{4}$ blanco $\frac{1}{4}$ negro
	Relación Fenotípica	3 blancos    1 negro

### 4.5. Cruce de Prueba

El cruce de prueba se presenta en los individuos en las cuales tenemos duda, para determinar si es homocigótico o heterocigótico. BB= Blanco, bb= negro

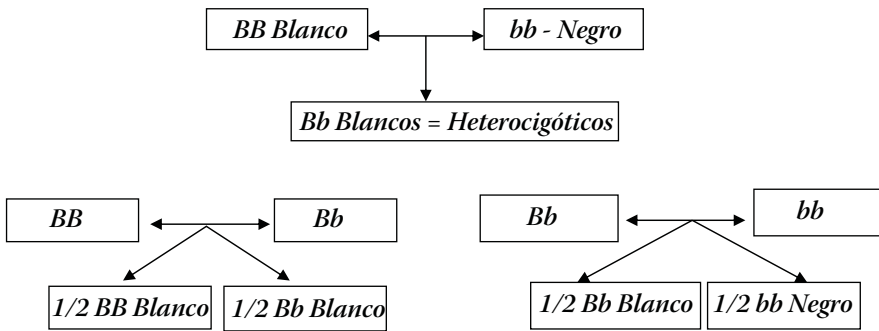


### 4.6. Cruce Retrogrado

El cruce retrógrado se realiza entre los individuos de la primera generación ( $F_1$ ), con uno de los progenitores.

**Ejemplo 1.** En la quinta experimental Punzara en el programa Ovino de aparean un carnero de pelaje blanco con una oveja de capa negra, los dos ejemplares son homocigóticos para el color.

Con los siguientes alelos: BB= blanco y bb = negro



### 5. Herencia Monohíbrida

En la herencia mono híbrida intervienen un par de genes con seis posibilidades de cruces:

Tabla 2. Probabilidades de cruces en la herencia mono híbrida.

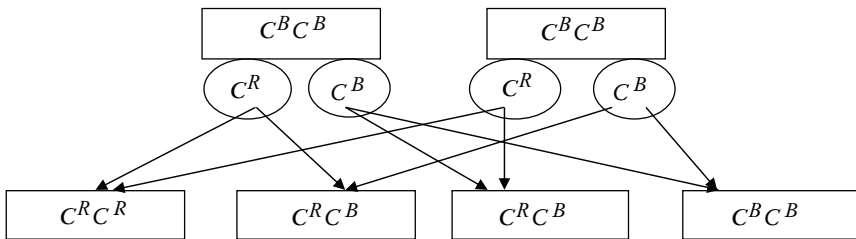
No	Cruces	Genotipos	Fenotipos
1	$AA \times AA$	AA	Negros
2	$AA \times Aa$	$\frac{1}{2}AA$ $\frac{1}{2}Aa$	Negros
3	$AA \times aa$	Aa	Negros
4	$Aa \times Aa$	$\frac{1}{4}AA$ $\frac{1}{2}Aa$ $\frac{1}{4}aa$	$\frac{1}{4}$ Negros, $\frac{1}{2}$ Negros, $\frac{1}{4}$ Blancos

No	Cruces	Genotipos	Fenotipos
5	Aaxaa	$\frac{1}{2}Aa$ $\frac{1}{2}aa$	$\frac{1}{2}$ Negros $\frac{1}{2}$ Blancos
6	aaxaa	aa	Blancos

### 5.1. Genes Codominantes

Se presenta en genes, cuando un alelo impide la expresión del otro, dando lugar al heterocigótico con una característica intermedia o herencia de dominancia incompleta.

**Ejemplo 2.** En Bovinos Shorthorn, el color rojo ( $C^R C^R$ ), color roano ( $C^R C^B$ ) y el blanco  $C^B C^B$  presentan codominancia en el color del pelaje, cuando dos roanos se aparean entre sí. ¿Qué proporciones genotípicas y fenotípicas se esperan en su descendencia?



<b>Relaciones y Proporciones</b>			
Proporción Genotípica	$\frac{1}{4} C^R C^R$	$\frac{1}{2} C^R C^B$	$\frac{1}{4} C^B C^B$
Relación Genotípica	1	2	1
Proporción Fenotípica	$\frac{1}{4}$ Rojo	$\frac{1}{2}$ ruano	$\frac{1}{4}$ blanco
Relación Fenotípica	1 rojo	2 ruanos	1 blanco

#### 5.1.1. Genes letales

Los genes letales se presentan en mutaciones a partir de los normales, letal dominante no sobrevive, si son letal recesivos mueren si se presentan en forma homocigótica y los heterocigóticos son portadores.

### 5.1.2. Genes subletales

La presencia de genes subletales, inducen procesos anómalos en el organismo, pero no provocan la muerte.

**Ejemplo 3.** Se aparean un gallo normal portador del alelo mortal ( $r$ ), con una gallina portadora. Realice el cruce entre los dos heterocigóticos ( $Rr \times Rr$ ). Determine proporciones y relaciones genotípicas y fenotípicas.

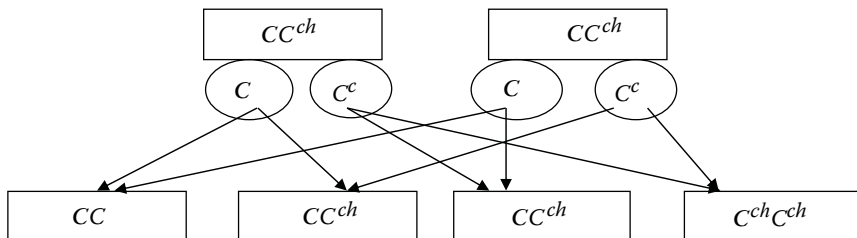
Fenotipo	Genotipo	Proporción Genotípica	Relación Genotípica	Proporción Fenotípica	Relación Fenotípica
Gallinas Normales	$RR$	$\frac{1}{4}RR$	1	$\frac{1}{3}$ gallinas normales	1
Gallinas Rastreras	$Rr$	$\frac{1}{2}Rr$	2	$\frac{2}{3}$ gallinas rastreras	3
Gallinas Mueren	$rr$	$\frac{1}{4}rr$	1	$\frac{1}{4}$ mueren	

### 5.1.3. Alelos Múltiples

Se derivan de un par de alelos originales que existe en una determinada especie.

Alelos múltiples en conejos:  $C > C^{ch} > C^h > c$ . Negro > Chinchilla > Himalayo > Blanco.

**Ejemplo 4.** Los alelos múltiples se presentan en conejos. Realizar un cruce de dos conejos negros portadores del alelo chinchilla.

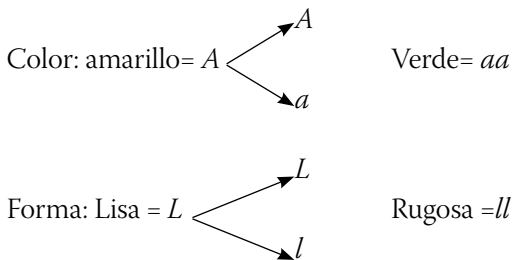


Proporción Genotípica:  $\frac{1}{4} CC, \frac{1}{2} CC^{ch}, \frac{1}{4} C^cC^c$

Proporción Fenotípica:  $\frac{3}{4}$  Negro,  $\frac{1}{4}$  Chinchilla

## 6. Herencia di Híbrida

Mendel experimenta con dos caracteres en dos pares de genes se presenta cuando un individuo dihíbrido es heterocigoto para dos loci, es decir, tiene un genotipo que contiene dos alelos distintos en cada locus. Si los loci en estudio son bialélicos (por ejemplo: A, a y B, b) el genotipo dihíbrido es AaBb. Cuando hay dominancia completa de uno de los dos alelos en alguno de los loci, en ese locus, el heterocigoto es igual al homocigoto para el alelo dominante; por tanto, en la descendencia anterior sólo existen cuatro o seis fenotipos dependiendo de que exista dominancia completa en ambos loci o sólo en uno de ellos (Stansfield,1999).



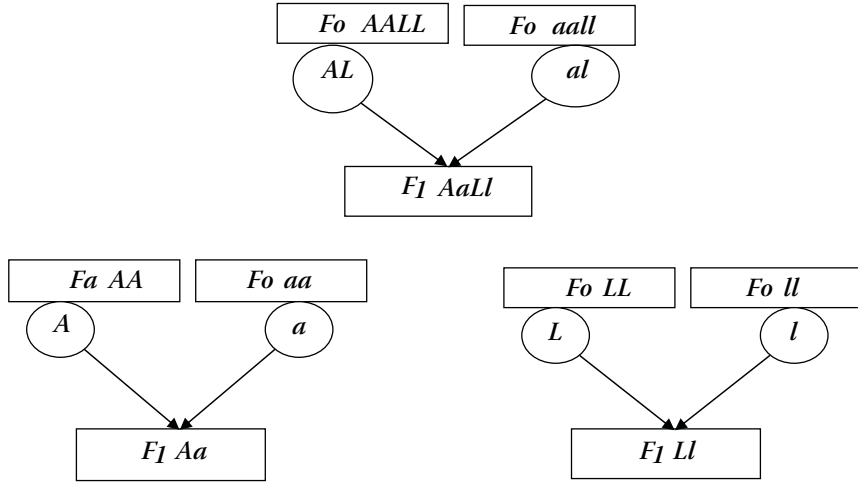
**Ejemplo 5.** Se cruzan 2 individuos con características dominantes homocigóticas con recesivos, toda la primera generación son portadores, al cruzar entre la primera generación, la segregación independiente de cada una de las características se expresa dando lugar a cuatro fenotipos diferentes en una relación 9: 3: 3: 1.

Amarillo = AA

Liso = LL

Verde = aa

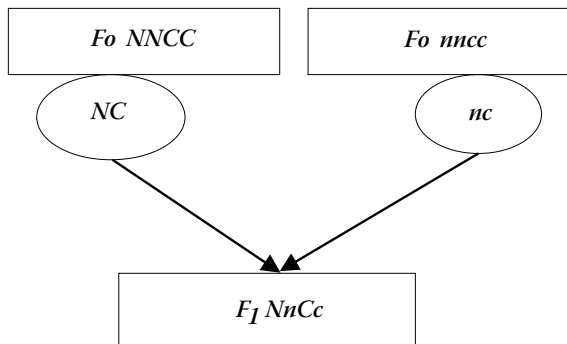
Rugoso = ll



	<i>AL</i>	<i>Al</i>	<i>aL</i>	<i>al</i>
<i>AL</i>	<i>AALL</i>	<i>AA Ll</i>	<i>Aa Ll</i>	<i>Aa Ll</i>
<i>Al</i>	<i>AA Ll</i>	<i>Aa ll</i>	<i>Aa Ll</i>	<i>Aa ll</i>
<i>aL</i>	<i>Aa LL</i>	<i>Aa Ll</i>	<i>aa LL</i>	<i>aa Ll</i>
<i>al</i>	<i>Aa Ll</i>	<i>Aa ll</i>	<i>aa Ll</i>	<i>aa ll</i>

9/16 amarillo Liso, 3/16 verde liso, 3/16 Amarillo rugoso, 1/16 Verde rugoso

**Ejemplo 6.** El color negro en los conejos es dominante y el blanco es recesivo, la longitud del pelo corto sobre el pelo largo. Efectuar la cuadrícula gamética del cruzamiento.



	<i>NC</i>	<i>Nc</i>	<i>nC</i>	<i>nc</i>
<i>NC</i>	<i>NNCC</i>	<i>NNCc</i>	<i>NnCC</i>	<i>NnCc</i>
<i>Nc</i>	<i>NNCc</i>	<i>NNcc</i>	<i>NnCc</i>	<i>Nncc</i>
<i>nC</i>	<i>NnCC</i>	<i>NnCc</i>	<i>nnCC</i>	<i>nnCc</i>
<i>Nc</i>	<i>NnCc</i>	<i>Nncc</i>	<i>nnCc</i>	<i>nncc</i>

Resumen del cruzamiento:

<i>Genotipo</i>	<i>Relación genotípica</i>	<i>Fenotipo</i>	<i>Relación genotípica</i>
<i>NNCC</i>	1	<i>Negro corto</i>	9
<i>NNCc</i>	2	<i>Negro corto</i>	
<i>NnCC</i>	2	<i>Negro corto</i>	
<i>NnCc</i>	4	<i>Negro corto</i>	3
<i>NNcc</i>	1	<i>Negro largo</i>	
<i>Nncc</i>	2	<i>Negro largo</i>	
<i>nnCC</i>	1	<i>Blanco corto</i>	3
<i>nnCc</i>	2	<i>Blanco corto</i>	
<i>Nncc</i>	1	<i>Blanco largo</i>	

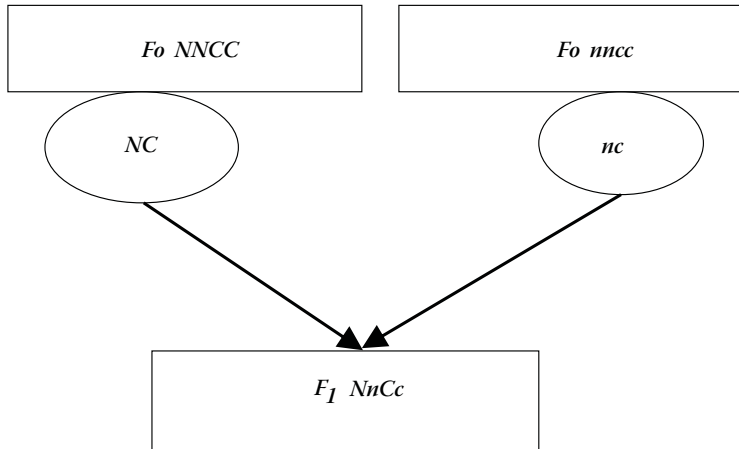
## 6.1. Método Ramificado

NN= color negro

nn=color blanco

CC= pelo corto

cc= pelo largo



	<i>CC</i>	1	<i>NNCC</i>	1	Negro corto		
<i>NN</i>	<i>Cc</i>	2	<i>NnCc</i>	2	Negro corto	→	9
	<i>cc</i>	1	<i>NNcc</i>	1	Negro largo		
<i>Nn</i>	<i>CC</i>	2	<i>NnCC</i>	2	Negro corto	→	3
	<i>Cc</i>	4	<i>NnCc</i>	4	Negro corto		
	<i>cc</i>	2	<i>nmcc</i>	2	Negro largo		
<i>nn</i>	<i>CC</i>	1	<i>nnCC</i>	1	Blanco corto	→	3
	<i>Cc</i>	2	<i>nnCc</i>	2	Blanco corto		
	<i>cc</i>	1	<i>nncc</i>	1	Blanco largo		
							1/16

¿Cuál es la probabilidad al cruzar 2 individuos heterocigotos?

Color negro pelo corto 9/16, Color negro pelo largo 3/16, Color negro pelo largo 3/16

Color negro pelo largo 3/16, Color blanco pelo corto 3/16 y Color blanco pelo largo 1/16

### 6.1.1. Ramificación para el fenotipo

¾ Color negro, ¼ color blanco, ¾ pelo corto y ¼ Pelo largo



$\frac{3}{4}$	Negro	$\frac{3}{4}$	Corto	9/16
		$\frac{1}{4}$	Largo	3/16
$\frac{1}{4}$	Blanco	$\frac{3}{4}$	Corto	3/16
		$\frac{1}{4}$	Largo	1/16

**Ejemplo 7.** La presencia de plumas en las patas en los pollos se debe a un alelo dominante  $F$  y las patas sin plumas a su alelo recesivo  $f$ , la cresta en forma de guisante se debe a otro alelo dominante  $P$  y la cresta simple a su alelo recesivo  $p$ , suponga que cruzan entre líneas puras con plumas en las patas y cresta simple, e individuos de línea pura sin plumas en las patas y con cresta en forma de guisante, solo se separa la progenie  $F_2$  con plumas en las patas y cresta simple.

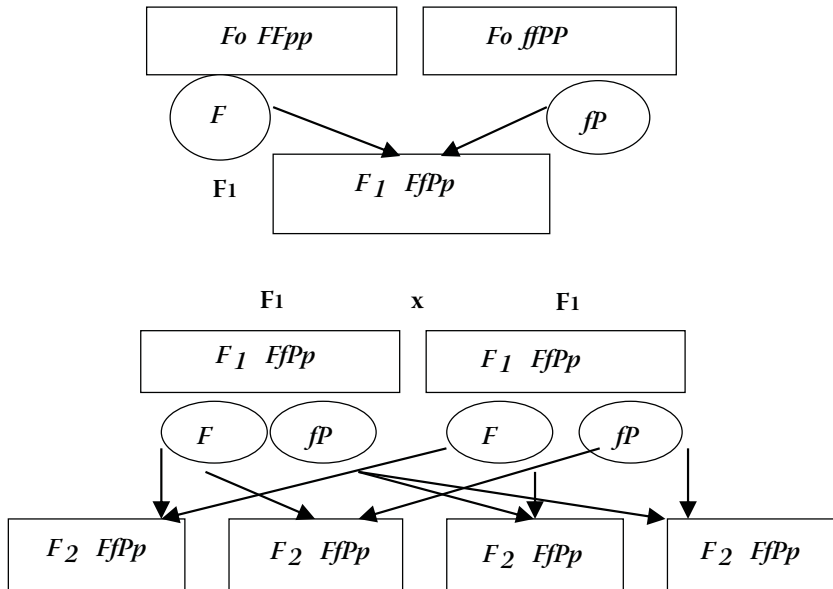
Datos

$FF$  = plumas

$ff$  = sin plumas

$PP$  = cresta guisante

$pp$  = cresta simple  $F_0 \times F_0$



	1	PP	1	FFPP	Plumas guisante		
1 FF	2	Pp	2	FFPp	Plumas guisante	9	9/16
	1	pp	1	Ffpp	Plumas simples		
2 Ff	1	PP	1	FfPP	Plumas guisante	3	3/16
	2	Pp	2	FfPp	Plumas guisante		
	1	pp	1	Ffpp	Plumas simples		
1 ff	1	PP	1	ffPP	Sin plumas guisante	3	3/16
	2	Pp	2	ffPp	Sin plumas guisante		
	1	pp	1	ffpp	Sin plumas simple	1	1/16

**Ejemplo 8.** En los ovinos Romney Marsh, un gen no totalmente dominante NN provoca que el vellón en los homocigotos sea del tipo lanudo, es decir, que contiene mechones que carecen de la cantidad normal de fibras. La lana normal es producida por el gen homocigótico N'N' pueden diferenciarse al nacer más fibras largas, onduladas denominadas pelo halo sobre el cuerpo (heterocigótico NN'), un gen homocigótico el gris mate causa la producción de fetos homocigóticos grises G<sup>L</sup>G<sup>L</sup> que mueren antes de las 15 semanas de gestación, El genotipo GG<sup>L</sup> produce vellones grises y el genotipo GG produce descendencia negra. cuáles serán las proporciones fenotípicas esperadas en las progenies viables, si los borregos grises con pelos halo se aparean, a) ¿Qué proporción de la descendencia viable pudiera portar el gen mortal, b) que proporción de la progenie viable con pelos de halo pudieran portar un gen normal, c) ¿Qué proporción de todos los cigotos pudieran esperarse que tenga el genotipo NN'G<sup>L</sup>G<sup>L</sup>?

Lanudo (NN), halo (NN'), normal (N'N'), negro GG, gris GG<sup>L</sup> y letal G<sup>L</sup>G<sup>L</sup>.

	1	NN	1	GGNN	Negro lanudo	1/12
1 GG	2	NN'	2	GGNN'	Negro halo	2/12
	1	N'N'	1	GGN'N'	Negro Normal	1/12

$2 GG^L$	1	NN	2	$GG^L NN$	<i>Gris lanudo</i>	2/12
	2	$NN'$	4	$GG^L NN'$	<i>Gris halo</i>	4/12
	1	$N'N'$	2	$GG^L N'N'$	<i>Gris normal</i>	2/12
$1 G^L G^L$	1	NN	1	$G^L G^L NN$		
	2	$NN'$	2	$G^L G^L NN'$	<i>Mueren</i>	4
	1	$N'N$	1	$G^L G^L N'N'$		

## 7. Probabilidades

La probabilidad para que ocurran ciertos eventos en genética depende de: la meiosis y el apareamiento o cruces. En la meiosis los alelos AA o aa son homocigóticos con la probabilidad de 1 o 100%, los individuos heterocigóticos con la probabilidad de producir dos gametos A o a por tanto es 50%. Las hembras tienen la probabilidad de aportar el 100% del cromosoma (X). El macho tiene la probabilidad de aportar el 50% del cromosoma (X) y 50% del cromosoma (Y). El apareamiento es la demostración de las posibilidades al cruzar diferentes alelos (Stansfield, 1999).

Tabla 3. Modelo de probabilidad con seis tipos de combinaciones.

Cruces	Gametos	Gen	Genotipo	Proporción	Fenotipo
Primer cruce	AA	A	AA	1	<i>Homocigótico Dominante</i>
		A			
		A			
Segundo cruce	aa	a	aa	1	<i>Homocigótico Recesivo</i>
		a			
		a			
Tercer cruce	Aa	Aa	AA	¼	<i>Homocigoto Dominante</i>
		Aa	Aa	½	<i>Heterocigótico</i>
		Aa	Aa	½	
		Aa	aa	¼	<i>Homocigótico Recesivo</i>

Cruces	Gametos	Gen	Genotipo	Proporción	Fenotipo
Cuarto cruce	AA	$\frac{A}{A}$	AA	$\frac{1}{2}$	Homocigótico
	Aa	$\frac{A}{A}$	Aa	$\frac{1}{2}$	Heterocigótico

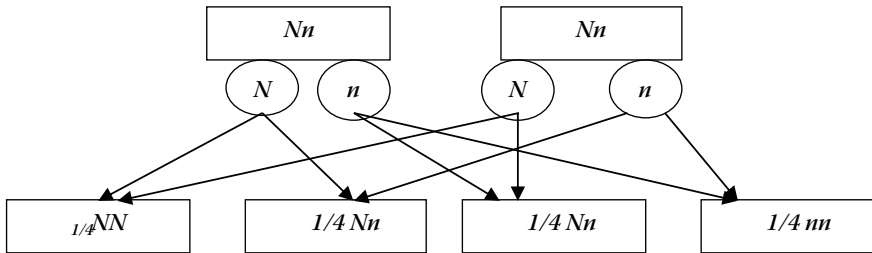
### 7.1. Probabilidad Independiente

Probabilidad independiente se presentan en eventos que no interfieren en otros, se identifica con la letra Y, por los genotipos homocigóticos AA y aa.

### 7.2. Probabilidad Mutuamente Excluyente

La probabilidad mutuamente excluyente se muestra, cuando un evento afecta al otro, en el caso de los heterocigóticos Aa.

**Ejemplo 9.** Calcular la probabilidad de dos conejos portadores tengan el hijo blanco, que en el segundo parto tenga hijos blancos, que en el tercer parto tenga hijos negros y la probabilidad de que tenga hijos blancos y negros.  $R = 1 = \frac{1}{4}$ ,  $2 = \frac{1}{16}$ ,  $3 = \frac{27}{64}$ .



NN = Negro  $\frac{1}{4}$ , Nn = Negro  $\frac{1}{2}$  y nn = blanco  $\frac{1}{4}$ .

Primer parto blanco =  $\frac{1}{4}$

Segundo parto blanco =  $\frac{1}{4} \times \frac{1}{4} = \frac{1}{16}$

Tercer parto Hijos negros =  $\frac{3}{4} \times \frac{3}{4} \times \frac{3}{4} = \frac{27}{64}$

Tercer parto hijos blancos =  $\frac{1}{4} \times \frac{1}{4} \times \frac{1}{4} = \frac{1}{64}$

### 7.3. Probabilidad Total

Para calcular esta probabilidad se estima el total de eventos a ocurrir.

1: Fórmula de la probabilidad total.

$$PT = \frac{N!}{r!s!} p^r q^s \quad (\text{Ec.1})$$

N = Total de eventos (total de crías)

r = 1 clase de eventos (1 fenotipo)

s = 2 clase de evento (otro fenotipo)

$p^r$  = Probabilidad independiente del primer evento

$q^s$  = Probabilidad independiente del segundo evento

Ej. 2) ¿Cuál es la probabilidad de una camada de 8 crías de los cuales 5 sean negros y 3 blancos?

$$PT = \frac{N!}{r!xS!} x p^r x q^s$$

$$PT = \frac{8x7x6x5x4x3x2x1}{(5x4x3x2x1)(3x2x1)} x 3/4^5 x 1/4^3$$

R = 0.207

$$PT = \frac{2240}{(120)(4)} x 3/4^5 x 1/4^3$$

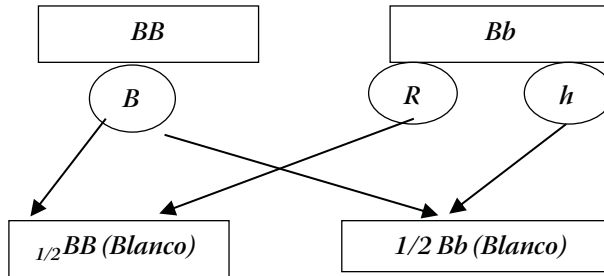
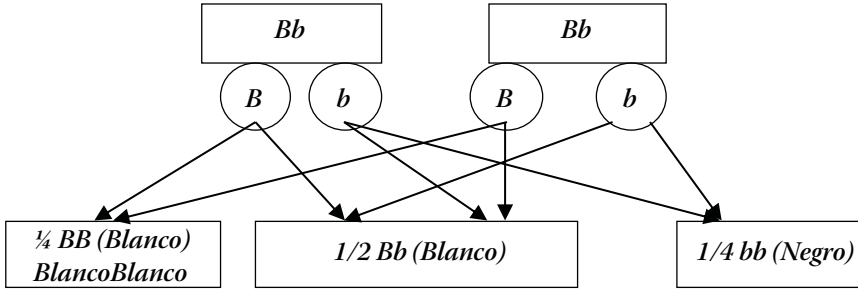
$PT = 27/64$

**Ejemplo 10.** Se cruzan cobayos de color negro portadores del alelo blanco, producen una progenie de 29 negros y 9 blancos, Determine los genotipos con animales heterocigóticos Nn x Nn, para obtener la siguiente relación de descendientes: 3 individuos negros y 1 individuo blanco. En primer lugar, dividimos los individuos con mayor frecuencia entre la menor para estimar la relación:  $29/9 = 3$

Tenemos:  $3 \times 9 = 27$  individuos negros y  $1 \times 9 = 9$  Individuos blancos.

**Ejemplo 11.** La lana negra de las ovejas se debe a un alelo recesivo (b), la lana blanca a un alelo dominante (B). Un macho blanco es cruzado con una hembra blanca, ambos son portadores para el alelo de lana negra, tienen como descendencia un cordero blanco homocigótico (Bb), que es retrocruzado con

la hembra progenitora. ¿Cuál es la probabilidad de que la descendencia sea negra?



La probabilidad de que la descendencia sea negra es 0, en la primera generación, en el retro cruce con los progenitores, produce lo siguiente:  $BB \frac{1}{2}$  de  $Bb \frac{1}{2}$ , de la probabilidad de obtener individuos blancos en la segunda generación =  $\frac{1}{4}$  de posibilidad de obtener esta clase de descendientes.

## 8. Genealogía

Es el estudio de la familia del individuo en forma ascendente y descendente. El árbol genealógico es su sinónimo, las partes de un pedigrí consta de: números romanos corresponden a la generación, números arábigos a los individuos.

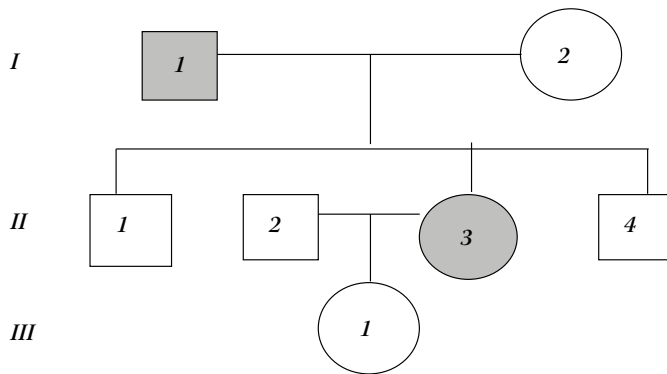
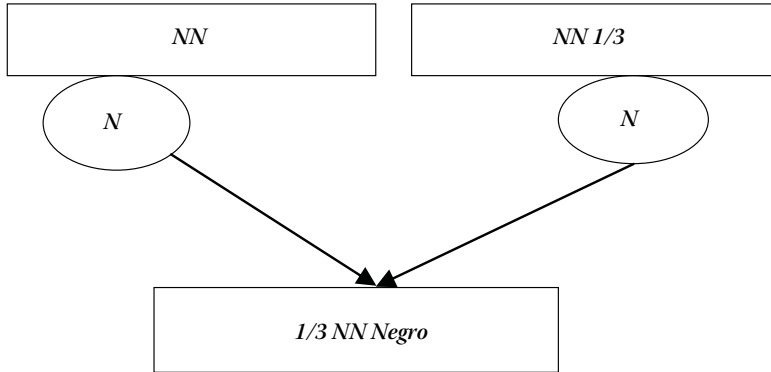
Apareamiento \_\_\_\_\_

Progenie \_\_\_\_\_ | \_\_\_\_\_

Hembra ○

Macho □

**Ejemplo 12.** En el programa de especies menores de la quinta experimental Punzara, se aparean un conejo negro portador con una coneja negra heterocigótica. Determinar la probabilidad en las tres generaciones, mediante el árbol genealógico.



No Individuos	Sexo	Genotipo	Fenotipo	Probabilidad
$I-1$	Macho	$Aa$	Negro	1
$I-2$	Hembra	$Aa$	Blanco	1
$II-1$	Macho	$Aa$	Blanco	1
$II-2$	Macho	$\frac{1}{2} AA, \frac{1}{2} Aa$	Blanco	1
$II-3$	Hembra	$Aa$	Negro	1
$II-4$	Macho	$Aa$	Blanco	1
$III-1$	Hembra	$Aa$	Blanco	1

## 9. Interacción Génica

La interacción génica se presenta en dos pares de genes. Un genotipo precede a un fenotipo

Genes – proteínas – Enzimas – Producto final + medio ambiente.

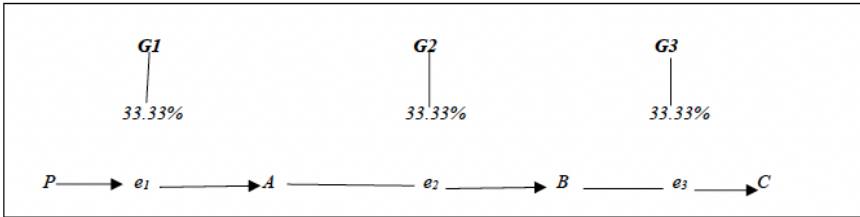


Figura 6. Interacción génica de su precursor, con los metabolitos y el producto final. Fuente: Spike (2009).

### 9.1. Formas de Interacción

Se evidencia tres formas de interacción: Epistasis, Epistáticos e Hipostáticos.

#### 9.1.1. Epistasis

Es la interacción entre dos tipos de genes para expresar un determinado fenotipo, cuando la acción de un gen es modificada por la acción de uno o varios genes.

#### 9.1.2. Epistáticos

Interaccionan fuertemente y son capaces de cubrir la característica de otro alelo.

#### 9.1.3. Hipostáticos

Son aquellos que poseen enzimas débiles y se dejan filtrar. Presentan: Interacción intra alélica (mismo locus) e Interacción Inter alélica (diferentes locus).

El fenotipo que tienen los padres y que no presentan los hijos. La forma de la cresta en aves



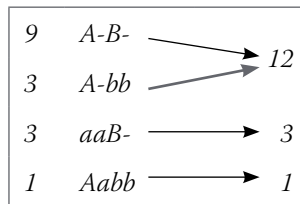
Cresta rosa      R-gg  
 Cresta guisante rrG-  
 Cresta nuez      R-G-  
 Simple            rrgg

## 9.2. Clases de Interacción Génica

La interacción génica, cambia la relación fenotípica y genotípica original, por efecto epistático.

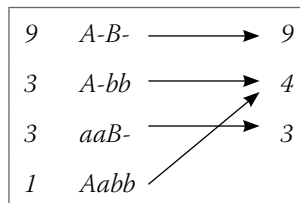
### 9.2.1. Interacción de Genes Dominantes

La presencia de un gen dominante cualquier gen que esté junto, se obtiene a una sola característica. 12: 3: 1



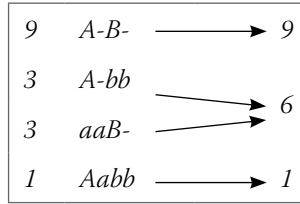
### 9.2.2. Interacción de Genes Recesivos

En un gen recesivo cualquiera que interaccione a su lado da a una sola característica. 9: 4: 3



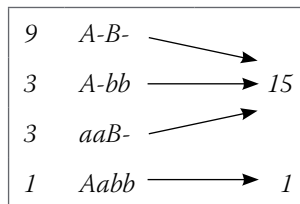
### 9.2.3. La Interacción de Genes Duplicados de Efecto Acumulativo

Se presenta en el homocigótico recesivo o los dos pares de alelos presentan una sola característica. 9: 6: 1



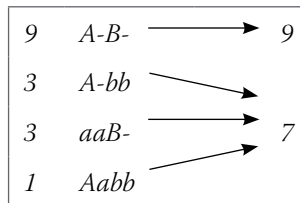
### 9.2.4. Genes Dominantes y Duplicados

Los genes dominantes dan lugar a una sola característica. 15:1



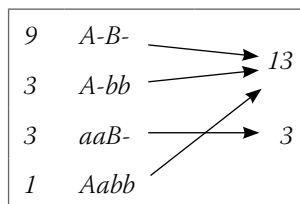
### 9.2.5. Genes Recesivos y Duplicados

La presencia de los recesivos da lugar a una sola característica. 9:7



### 9.2.6. Genes Dominantes y Recesivos Duplicados

Cuando existe la interacción un gen dominante y un recesivo da lugar a una sola característica 13: 1



**Ejemplo 13.** El apareamiento entre ratas negras de idéntico genotipo produce la siguiente descendencia: 14 color crema, 47 negras y 19 albinas. a. ¿Qué proporción epistática aproximada se espera de esta descendencia?, b. ¿Qué tipo de epistasis opera?, ¿Cuáles son los genotipos de los precursores y la descendencia?

$$14+17+47 = 80/16 = 5$$

*AaBb x AaBb*

9	<i>A-B-</i>	9	<i>Color</i>
3	<i>aaB-</i>	3	<i>Cremas</i>
3	<i>A-bb</i>	4	<i>Albinos</i>
1	<i>Aabb</i>		

$$9 \times 5 = 45 - 47$$

$$4 \times 5 = 20 - 19$$

$$3 \times 5 = 15 - 14$$

### 9.2.7. Genes Modificadores

Los genes modificadores son generales cuando modifican características cuantitativamente, con la interacción de muchos pares de genes y específicos subjetivos cambian las características cualitativas, por un par de genes.

**Ejemplo 14.** La raza Leghorn blanco de pollos de condiciones homocigóticas es portadora del gen en coloreado C y de otro inhibidor I que impide la acción de C. La raza Wayanad blanca iicc carece del gen inhibidor y también del gen determinante del color. Indique los fenotipos y las proporciones esperadas en la segunda generación de una cruce entre una polla perteneciente a la raza Leghorn blanca IICC y otro perteneciente a la raza Wayanad blanca iicc.

C- Color

I- Inhibidor

ii Blanca

*IICC - x - iicc*

*IiCc*

	1	CC	1	II CC		
<b>III</b>	2	Cc	2	II Cc		
	1	cc	1	II cc		
<b>2li</b>	1	CC	2	li CC	<b>13</b>	<b>Blanco</b>
	2	Cc	4	li Cc		
	1	cc	2	li cc		
<b>1ii</b>	1	cc	1	ii cc	<b>3</b>	<b>Color</b>
	2	Cc	2	ii Cc		
	1	CC	1	ii CC		

**Ejemplo 15.** En cuyes Gen patrón para la longitud del pelo  $l$  – largo, Gen modificador  $Po$  – Pelo corto, Gen modificador  $Po+$  pelo largo, Gen modificador para la longitud del pelo  $Im$ ,  $Po$  Pelo largo en el dorso,  $po$  Pelo largo en todo el cuerpo,  $Im$  solo pelo largo y  $im$  pelo corto y largo (remolino). Cruce un macho pelo largo en el dorso con una hembra pelo corto y largo.

## 10. Genes Ligados, Limitados o Influenciados por el Sexo

La herencia de este tipo de acción génica está determinada por el sexo.

### 10.1. Herencia Ligada al Sexo

La herencia ligada al sexo está dada por genes que están presentes en el cromosoma sexual, en la parte no homóloga también se llama herencia ligada al sexo.

**Ejemplo 16.** El gato doméstico puede ser negro o amarillo, las hembras pueden ser negras, de un patrón llamado carey o amarillo. Si estos colores son gobernados por un locus ligado al sexo, se determina los fenotipos esperados entre la descendencia.

Hembras XX

**00** Anaranjado

**0o** Carey

**oo** no anaranjado

Machos XY

**0** Anaranjado

**o** no anaranjado

## 10.2. Herencia de Genes Limitados al Sexo

La producción de leche, facilidad de parto, habilidad materna, tamaño de camada destinada solamente a hembras, es un gen limitado por el sexo, se debe a la acción hormonal, por los caracteres sexuales secundarios.

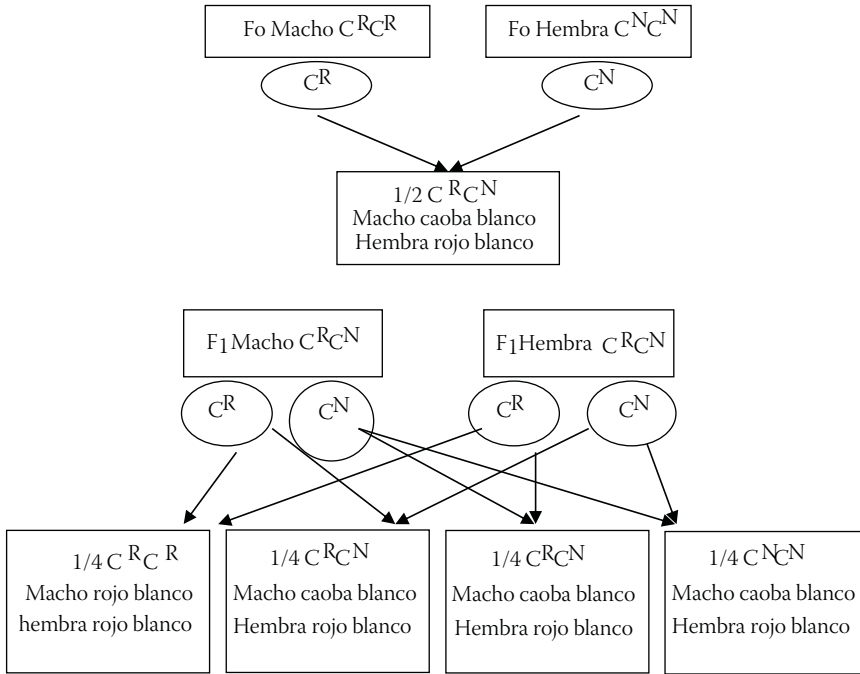
## 10.3. Herencia de Genes Influenciados por el Sexo

Es aquella que está dada por genes y por autosomas, además esta influenciada por las hormonas, está localizada en la parte homóloga del cromosoma. Los heterocigóticos funcionan como dominantes en el macho y como recesivo en la hembra.

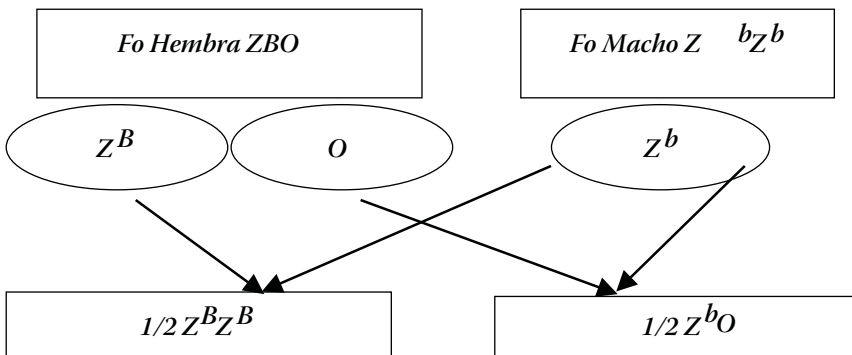
Ej.) Cuernos y pseudocuernos

Hembras	Machos
$S^n S^n$ Normal	$S^n S^n$ Normal
$S^c S^n$ Normal	$S^c S^n$ Pseudocuerno
$S^c S^c$ Pseudocuerno	$S^c S^c$ Pseudocuerno

**Ejemplo 17.** En la raza Ayshire de ganado lechero, el color caoba y el blanco depende de un gen  $C^N$  dominante en el macho y recesivo en la hembra, su alelo para el macho rojo y blanco  $C^R$  es dominante en la hembra y recesivo en el macho. Un macho rojo y blanco se cruza con una hembra caoba blanca. ¿Qué proporción fenotípica y genotípica se espera en la primera y segunda generación?



**Ejemplo 18.** La raza Plymouth Rock tiene un alelo dominante B, ligado al sexo que causa que normalmente en aves de color negro se presente una barra de color blanco. Los pollitos que recién nacen que llevan el alelo B tienen una mancha blanca en la cabeza, fácil de reconocer. Cuales padres se debería cruzar para distinguir fácilmente machos y hembras.



## 11. Ligamiento y Entrecruzamiento

Cuando dos o más genes están ligados a un mismo cromosoma y no se separan en el proceso de división celular dan lugar a la alteración del número de gametos que normalmente deberían formarse.

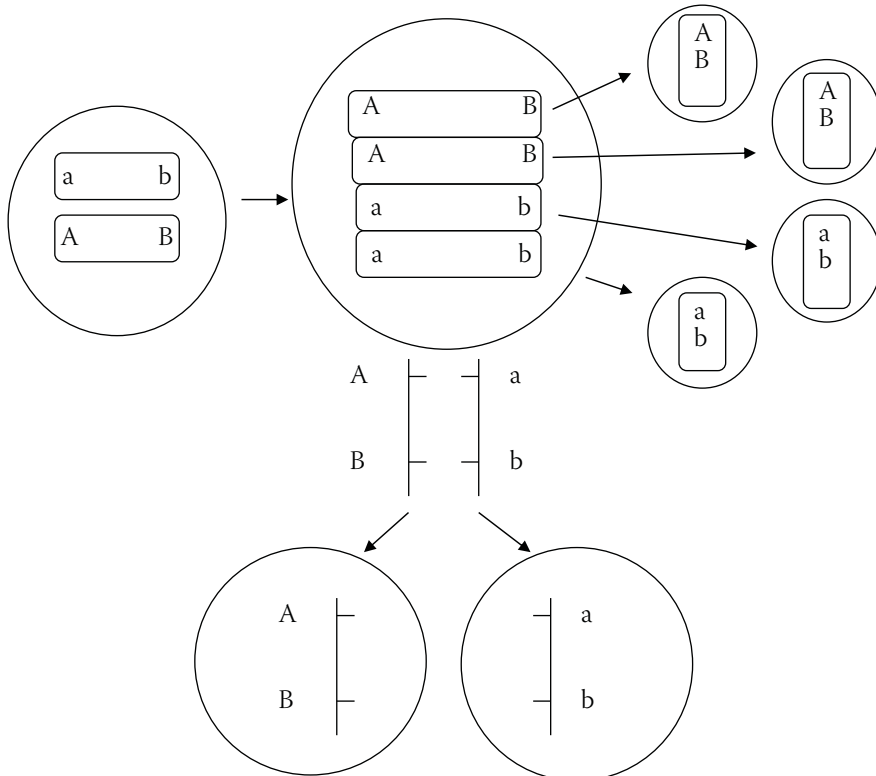
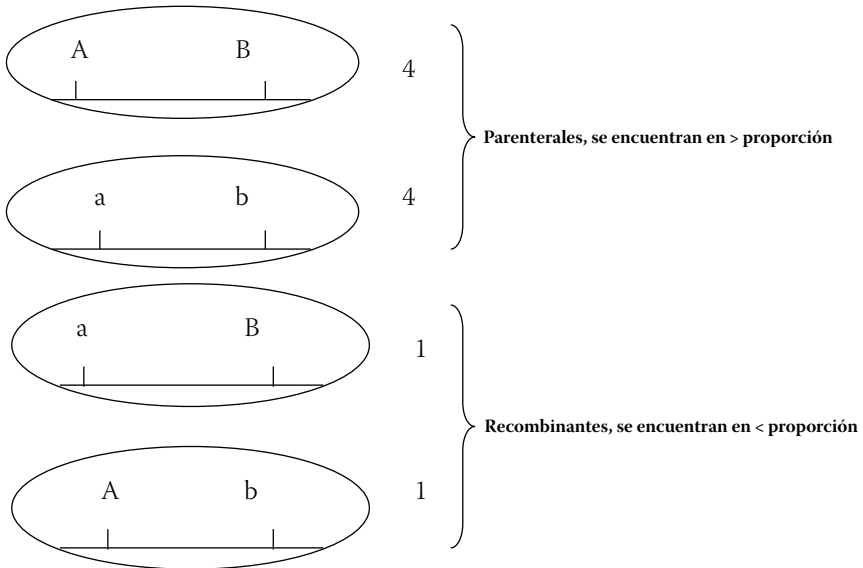
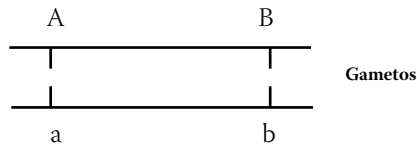
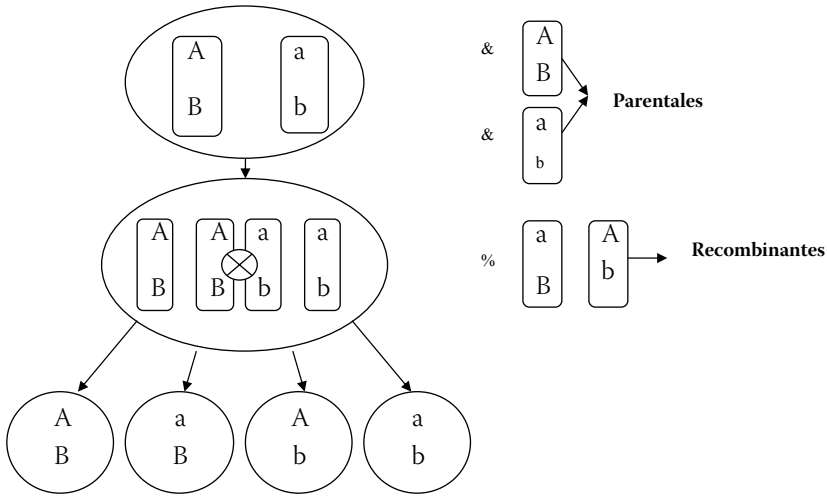


Figura 7. Muestra los genes ligados o entrelazados a un cromosoma durante la formación de gametos.

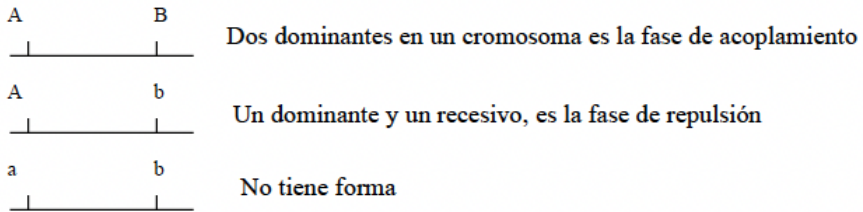
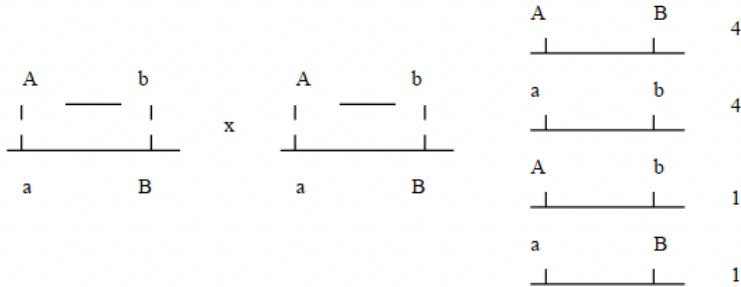
**Ejemplo 19.** Determine que los genes a más de estar ligados, también tienen la probabilidad de cruzar sus partes de los cromosomas





### 11.1. Límite del Entrecruzamiento

Es la distancia que tienen los genes dentro del cromosoma, a > distancia, existe > posibilidad de entrecruzamientos, la distancia ideal, es aquella que da lugar al 50% de parenterales y 0% de recombinantes. 1:1 = 1 par de genes, 1:1 = dos pares de genes sin entrecruzamiento, 1:1:1:1 = 2 pares de genes independientes, 4:1:1:4 = 2 pares de genes ligados y entrecruzados.



### 12. Mapa Cromosómico

Es la unidad de los genes en el cromosoma con su respectiva distancia, para calcular su distancia en el cromosoma con el porcentaje de sobrecruzamiento, se indica que cada porcentaje representa una unidad de distancia

2: Fórmula del porcentaje de sobrecruzamiento (%SC)

$$\%Sc = \frac{N^{\circ} \text{Recombinates}}{N^{\circ} \text{Total}} \quad (\text{Ec.3})$$

**Ejemplo 20.** En *Drosophila* se efectuó un cruce de prueba en hembras heterocigóticas de cuerpo ébano y ojos rosado, con resultado siguiente: 3 silvestres, 601 ojos rosados, 504 cuerpo ébano y 4 ébano. ¿Están los padres en la fase de acoplamiento o repulsión? ¿cuál es la distancia para el gen cuerpo ébano y ojo rosado?

<i>Genotipo</i>	<i>Obtenidos</i>	<i>Fenotipo</i>	<i>Fase</i>
$e^+ \dots p^+$	3	<i>Silvestre</i>	<i>Acoplamiento</i>
$e^+ \dots p$	601	<i>Ojo rosado</i>	<i>Repulsión</i>
$e \dots p^+$	504	<i>Cuerpo ébano</i>	<i>Repulsión</i>
$e \dots p$	4	<i>Ébano rosado</i>	<i>Acoplamiento</i>
1112			
%CO		$(3+4) / 1112 = 0.006$ o 0.6%	

**Ejemplo 20.** En *Drosophila* el alelo (Cu) alas curvas, (Cu<sup>+</sup>) normales, otro alelo (Sr) Cuerpo rayado (Sr<sup>+</sup>) normales silvestres, (e<sup>+</sup>) silvestre, (e) color del cuerpo ébano silvestre. Al realizar el cruce de prueba a un individuo di híbrido, se obtienen los siguientes resultados: 786 alas rectas cuerpo sin rayas rosado, 753 alas curvas Cuerpo rayado ébano, 107 alas rectas sin rayas ébano, 97 alas curvas sin rayas rosadas, 86 alas rectas cuerpo sin rayas ébano, 94 alas curvas cuerpo sin rayas rosado, 1 alas rectas cuerpo rayado ébano y 2 alas curvas cuerpo sin rayas ébano.

$Cu^+ \dots Sr^+ \dots e^+$	<i>Silvestre</i>	786	<i>1539 Parenterales</i>
$Cu \dots Sr \dots e$	<i>Curvas rayado ébano</i>	753	
$Cu \dots Sr^+ \dots e^+$	<i>Curvas</i>	97	
$Cu^+ \dots Sr^+ \dots e$	<i>Ébano</i>	86	<i>394 Recombinantes</i>
$Cu^+ \dots Sr \dots e$	<i>Rayado ébano</i>	107	
$Cu \dots Sr \dots e^+$	<i>Curvas rayado</i>	94	
$Cu^+ \dots Sr \dots e^+$	<i>Rayado</i>	1	<i>3 Recombinantes doble</i>
$Cu \dots Sr^+ \dots e$	<i>Curvas ébano</i>	2	
<i>Total</i>		1926	

$$\%SC_I = \frac{\text{Recombinantes} + \text{Doble recombinantes}}{N^\circ \text{ Total}}$$

$$\%SC_{II} = \frac{\text{Recombinantes Doble recombinantes}}{N^\circ \text{ Total}}$$

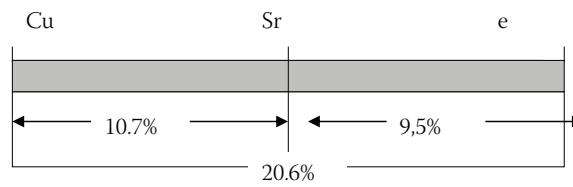
$$\%CO_I = \frac{107 + 97 + 3}{1926} = 10.7\%$$

$$\%SC_{II} = \frac{94 + 86 + 3}{1926} = 9.5\%$$

$$\%SC_I = \frac{\text{Recombinantes total} + \text{Doble recombinantes}}{\# \text{ Total de individuos}}$$

$$\%CO = \frac{394 + 3}{1926} = 20.61\%$$

Representación del mapa cromosómico.





## **CAPÍTULO 2.**

### **13. La Genética de Poblaciones**

Se puede definir como una extensión de la Genética Mendeliana para un nivel de la población, ello distribuido con frecuencias de alelos y genotipos. Es un grupo de individuos genéticamente iguales, y características similares dentro de una población. Ej. Bovino, Ovino, Porcino.

Una población en sentido genético, no es solo un grupo de individuos, sino un grupo reproductivo y la genética de una población está en función de la constitución genética de los individuos y la transmisión de los genes de una generación a la siguiente. Durante este evento los genotipos de los padres se disocian y un nuevo grupo de genotipos se constituye en la progenie (Falconer, 1996).

#### **13.1. Frecuencia Genotípica**

Proporción o porcentaje de individuos en una población que exhiben un particular genotipo. Rango de 0.0 a 1.0, y la suma de ellos debe ser igual a 1.0

##### **13.1.1. Frecuencia de Genes**

Frecuencia alélica. Proporción de un alelo en particular de un gen dentro de una población. Rango de 0.0 a 1.0, y la suma de ellos debe ser igual a 1.0

##### **13.1.2. Frecuencia Fenotípica**

Es el número de individuos con genotipos y características iguales. Depende del número de individuos de dicha característica.

La extensión de la genética mendeliana dentro de la genética cuantitativa puede ser hecha en dos etapas: a) Introducir nuevos conceptos relacionado con las propiedades genéticas de la población, b) Introducir conceptos relacionado con las medidas de la herencia.

Las frecuencias génicas en un locus en particular dentro de un grupo de individuos pueden ser determinadas a partir de las frecuencias genotípicas (Falconer, 1996).

**Ejemplo 21.** Determinar el número de genes y alelos en los individuos de los siguientes genotipos:  $A_1A_1$ ,  $A_1A_2$  y  $A_2A_2$

		<b><math>A_1A_1</math></b>	<b><math>A_1A_2</math></b>	<b><math>A_2A_2</math></b>	<b>Total</b>
<b>N° Individuos</b>		30	60	10	100
<b>N° de genes</b>	<b><math>A_1</math></b>	60	60	0	120
	<b><math>A_2</math></b>	0	60	20	80

Considerando que la suma de las frecuencias, sean génicas o genotípicas, es igual a la unidad, es decir:

$$p + q = 1$$

$$P + H + Q = 1$$

Estimación de la frecuencia génica en función de la genotípica.

$$p = \frac{1}{2}(2P + H) = P + \frac{1}{2}H$$

$$q = \frac{1}{2}(2Q + H) = Q + \frac{1}{2}H$$

	<b>GENES</b>		<b>GENOTIPOS</b>		
	$A_1$	$A_2$	$A_1A_1$	$A_1A_2$	$A_2A_2$
<b>Frecuencias</b>	$p$	$q$	$P$	$H$	$Q$
	$p + q = 1$		$P + H + Q = 1$		
	$p = P + \frac{1}{2}H$				
	$q = Q + \frac{1}{2}H$				

		<b>GEN</b>	
$p = P + \frac{1}{2}H$	$p = 0.30 + \frac{1}{2}(0.60)$	$B$	$b$
$p = 0.60$		60 %	40 %
$q = Q + \frac{1}{2}H$	$q = 0.10 + \frac{1}{2}(0.60)$		
$q = 0.40$			

## 13.2. Cambios en la Frecuencia Génicas

Los cambios en las frecuencias génicas se pueden deber a dos procesos: sistemático, y dispersivo.

### 13.2.1. Procesos Dispersivos

En este proceso de cambio, las leyes de cambio no rigen debido principalmente al tamaño de la población, ya que se trata de poblaciones pequeñas, en las que se puede evaluar la magnitud del cambio más no la dirección, este proceso de cambio se debe fundamentalmente a la deriva genética (genetic drift).

### 13.2.2. Migración

Al considerar dicho proceso como medio de cambio en las frecuencias génicas debemos considerar que existe dos procesos:

#### a. Inmigración

La inmigración constituye la llegada de nuevos individuos a una población

#### b. Emigración.

La emigración la salida de éstos de la población. Este efecto significa también el movimiento de individuos entre subpoblaciones. Para calcular el cambio ( $\Delta q$ ), definimos una población grande (infinita) en la que existe subpoblaciones infinitas con frecuencias génicas diferentes, con proporción "m" de individuos inmigrantes y una frecuencia génica  $q_m$ , la diferencia de la proporción (1 - m) corresponderá al grupo nativo o subpoblación que recibe a los nuevos individuos. Dos alelos, A y a, con frecuencia p y q, proporción de migrantes "m" (Falconer et al., 1996).

3: Formula de la migración

$$P_t = P + (P_0 - P)(1 - m)^t \quad (\text{Ec.4})$$

$P_t$  = Población en generaciones

$P$  = Población total

$(1 - m)$  = Población nativa

$P_0 = \text{Frecuencia inicial}$

$t = \text{Tiempo en generaciones}$

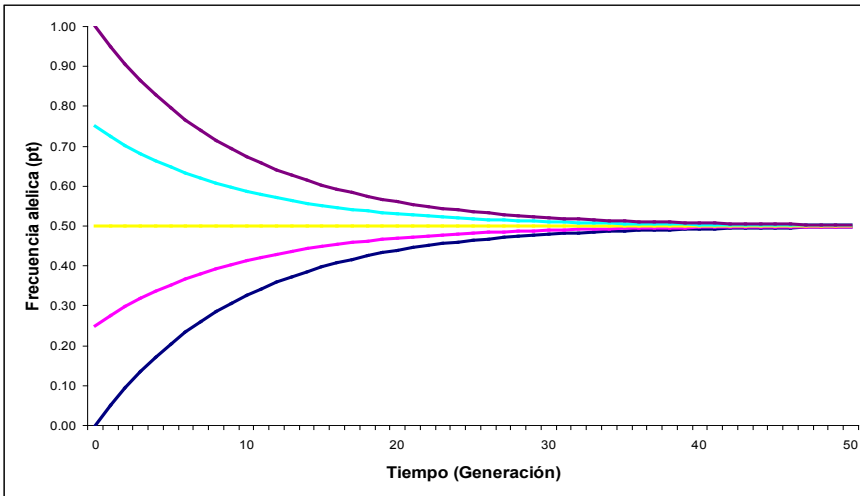
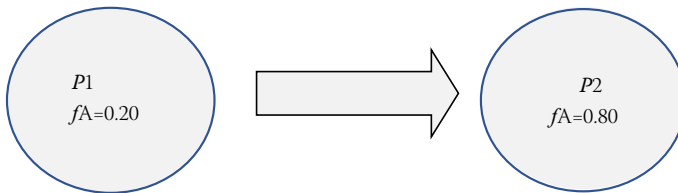


Figura 8. Cambio frecuencia alélica en 5 sub poblaciones. Fuente: Falconer (1996).



La población 2 se verá disminuida en 10%, por generación del gen A, la que permitirá tener una menor proporción de genes A al término de las 10 generaciones.

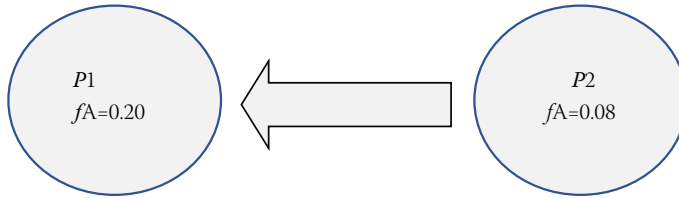
$$P_0 = 0.80; \quad P = 0.50; \quad m = \frac{0.10}{10}$$

$$P_{10} = 0.50 + (0.80 - 0.50) (1 - 0.10) = 0.605$$

Observamos que la frecuencia génica de A ha disminuido a 0.605, por la migración de individuos con menor frecuencia.

Consideramos la migración de la población 2 a la población 1.





La población 1 se verá incrementada en 10%, por generación del gen A, la que permitirá tener una mayor proporción de genes A al término de las 10 generaciones.

$$P_0 = 0.20; \quad p = 0.50; \quad m = 0.10$$

10

$$P_{10} = 0.50 + (0.20 - 0.50)(1 - 0.10) = 0.395$$

Observamos que la frecuencia génica de A ha incrementado a 0.395, por la migración de individuos con mayor frecuencia.

### 13.3. Constitución Genética de la Población

La población es conjunto de individuos en un determinado espacio, y que además deben reproducirse, y referido a la genética de poblaciones no solamente se refiere a la constitución genética de los individuos que la constituyen, sino también a la transmisión de genes de una generación a otra.

La constitución genética de una población se debe a su genotipo y podemos indicar cuanto de ese genotipo están presente en ella. La frecuencia genotípica y génica (alélica) puede ser solamente definido con respecto a una población en particular. En un sentido general, población simplemente significa un grupo finitos o infinitos de individuos de la misma especie.

Los procesos de segregación y recombinación, descritos por la ley de Mendel y que tienen como base biológica la meiosis, determinan lo que se herede sean nuevas combinaciones de los genes de ambos padres, por lo tanto, la constitución genética de un grupo podría ser descrita por la proporción o porcentaje de los individuos que pertenecen a cada genotipo. Los genotipos posibles que se pueden obtener de la combinación de un par de alelos "A" y "a", son tres genotipos: AA, Aa y aa. A estas proporciones llamamos frecuencias genotípicas (Cardelino & Rovira, 1998).

Los alelos ( $A_1$  y  $A_2$ ), para un mismo locus  $A$ , en organismos diploides, podemos determinar la constitución genética de dicha población con la proporción o porcentaje de los individuos que pertenecen a cada uno de los genotipos.  $A_1A_1$ ,  $A_1A_2$ ,  $A_2A_2$ .

Si se tiene “ $m$ ” alelos;  $A_1$ ,  $A_2$ , ...,  $A_m$ , en una población para un locus  $A$ , en cada caso el número posible de heterocigotos.

4: Fórmula de la constitución génica de la población

$$\left[ \frac{m}{2} \right] = \frac{m(m-1)}{2} \quad (\text{Ec.5})$$

$m$ = Número de alelos

La frecuencia génica de un locus en particular entre un grupo de individuos puede ser determinado, entonces, por el conocimiento de las frecuencias del genotipo.

### 13.4. Hardy - Weinberg

La Ley de Hardy y Weinberg o Ley del Equilibrio Génico, es la base de la fundación de la genética de poblaciones. Explica cómo la segregación mendeliana influencia las frecuencia alélicas y genotípicas en una población. La ley del equilibrio génico o Ley de Hardy - Weinberg se puede definir de la siguiente manera:

En una población grande, en la que se produce los apareamientos al azar, y en ausencia de selección, mutación y migración, las frecuencias génicas y genotípicas permanecen constantes de generación en generación, estando las frecuencias genotípicas determinadas por las frecuencias génicas (Wilton et al.2010)

#### 13.4.1. Características y Condiciones:

- a. Tamaño de la población. Para evitar que los fenómenos de muestreo de gametos no tengan importancia.

- b. Apareamientos al azar. Significa que cualquier individuo en la población tiene la misma probabilidad de aparearse con cualquier otro individuo. Esta condición se denomina Panmixia y a la población sujeta a este tipo de apareamientos, panmíctica.
- c. Ausencia de selección, mutación y migración. Indica que no existan factores que agregue, quite o modifique los genes que posee la población.

Las frecuencias génicas deducidas en los cigotos, mediante la Ley de Hardy – Weinberg, considera que los cigotos tienen la misma viabilidad, se puede observar que las frecuencias génicas de A y a producen los genotipos AA ( $p^2$ ), Aa ( $2pq$ ) y aa ( $q^2$ ), respectivamente. Es una de las propiedades más importantes de la ley del equilibrio Hardy – Weinberg, la que indica que las frecuencias genotípicas de una población son enteramente determinadas por sus frecuencias alélicas (Cardellino & Robira, 1987).

Tabla 4. Estructura de las frecuencias génicas con sus respectivos genotipos

	A (p)	a (q)
A (p)	AA $p^2$	Aa $pq$
a (q)	Aa $pq$	aa $q^2$

5: Ecuación del equilibrio

$$p^2+2pq+q^2 \quad (\text{Ec.6})$$

$$p + q = 1$$

$$p = 1 - q$$

$$q = 1 - p$$

### 13.5. Cálculo de Frecuencias para Genes Dominantes

**Ejemplo 22.** En un rebaño de ovejas, existen 180 ovejas, de las cuales tienen 10 ovejas negras, ¿calcule la frecuencia para el alelo de color negro?

En ovinos, donde el color blanco es dominante y el negro es recesivo.

AA: Características color blanco	$AA = p^2$
Aa: Características color blanco	$Aa = 2pq$
aa: Características color negro	$aa = q^2$

6: Ecuación de mayor aproximación.

$$fa = q = \sqrt{\frac{\text{N}^\circ \text{ individuos recesivos}}{\text{Total de individuos}}} \quad (\text{Ec.7})$$

fa= frecuencia de a

$$fa = q = \sqrt{\frac{10}{180}} = 0.24$$

**Ejemplo 22.1.** En la siguiente generación se trabaja con 100 ovejas, ¿Cuántas ovejas negras tendrá, blancos homocigóticos y heterocigóticos?

$$p = 1 - q$$

$$p = 1 - 0.24$$

$$p = 0.76$$

$$p^2 + 2pq + q^2 = 1$$

$$\text{Ovejas negras} = 0.24^2 = 0.06 \text{ o } 6$$

$$\text{Ovejas blancas heterocigóticas} = 2(0.24 \times 0.76) = 36$$

$$\text{Ovejas blancas homocigóticas} = 0.76^2 = 58$$

### 13.6. Cálculo de Frecuencias para Genes Codominantes

En genes que no presentan una relación de dominancia y recesividad se denominan codominantes o herencia intermedia. Esto indica que cada alelo tiene cierto grado de expresión cuando está en forma heterocigótica (Mendoza, 2009)

7: Fórmulas de frecuencias de genes codominantes

$$fC_1 = q = \frac{N^\circ \text{ individuos } C_1 + \frac{1}{2} \text{ heterocigóticos}}{N^\circ \text{ total de individuos}} \quad (\text{Ec.8})$$

$$fC_2 = p = \frac{N^\circ \text{ individuos } C_2 + \frac{1}{2} \text{ heterocigóticos}}{N^\circ \text{ total de individuos}} \quad (\text{Ec.9})$$

$fC_1$  = Frecuencia del alelo codominante uno

$fC_2$  = Frecuencia del alelo codominante dos

**Ejemplo 23.** En una hacienda tenemos 60 vacas roanas (WW), 30 blancas (BB) y 10 rojas (RR). ¿Calcule la frecuencia del alelo para el color blanco y rojo?

$$fB = P = \frac{(30 * 2) + 60}{100 * 2} = 0.60$$

$$fR = q = \frac{(10 * 2) + 60}{100 * 2} = 0.40$$

Frecuencia del alelo blanco  $p=0.60$

Frecuencia del alelo rojo  $q=0.40$

$$p+q=1 \longrightarrow 0.60+0.40=1$$

### 13.7. Cálculo de Frecuencias para Alelos Múltiples

El número de alelos considerados en un locus son dos uno cada uno de los cromosomas homólogos. Los alelos múltiples son alternativas de un par de genes producto de mutaciones. Cada vez que se identifican más de dos alelos en un locus genético tendremos una serie alélica múltiple con presencia de jerarquía de dominancia (Dale & Von Schantz, 2008)

El color del pelaje en conejos: Negro ( $C C$ ) > Chinchilla ( $C^{Ch} C^{Ch}$ ) > Himalaya ( $C^h C^h$ ) > Blanco ( $cc$ ).

Fenotipo	Genotipo	Frecuencia
Negro	CC	$p$
Chinchilla	$C^{Ch} C^{Ch}$	$q$
Himalaya	$C^h C^h$	$r$
Blanco	cc	$s$

8 : Ecuación para frecuencias de alelos múltiples

$$p^2 + 2pq + 2pr + 2ps + 2qr + 2qs + 2rs + q^2 + r^2 + s^2 \quad (\text{Ec.9})$$

$$\text{Frecuencia } (p) = \frac{\text{Conejos negros}}{\text{Total, de individuos}}$$

$$\text{Frecuencia } (q) = \frac{\text{Conejos chinchilla}}{\text{Total, de individuos}}$$

$$\text{Frecuencia } (r) = \frac{\text{Conejos himalayos}}{\text{Total, de individuos}}$$

$$\text{Frecuencia de } (s) = \frac{\text{Conejos Blancos}}{\text{Total, de individuos}}$$

$$\text{Frecuencia } (s) = \sqrt{\frac{\text{N}^\circ \text{ Individuos blancos}}{\text{Total, de individuos}}}$$

**Ejemplo 24.** Determinar la frecuencia de alelos múltiples de 50 conejos negros, 30 chinchillas y 20 himalayos. Iniciamos con el alelo que mayor de recesividad.

Conejos negros	= 50	$(p^2 + 2qr + 2pr)$
Conejos chinchilla	= 30	$(q^2 + 2qr)$
Conejos himalayos	= 20	$r^2$

	$(p)C$	$(q)C^{Ch}$	$(r)C^h$
$(p)C$	$(p^2)CC$	$(pq)CC^{Ch}$	$(pr)CC^h$

$(q)C^{CH}$	$(pq)CC^{CH}$	$(q^2) C^{CH} C^{CH}$	$(qr) C^{CH} C^H$
$(r)C^H$	$(pr) CC^H$	$(qr) C^{CH} C^H$	$(r^2) C^H C^H$

Himalayo  $r^2 = \# \text{ de individuos del himalayo} / \text{total de individuos}$   
 $r^2 = 20/100 = 0.20$

Chinchilla  $q^2 + 2qr = \# \text{ de individuos chinchilla} / \text{total de individuos}$   
 $q^2 + 2qr = 30/100 = 0.30$

Negro  $p^2 + 2pq + 2pr = \# \text{ de individuos negro} / \text{total de individuos}$   
 $p^2 + 2pq + 2pr = 50/100 = 0.50$

$f(r) = \sqrt{20/100} = 0.45$   
 $(q + r)^2 = q^2 + 2qr + r^2$   
 $(q + r)^2 = 0.30 + 0.20$   
 $(q + 0.45) = \sqrt{0.50}$   
 $q = 0.71 - 0.45$   
 $q = 0.26$   
 $(p + q + r)^2 = p^2 + 2pq + 2pr + q^2 + 2qr + r^2$   
 $p + q + r = \sqrt{0.50 + 0.30 + 0.20}$   
 $p + q + r = 1$   
 $(p + q + r)^2 = p^2 + 2pq + 2pr + q^2 + 2qr + r^2$   
 $p = \sqrt{(p^2 + 2pq + 2pr + q^2 + 2qr + r^2)} - q - r$   
 $p = \sqrt{1 - 0.26 - 0.45}$   
 $p + 0.26 = 0.54$   
 $p = 0.28$





## CAPÍTULO 3.

### 14. Mejoramiento Animal

El mejoramiento ganadero en el sentido amplio, es el arte de combinar genética y reproducción, que considera a todos los procesos que permiten optimizar los animales de uso zootécnico, en tanto que el mejoramiento genético permite mejorar genéticamente los animales a largo plazo y el mejoramiento ambiental se refiere al: manejo, alimentación, sanidad, región (Simm, 1998)

**Fenotipo = Genotipo + Medio ambiente**

#### 14.1. Características

Mide el grado de expresión del carácter, se dividen en:

##### 14.1.1. Características Cualitativas

El fenotipo depende del genotipo: ejemplo el color del pelaje de los animales.

##### 14.1.2. Características Cuantitativas

Son aquellas que se pueden medir y para que se expresen, deben estar presentes los genes y el medio ambiente. Los registros se consideran para el proceso de mejoramiento junto con: la estadística, informática y tecnologías de la reproducción.

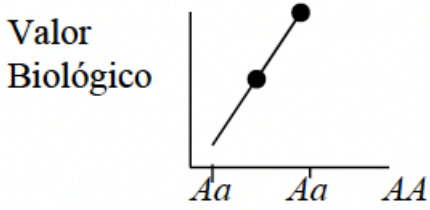
#### 14.2. Modelo Mendeliano

$P = G$ . Fenotipo se relaciona con el genotipo,  $d = 0$  Indica que no hay dominancia.

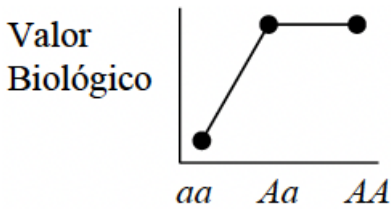
Tabla 5. El valor biológico del modelo Mendeliano

<i>Genotipo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Valor Biológico</i>
<i>AA</i>	$p^2$	$u^2$
<i>Aa</i>	$2pq$	$(u + v) / 2 + d$
<i>Aa</i>	$q^2$	$v^2$

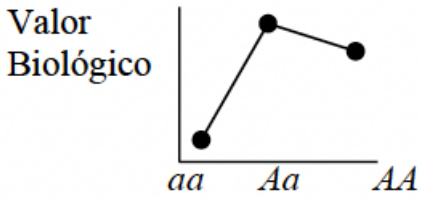
**No dominancia**



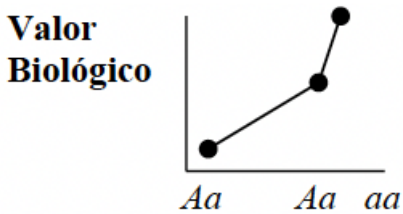
**Dominancia completa**



**Sobre dominancia**



**Parcial dominancia**



**14.3. Parámetros Genéticos**

Los principales parámetros genéticos son: repetibilidad, heredabilidad y correlaciones genéticas, son elementos importantes en un programa de

mejoramiento genético, debido a que permite comparar poblaciones y tomar decisiones en función de los objetivos propuestos.

### 14.3.1. Repetibilidad

La repetibilidad se puede manifestar varias veces la medida de un mismo carácter, durante la vida productiva de los animales, es el producto de las medidas que se repiten en los animales: producción de leche, lana, huevos, los mismos que sirven para calcular valores productivos que permiten pronosticar. Es una medida de probabilidad, debido a que el carácter no tendrá igual característica cuando se repita, ya que el individuo tendrá un efecto del medio ambiente distinto.

Repetibilidad ( $r$ ) biológicamente no es una constante, depende de dos componentes el genético y el efecto ambiental que inciden en el fenotipo (Cardelino & Rovira, 1987).

Cálculo de la Repetibilidad ( $r$ ) es la relación entre la varianza aditiva sobre la varianza fenotípica.

9: Ecuación de la repetibilidad.

$$r = \frac{\sigma^2 A + \sigma^2 D + \sigma^2 I + \sigma^2 EP}{\sigma^2 p} \quad (\text{Ec.10})$$

$\sigma^2_{p=}$  *Varianza fenotípica*

$\sigma^2_{G=}$  *varianza genética*

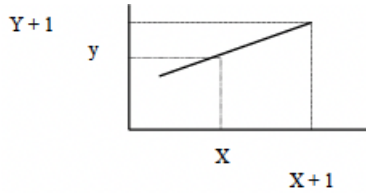
$\sigma^2_{A=}$  *Varianza Aditiva*

$\sigma^2_{E=}$  *Varianza ambiental*

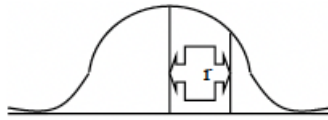
$\sigma^2_{EP=}$  *Varianza ambiente permanente*

El valor de la repetibilidad p.e., corresponde al 0.25 o 25% y se tiene el peso del Vellón la primera esquila es 2500 Kg y de otra 300Kg., la diferencia de pesos es 500 g., la diferencia más probable entre las dos alpacas en la segunda esquila será  $500g \times 0.25 = 125 g$ .

- a. ( $r$ ) correlación entre dos registros de un mismo animal
- b. ( $r$ ) Regresión entre dos registros el anterior y el subsiguiente.



- c. (r) desviación de un promedio con relación a un registro de un mismo animal



Todos los registros tienen un modelo matemático, porque toda función biológica tiene este modelo, como la producción de leche depende de muchos pares de genes.

$$P_{ij} = m + A_i + M_j$$

$P_{ij}$  = registro  $i$ .

$m$  = representación de la media

$i = 1$  -----  $\beta$  # total de animales

$j = 1$  -----  $n_i$  # total de registros

Los registros deben cumplir las leyes de la normalidad IID

IID = Idénticos e independientemente distribuidos. Se asume que no hay correlación entre el efecto del animal y el medio.

### 14.3.2. Estimación de la Repetibilidad por Regresión.

10: Ecuación de la regresión

$$b = \frac{\sigma^2 p_1 \sigma^2 p_2}{\sigma^2} \quad (\text{Ec.11})$$

$$b = \frac{\sigma^2 A}{\sigma^2 P} \quad (\text{Ec.12})$$

$b$  = Coeficiente de correlación

$\sigma^2 A$  = Varianza aditiva

$\sigma^2 P$  = Varianza fenotípica

### 14.3.3. Cálculo de la Repetibilidad por Correlación

11: ecuación de la correlación:

$$rc = \frac{Covp1p2}{\sqrt{\sigma^2p1\sigma^2p2}} \quad (\text{Ec.13})$$

rc= Coeficiente de correlación

Covp1p2 = Covarianza registro 1 por registro 2

$\sqrt{\sigma^2 p1\sigma^2p2}$  = Raíz varianza registro 1 por varianza registro 2

**Ejemplo 26.** En un rebaño de ovejas se midió el peso del vellón en dos años seguidos, calcular la repetibilidad.

<i>No animales</i>	<i>Año 1</i>	<i>Año 2</i>
1	7.11	7.05
2	6.43	6.51
3	6.32	7.19
4	10.57	10.11
5	5.68	2.96
6	6.69	7.84
7	1.18	2.42
8	4.72	6.84
9	9.67	6.30
10	8.43	7.02
<i>Media</i>	6.68	6.484
<i>Desviación</i>	2.63	2.266
<i>Varianza</i>	6.95	5.136
<i>Suma</i>	66.80	64.24

$$P_1 = 66.80 \quad P_2 = 64.24$$

$$\Sigma P^2_{i_1} = (7.11)^2 + \dots + (8.43)^2 = 508.8274$$

$$\Sigma P^2_{i_2} = (7.05)^2 + \dots + (7.02)^2 = 457.8304$$

$$\Sigma P_1 P_2 = (7.11) (7.05) + \dots + (8.43) (7.02) = 469.2092$$

$$\sigma^2 P_1 = 508.8274 - ((66.8)^2/10)/9 = 6.9559$$

$$\sigma^2 P_2 = 457.8304 - ((64.24)^2/10)/9 = 5.01696$$

$$\sigma^2 P_1 P_2 = 469.2092 - ((66.8 \times 64.24)/10)/9 = 4.454$$

$$r_b = 4.454 / 6.9559$$

$$r_b = 0.64$$

$$r_c = 4.454 / \text{Raiz} (6.559 \times 5.01696)$$

$$r_c = 0.7539$$

**Ejemplo 27.** En el galpón de conejos de la Quinta Experimental Punzara de la UNL se registra el número de gazapos al nacimiento.

# animal	# partos			Pi	ni
1	6	7	-	13	2
2	7	-	-	7	1
3	5	7	7	19	3
4	6	5	-	11	2
5	7	8	-	15	2
6	5	-	-	5	1
7	6	8	7	21	3
8	8	6	8	22	3

$$\Sigma \Sigma P^2 ij = 6^2 + 7^2 + 5^2 + \dots + 7^2 + 8^2 = 769$$

$$\Sigma P^2 .i/ni = 13^2 + 7^2 + 19^2 + \dots + 21^2 + 22^2 = 760.16$$

$$P^2 . = 113^2 / 17 = 751.12$$

$$\Sigma n^2 /n . = 2^2 / 17 + 1^2 / 17 + \dots + 3^2 / 17 = 2.41$$

$$\sigma^2 M = 769 - 760.16 / 17 - 8 = 0.981$$

$$\sigma^2 A = 760.16 - 751.12 - (8 - 1)(0.981) / 17 - 2.41 = 0.15$$

$$r_{c.v.} = 0.15 / (0.15 + 0.981) = 0.13 \text{ o } 13\%$$

Existe la posibilidad que el 13% del número de gazapos se repetirá en el segundo parto.

#### 14.4. Heredabilidad ( $h^2$ )

La heredabilidad de un carácter, es la proporción de superioridad de los padres que sea transmitido en promedio a la descendencia, si la heredabilidad de un carácter es alta, se espera que un gran número o porcentaje de la superioridad de los progenitores sea transmitida a los hijos y si es baja solo una pequeña parte de la superioridad es cedida a la progenie (Simm, 1998).

Cálculo de la heredabilidad

12: Fórmulas de la heredabilidad

$$h^2 = \frac{\sigma^2 A}{\sigma^2 P} \quad (\text{Ec.14})$$

$h^2$  = heredabilidad en el sentido estricto

$\sigma^2 A$  = Varianza aditiva

$\sigma^2 P$  = Varianza fenotípica

##### 14.4.1. Registros para Calcular la Heredabilidad

1. Registros repetidos de el mismo animal
2. Registros de parientes: padres, madres e hijos.

##### 14.4.2. Cálculo de la Heredabilidad por Regresión

$$h^2 = \frac{\sigma^2 A}{\sigma^2 P}$$

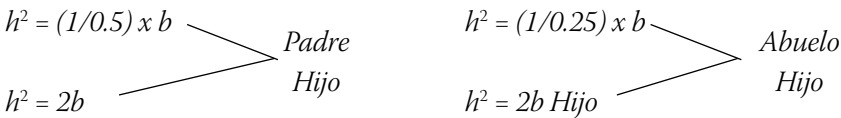
$$\sigma^2 P = \sigma^2 G + \sigma^2 E$$

Si extraemos la raíz cuadrada de la heredabilidad  $\sqrt{h^2} = h$ , que es la relación entre la desviación estándar aditiva y la desviación estándar fenotípica (Cardelino & Rovira, 2007).

El valor de  $h$  es la exactitud o precisión de la selección establecida en el fenotipo, fundamenta la correlación entre el valor de cría y el valor fenotípico ( $r_{ap}$ ), si esta correlación es alta, se podría hacer selección únicamente por medio del fenotipo. Normalmente los valores de caracteres reproductivos heredables son bajos entre 0 a 15%, los de rendimiento tienen valores medios 20 a 35%, las medidas morfométricas y de carcasa presentan valores altos 40 a 60%. (Steel y Torrie, 1988).

La heredabilidad, mediante regresión del rendimiento de la progenie y el rendimiento del padre.

$$h^2 = 2b_{\text{hijos-padre}} = 2(\text{Regresión del rendimiento hijos-padre})$$



13: Fórmula de la regresión

$$b = \frac{\Sigma xy - \frac{(\Sigma x)(\Sigma y)}{n}}{\Sigma x^2 - \frac{(\Sigma x)^2}{n}} \quad (\text{Ec:15})$$

**Ejemplo 28.** En la hacienda “Malacatos” se reportan los pesos al año de toros y su progenie.



No	Peso /año Kg	Peso/ año kg	Producto
	<i>X Padre</i>	<i>E hijo</i>	<i>X*Y</i>
1	457	435	198795
2	498	416	207168
3	463	429	198627
4	468	471	220428
5	460	479	220340
6	456	420	191520
7	457	426	194682
8	511	456	233016
9	437	409	178733
10	476	428	203728
	$\Sigma x = 4683$	$\Sigma y = 4369$	$\Sigma xy = 2047037$
	$\Sigma x^2 = 2197297$		$(\Sigma x)(\Sigma y) = 20460027$
	$(\Sigma x)^2 = 2193048.9$		

$$b = \frac{2047037 - \frac{20460027}{10}}{2197297 - \frac{21930489}{10}} \quad b = 0.243$$

La heredabilidad estimada hijos – padre ( $h^2 = 2b$ ), implica que:  $h^2 = 2(0.243) = 0.49$

### 14.4.3. Cálculo de la heredabilidad por correlación.

14: Fórmula de la correlación

$$h^2 = \frac{Cov_{p1p2}}{\sqrt{\sigma^2_{p1}\sigma^2_{p2}}} \quad (\text{Ec.16})$$

$$h^2 = \frac{1}{0.5} \cdot c$$

$$h = \frac{1}{2c} \cdot e$$

$h^2 =$  heredabilidad

$Covp1p2 =$  Covarianza registro uno por registro dos

$\sqrt{\sigma^2p1\sigma^2p2} =$  Raíz de la varianza del registro uno por la varianza del registro dos

**Ejemplo 29.** La heredabilidad de los registros del peso al destete entre padres e hijos en ganado bovino de la Quinta Experimental Punzara.

No	Peso destete	Peso destete	Producto
	kg	kg	
	X Padre	Y hijo	
1	195	190	37050
2	203	215	43645
3	186	197	36642
4	230	205	47150
5	200	210	42000
6	210	180	37800
7	195	215	41925
8	230	205	47150
9	220	190	41800
10	225	235	52875
$\Sigma x$	2094	2042	428037
$\Sigma x^2$	440780	419234	$1856 \times 10^{10}$
$\sigma^2$	255.16	250.84	

$$sPxiPyi = 49.13$$

$$\Sigma xy = 428037$$

$$rc = \frac{49.13}{\sqrt{255.16 * 250.84}}$$

$$rc = 0.193$$

La estimada de la heredabilidad para el peso al destete en una granja de bovinos es del 38.6% por el análisis de regresión

$$h^2 = 1/0.5 \times 0.193 = 0.386 \text{ o } 38.6\%$$

#### 14.4.4. Cálculo de la Heredabilidad por Componentes de Varianza

- a. Se calcula separando los componentes de la varianza
- b. Un solo factor tomando al azar

##### Modelo matemático

$$P_{ij} = m + b_i + w_{ij}$$

w = medio ambiente

b = del animal

m = media poblacional

b<sub>i</sub> = efecto del animal

w<sub>ij</sub> = efecto del medio o varianza

Tiene que cumplir las leyes de la normalidad por cada uno de los registros.

Asume:

**Ejemplo 30.** En el programa de especies menores de la quinta Experimental Punzára, se registra el número de gazapos al nacimiento.

Padre			Progenie				Pi	ni
I	1	2	3	4	5	6		
1	6	7	5	-	-	-	18	3
2	5	8	4	-	-	-	17	3
3	7	-	-	-	-	-	7	1
4	4	6	-	-	-	-	10	2
5	5	4	7	6	-	-	22	4
6	7	6	7	8	7	-	35	5
7	8	-	-	-	-	-	8	1

Son medios hermanos por el padre

No se considera con los medios hermanos o primos

$i = \# \text{ de animal}$

$j = \# \text{ de registros}$

$$\Sigma \Sigma P^2ij = 6^2 + 5^2 + \dots + 8^2 + 7^2 = 753$$

$$\Sigma P^2i. = 18^2 / 3 + 17^2 / 3 + 7^2 / 1 + 10^2 / 2 + \dots + 35^2 / 5 + 8^2 / 1 = 733.33$$

$$P^2. / n. = 117^2 / 19 = 720.48$$

$$\Sigma n^2.i = (3^2 + 3^2 + 1^2 + 2^2 + 4^2 + 5^2 + 5^2) / 19 = 3.42$$

$$\sigma^2w_{ij} = (753 - 733.33) / (19 - 7) = 1.64$$

$$\sigma^2b_{ij} = (733.33 - 720.48) - (7 - 1) 1.64 / (19 - 3.42) = 0.193$$

$$h^2 = \frac{1/25 (1.193)}{0.193 + 1.64} = 0.42$$

## **14.5. Correlaciones Genéticas**

La correlación es el grado de asociación entre dos valores que están representados por una magnitud y un signo entre -1 a +1; también se puede presentar en porcentaje de -100 a + 100%.

### **14.5.1. Correlación Fenotípica**

Es la asociación entre dos valores fenotípicos, que pueden observarse o medirse directamente Falconer & Mackay (1996). La correlación fenotípica en ovinos Corriedale, entre el peso del vellón sucio y el peso de vellón limpio es 0.89, este valor considerado alto, indica que estos dos caracteres están correlacionados. La correlación fenotípica entre la producción de leche y el porcentaje de grasa en la leche de vacas es de -0.26; esto implica que a mayor producción de leche el porcentaje de grasa disminuirá.

### **14.5.2. Correlación Genética**

Es la asociación que se presenta entre los valores de cría o mejorantes de dos caracteres entre los valores de cría. La correlación genética entre el peso de vellón sucio y el diámetro de la fibra en alpacas Huancayo es de 0.12, esto significa que el incremento de valor de cría de peso de vellón aumenta también el valor mejorante para el diámetro de fibra, pero al ser un valor de 0.12, tiene un pequeño incremento.

### **14.5.3. Correlación Ambiental**

Es la asociación entre las desviaciones ambientales para dos caracteres que pueden contener efectos genéticos no aditivos como: dominancia y epistasia. La correlación ambiental entre el peso de vellón sucio y su rendimiento al lavado es de -0.20, esto indica que el vellón sucio es más pesado por las impurezas que contiene en relación con el limpio, que se atribuye a causas ambientales.

#### 14.5.4. Cálculo de Correlaciones

$$rc = \frac{Covp1p2}{\sqrt{\sigma^2p1\sigma^2p2}}$$

Esta ecuación se relaciona tres correlaciones:

$$r_p = h_1 h_2 r_g + e_1 e_2 r_p$$

$r_p$ : Correlación fenotípica entre dos caracteres.

$h_1 h_2$ . Las raíces cuadradas de las heredabilidades de cada carácter.

$r_g$ : La correlación genética entre dos caracteres.

$e_1 e_2$ . Las raíces cuadradas de las proporciones ambientales que incluye la genética no aditiva, a su vez explica la varianza fenotípica.

$$e_1 = \sqrt{1-h_1^2}$$

$$e_2 = \sqrt{1-h_2^2}$$

$r_p$  = La correlación ambiental entre dos caracteres

### 15. Consanguinidad

Es la reproducción entre individuos emparentados entre sí por ascendencia. El grado de proximidad entre dos individuos nos da la magnitud de la consanguinidad.

La formación de líneas consanguíneas permite el incremento de la prevalencia de genes recesivos, que implica la reducción del rendimiento reproductivo y productivo e inclusive de salud, también es útil para la formación de nuevas líneas en la producción porcina y avícola.

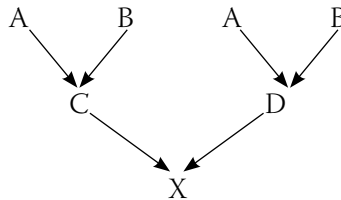
### 15.1. Coeficiente de Consanguinidad

Es la medida de la consanguinidad ( $F_x$ ) es la probabilidad que dos alelos sean idénticos por ascendencia en un mismo locus, adquiere valores entre cero a uno. La máxima consanguinidad es 50% de homocigocidad (Spike, 2009).

15: Ecuación del coeficiente de consanguinidad

$$F_x = \sum [(1/2)^n (1+F_a)] \quad (\text{Ec.17})$$

**Ejemplo 31.** Calcular  $F_x$  C y D son hermanos completos



El apareamiento entre hermanos

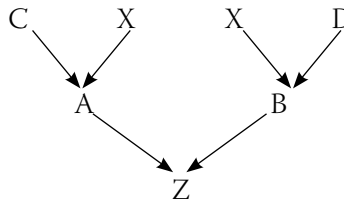
$$F_x = \sum [ (\frac{1}{2})^3 + (\frac{1}{2})^3 (1+0) ]$$

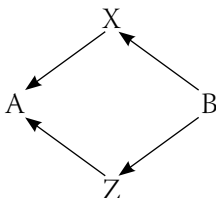
$$F_x = [ (1/8) + (1/8) (1+0) ]$$

$$F_x = [ (0.125) + (0.125) (1+0) ]$$

$$F_x = 0.25 \longrightarrow 25\% \text{ consanguinidad}$$

**Ejemplo 32.** Calcular ( $F_z$ ) A y B son medio hermanos.



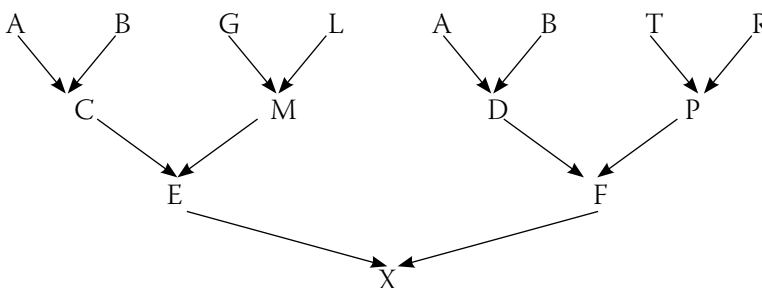


$$F_x = \sum^3 [ (\frac{1}{2}) (1+0) ]$$

$$F_x = [ (1/8) (1+0) ]$$

$$F_x = 1/8 \longrightarrow 12.5\% \text{ consanguinidad}$$

Ejemplo 33. Calcular (Fx) E y F son primos hermanos.



$$F_x = \sum^5 [ (\frac{1}{2}) + (\frac{1}{2}) (1+0) ]$$

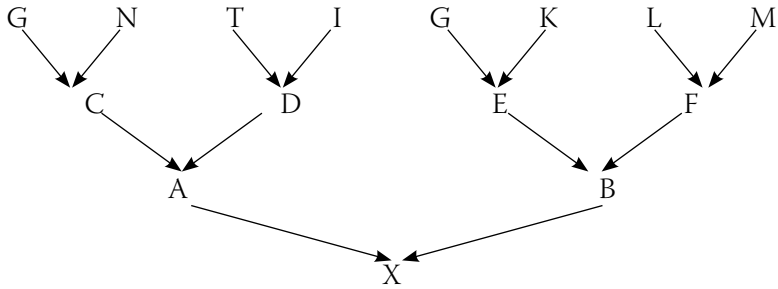
$$F_x = [ (1/32) + (1/32) (1+0) ]$$

$$F_x = [ (0.03125) + (0.03125) (1+0) ]$$

$$F_x = 0.0625 \longrightarrow 6.25\% \text{ consanguinidad}$$



**Ejemplo 33.** Calcular (F<sub>x</sub>) A y B son medio primos.



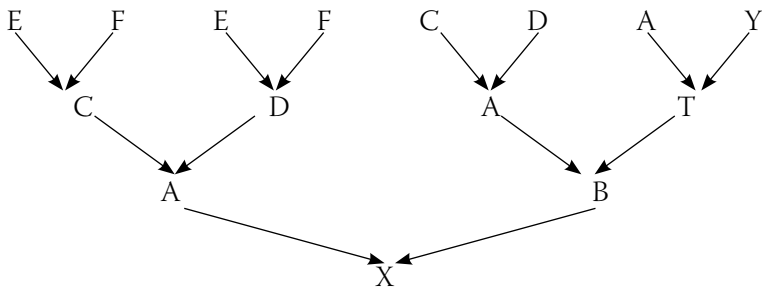
$$F_x = S \left[ \left( \frac{1}{2} \right)^5 (1+0) \right]$$

$$F_x = \left[ \left( \frac{1}{32} \right) (1+0) \right]$$

$$F_x = \left[ (0.03125) \right]$$

$F_x = 0.03125 \longrightarrow 3.125\%$  consanguinidad.

**Ejemplo 34.** Calcular (F<sub>x</sub>)



$$F_x = S \left[ \left( \frac{1}{2} \right)^3 + \left( \frac{1}{2} \right)^3 + \left( \frac{1}{2} \right)^2 (1+0) \right]$$

$$F_x = \left[ \left( \frac{1}{8} \right) + \left( \frac{1}{8} \right) + \left( \frac{1}{4} \right) (1+0) \right]$$

$$F_x = \left[ (0.125) + (0.125) + (0.25) (1+0) \right]$$

$F_x = 0.50 \longrightarrow 50\%$  consanguinidad

## 16. Parentesco

Es la proporción esperada de genes en común, idénticos por descendencia entre dos individuos. Cuando mayor sea el parentesco entre dos individuos, mayor será el coeficiente de consanguinidad de su progenie y menor será la probabilidad de que esta progenie sea heterocigótica.

### 16.1. Parentesco Directo y Colateral

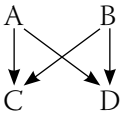
El parentesco directo es la relación en descendencia directa, se refiere al parentesco que existe entre padres e hijos, abuelos y nietos, sucesivamente. (Spike, 2009).

El parentesco colateral se refiere a los componentes de la familia, es decir, la que puede existir entre medios hermanos, primos, etc. Es el de mayor observación en los animales de granja.

### 16.2. Cálculo del Parentesco

Parentesco entre padre e hijo es  $\frac{1}{2}$ , el parentesco entre abuelo nieto es  $\frac{1}{4}$

Ej.1) Parentesco entre hermanos completos

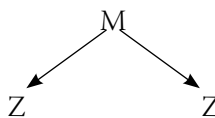


$$C \leftarrow A \rightarrow D \quad \left(\frac{1}{2}\right)^2 = \frac{1}{4}$$

$$C \leftarrow B \rightarrow D \quad \left(\frac{1}{2}\right)^2 = \frac{1}{4}$$

$$R_{CB} = \frac{1}{4} + \frac{1}{4} = \frac{1}{2} \text{ o } 50\%$$

**Ejemplo 35.** Parentesco entre medios hermanos



$$X \leftarrow M \rightarrow Z \quad \left(\frac{1}{2}\right)^2 = \frac{1}{4} \text{ o } 25\%$$

El parentesco es el vínculo o lazo, la consanguinidad es afinidad.

### 16.3. Consanguinidad de la Población

En términos relativos se asume, que el punto que se determine generación base de consanguinidad = 0

Depende del tamaño de la población (machos, hembras del hato)

16: Fórmula del tamaño poblacional

$$F_1 = \frac{1}{2N} \left[ 1 - \frac{1}{2N} \right] F_1 \quad (\text{Ec. 18})$$

$F_0 = 0$  Población inicial

$F_1 = \frac{1}{2} N$  Población 1 =  $\frac{1}{2} N$  (tamaño de la población)

$N$  = tamaño de la población ideal

Entonces después de "t" generaciones

$$F_t = \left[ 1 - \left( 1 - \frac{1}{2N} \right)^t \right]$$

Ej. Calcular la consanguinidad en 10 generaciones de 300 drosophilas melanogaster

$$F_t = \left[ 1 - \left( 1 - \frac{1}{2(300)} \right)^{10} \right] = 0.016 \text{ o } 16\%$$

#### 16.3.1. Prepotencia

Es la capacidad de los progenitores para impregnar sus características a su descendencia

## 17. Sistemas de Apareamiento

Los sistemas de apareamiento con: consanguíneos entre individuos emparentados y no consanguíneos entre individuos no emparentados: abiertos, líneas, al azar, de razas.

### 17.1. Exocría

Es el sistema de apareamiento entre animales no emparentados. Este tipo de cruce no consanguíneo junto a un buen método de selección, produce los mejores incrementos genéticos cuando la heredabilidad tiene un rango de media hacia alta, como producto de la exocría tenemos la **Heterosis**, que se caracteriza por un mejor comportamiento de la descendencia con relación a los progenitores. En términos de expresión genética la exocría generara el incremento de los heterocigótes, esto dará lugar al Vigor Híbrido (Mendoza, 2009).

La hibridación (bufalo + bovino), al cruzar dos especies diferentes.

La heterosis (braman + charolais), al cruzar dos razas.



Macho Simental

X



Hembra Brown Swiss

### 17.2. Tipos de Cruces

Existen algunos tipos de cruce en animales domésticos

### 17.2.1. Cruce Abierto

Es el sistema de apareamiento entre animales no emparentados, pero dentro de una misma raza. Es importante observar, para este sistema de apareamiento que no existan ancestros comunes en la cuarta o sexta generación del pedigree. Es posible por la amplia variabilidad genética que existe dentro de cada raza. Para mantener pie de cría con bajo % de consanguinidad.

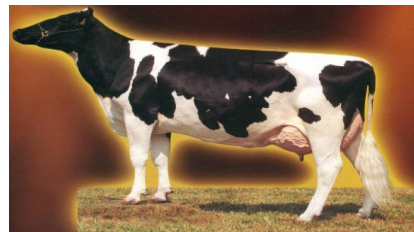
#### 17.2.1.1. Genética del Cruce Abierto

Los cruzamientos de individuos altamente seleccionados buscan la ausencia de genes indeseables en forma homocigótica. La heredabilidad alta significa que la correlación entre el fenotipo y el genotipo, también es alta. Es recomendable que los ganaderos que tienen pie de cría "seedstock", practiquen un sistema outcrossing. La selección de los animales se realice en base a un índice, tomando en consideración los caracteres de mayor importancia económica.



Macho Holstein

X



Hembra Holstein

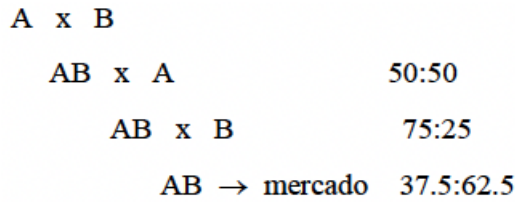
### 17.2.2. Cruzamiento entre Razas

El apareamiento entre individuos de diferentes razas, inclusive puede ser más de dos razas, este cruce tiende a cubrir los genes recesivos indeseables e incrementar los genotipos heterocigóticos. Espera que el comportamiento total del cruce sea mayor que de los padres puros, especialmente para aquellos caracteres en los que la consanguinidad afecta.

- a. Cualidades Reproductivas: fertilidad, fecundidad en ambos sexos y habilidad materna
- b. Vitalidad: Medida por los índices de mortalidad (Mendoza, 2009).

### 17.2.3. Cruce en Secuencia

Los cruzamientos no conanguíneo de animales altamente seleccionados, se consigue ausencia de genes indeseables que se presentan en forma homocigótica. La heredabilidad alta indica que la correlación entre fenotipo y genotipo también es alta.

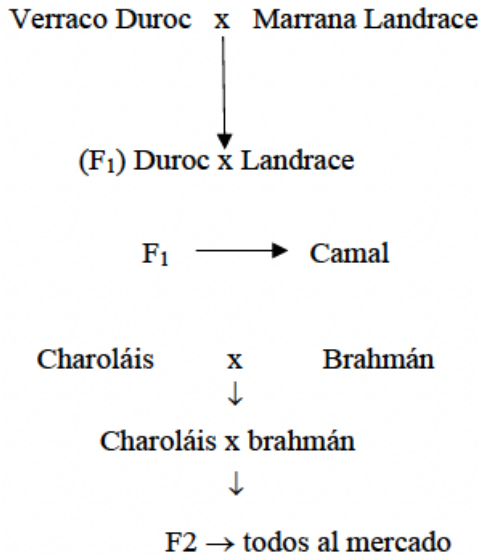


## 18. Sistemas de Cruzamientos

Los sistemas de cruzamientos, son realizados por productores comerciales

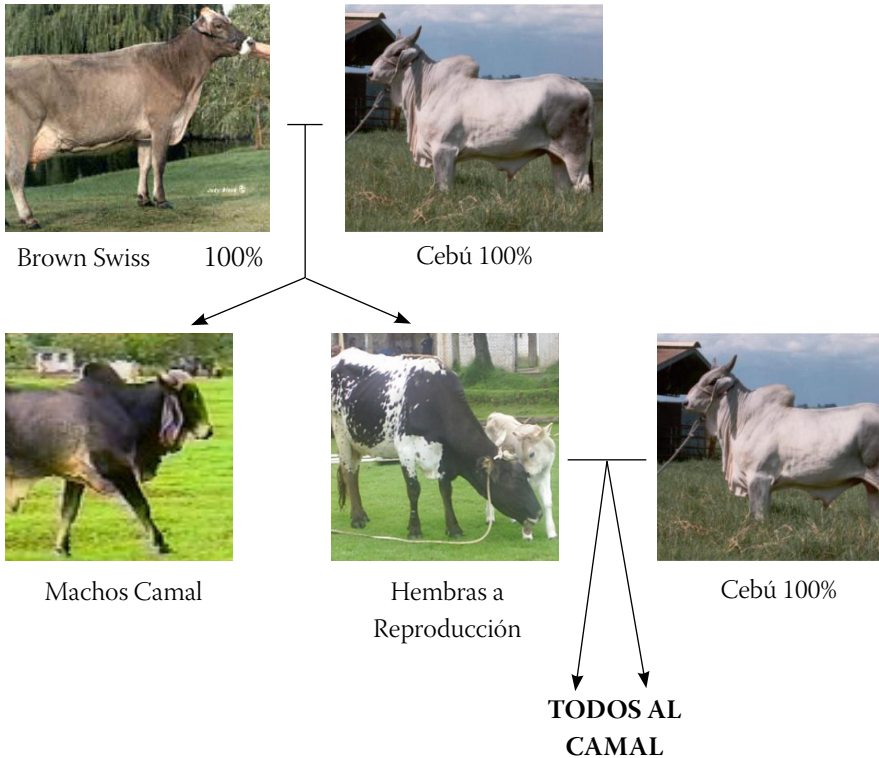
### 18.1. Cruce entre Dos Razas

El producto del cruzamiento entre dos razas, la  $F_1$  al camal. La mayor heterogocidad es para crecimiento, conversión alimenticia, ganancia de peso.



### 18.1.1. Retrocruce

En este sistema participan dos razas, el producto del cruce F1, todos los machos son enviados al mercado y las hembras son retenidas y cruzadas, en este caso se hace uso de la heterosis para habilidad materna.



### 18.1.2. Cruzamiento Absorbente (encaste)

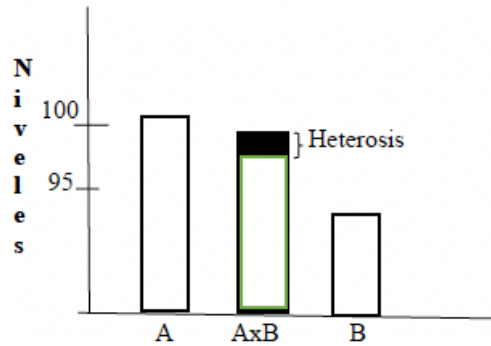
Cruce de dos razas con el objetivo de obtener animales adaptados al medio ambiente, mejorado por el criollo.

A x B	F <sub>0</sub> → 0
AB x A	F <sub>1</sub> → A50: B50
AB x A	F <sub>2</sub> → A 75: B25
AB x A	F <sub>3</sub> → A87.5: B12.5
AB x A	F <sub>4</sub> → A93.75: B6.25
AB	F <sub>5</sub> → A96.875: B3.125

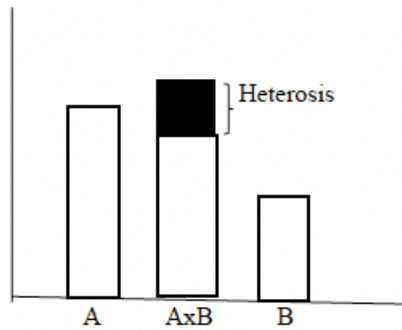




tener un alto grado de heterosis. Cuando la heredabilidad es alta la heterosis es menor y si es baja indica que la heterosis es alta.



a. La descendencia cruzada supera a uno de los padres



b. La descendencia cruzada supera a los dos padres

Figura 9. Heterosis en el cruce entre dos razas. Fuente: Dale et al. (2008)

### 19.1. Cálculo de la Heterosis

La heterosis se acalcula al comparar el promedio de la F1 con el padre de mayor producción:

17: Fórmulas de la heterosis

$$Heterosis = (\bar{X} \text{ descendencia} - \bar{X} \text{ padre superior}) \times 100 \quad (\text{Ec.19})$$

$$\% H = \frac{\text{Promedio hijos} - \text{promedio padres}}{\text{Promedio de padres}} * 100 \quad (\text{Ec.20})$$

El peso promedio en los cerdos Duroc es 1.3 kg, del Hampshire, 1.2 kg y su cruce produce progenie con peso promedio de 1.35 kg.

$$\% H = \frac{1.35 - 1.25}{1.25} * 100 = 8 \%$$

La heterosis puede ser positiva o negativa.

## 20. Selección

La selección es un proceso que se basa en la variabilidad dentro de la población y entre individuos determinada por la segregación genética, ya que permite escoger los mejores animales que serán los progenitores de las futuras generaciones. La selección se debe practicar en el lugar en donde los animales son criados, debido a que un mismo genotipo puede tener diferente comportamiento en medios ambientes diferentes, por la interacción genotipo-ambiente (Mendoza, 2009).

### 20.1. Selección Individual

Consiste en escoger individuos basándose en características propias del individuo, ej. Producción leche, lana, incremento de peso.

18: Fórmulas del valor productivo y valor genético

$$Vp = \frac{n.r}{1+(n-1)r} (Xi) \quad (\text{Ec.21})$$

$$VG = \frac{n.h^2}{1+(n-1)r} (Xi) \quad (\text{Ec.22})$$

$VG$  = valor genético

$VP$  = valor productivo

$n$  = # registros

$r$  = repetibilidad

$h^2$  = heredabilidad

**Ejemplo 35.** Calcular el valor genético de una cerda de 3 partos cuyo número promedio camada es 6 lechones, la heredabilidad 10 % y repetibilidad 0.12.

$$VG = \frac{3 \times 0.10}{1 + (3 - 1) \times 0.12} \times (6) = 1.50$$

$$VP = \frac{3 \times 0.12}{1 + (3 - 1) \times 0.12} \times (6) = 1.74$$

## 20.2. Selección por Genealogía

Esta selección está basada en las características de parentesco, corrige las características ligadas al sexo, se emplea cuando tenemos baja heredabilidad, debido a ello se utilizan de los ancestros lejanos:

Para este cálculo se utiliza más de un registro

$$VG = 1/2 h^2 \left( \frac{n h^2}{1 + (n - 1) r} \times (X_i - \mu) \right)$$

$$VG = 1/4 h^2 \left( \frac{n h^2}{1 + (n - 1) r} \times (X_i - \mu) \right)$$

## 20.3. Selección Unicarcáter

La selección por un solo carácter se realiza de dos formas: valor de cría o valor genético aditivo del individuo (VC), con registros productivos ajustados, en la práctica estimar este valor podría no ser exacto y toma el nombre de valor de cría estimado (VCE), de acuerdo al mérito genético de los animales que se van a seleccionar (Spike, 2009).

19: Fórmulas para selección unicarcáter

$$VCE = h^2 (\text{Rendimiento individual} - \text{Rendimiento contemporáneos}) \quad (\text{Ec.23})$$

$$VCE_{progenie} = \frac{VCE_{padre} + VCE_{madre}}{2} \quad (Ec.24)$$

Los valores de cría son desviaciones en la población contemporánea presente en la población siguiente: Toro =  $VCE + 25Kg$  , la Vaca=  $VCE + 15Kg$  y Progenie=  $VCE+20Kg$

Conclusion: La progenie pesará 20 Kg más que la población

## 20.4. Selección Multicarcáter

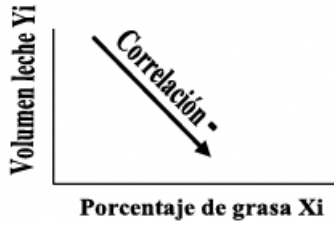
Los diferentes sistemas de producción tienen como objetivo mejorar varias características al mismo tiempo; p.e en porcinos se busca mejorar tamaño de camada, peso al destete, disminuir espesor de grasa dorsal. Los caracteres a elegir deben ser: heredables, variables y medibles en general de valor económico, utilizan los siguientes métodos de selección: Tandem, niveles independientes de descarte(NID) e índices de selección (Mrode, 2005).

### 20.4.1. Tándem

El método tándem se aplica al seleccionar un carácter  $X_i$ , hasta alcanzar su respuesta genética, a continuación, se selecciona otro carácter  $Y_i$ . Puede suceder que, al incrementar  $X_i$ , simultáneamente aumente  $Y_i$ ; o posiblemente si es positivo para  $X_i$  sea negativo  $Y_i$ . Este método es útil cuando se selecciona un carácter de mayor importancia y otros de menor, además debe existir correlación genética entre los caracteres seleccionados (Spike, 2009).



En bovinos correlación positiva entre peso al nacimiento ( $X_i$ ) y peso a la edad adulta ( $Y_i$ )



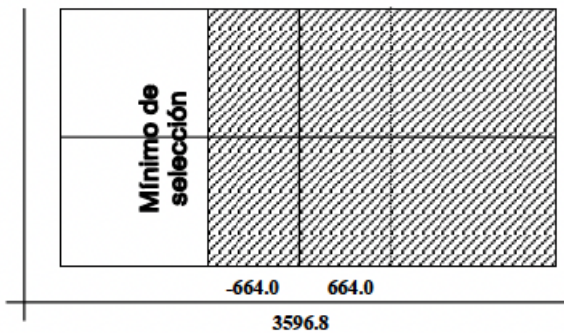
En el caso de la selección Tándem se debe tomar en cuenta la correlación genética entre los caracteres seleccionados. Si elegimos caracteres con correlación favorable para un carácter, los animales serán también los mejores para otros; pero si la correlación es negativa, puede ocurrir que los animales no sean seleccionados, aun cuando son eficientes para otro carácter. En ovinos a mayor longitud de la fibra del vellón, menor diámetro de la misma (Simm,1998).

**Ejemplo 36.** Seleccionar el 70% de las vacas de alta producción por volumen y porcentaje de grasa en la leche, utilizando el método Tandem.

N° vaca	Leche/kg	Grasa/%
1	3558	3.19
2	4336	2.90
3	2254	3.20
4	4433	3.05
5	3452	2.15
6	3998	3.00
7	4067	2.70
8	3500	3.10
9	3470	3.08
10	2900	4.00
Media	3596.8	3.04
Desviación	664.0	0.46

Vacas seleccionadas por producción leche.

N° vaca	Leche/ kg
4	4433
2	4336
7	4067
6	3998
1	3558
8	3500
9	3470
Media	3909.0
desviación	



20: Fórmula Respuesta a la Selección

$$RS = h^2 Ve (Ds) \quad (\text{Ec.25})$$

RS= Respuest a la selección

$h^2$  = Heredabilidad

$Ve$  = Valor economico

$Ds$  = Diferencial de selección

$$RS = h^2 Ve (Ds)$$

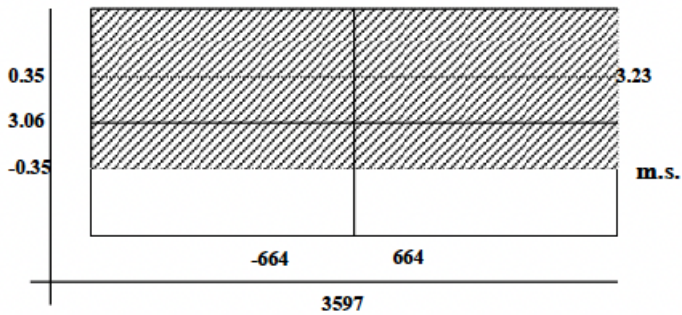
$$RSx = 0.25 \times 0.50 (3909.0 - 3596.8)$$

$$RSx = 39.0$$

Valor Económico, es el costo por incremento de unidad de la característica seleccionada.

Animales seleccionados en base al porcentaje de grasa.

N° vaca	Grasa/%
10	4.00
3	3.20
1	3.19
8	3.10
9	3.08
4	3.05
6	3.00
Media	3.023
Desviación	0.35



$$R_{sy} = h^2 Ve.(D_s)$$

$$R_{sy} = 0.35 (1) (3.23 - 3.04)$$

$$R_{sy} = 0.057$$

$$R_{Sxy} = \frac{R_{Sx} + R_{Sy}}{2} \longrightarrow R_{Sxy} = \frac{39 + 0.057}{2} = 19.53$$

### 20.4.2. Niveles Independientes de Descarte (NID)

Los niveles independientes de descarte, ubica estratos de selección aquellos animales que cumplen los niveles, para dos características de elección. Este método evalúa el mérito individual de la característica. Si seleccionamos una población pequeña de animales, utilizaremos la desviación y la media, con el fin de agrupar más individuos (Simm, 1998).

21: Fórmula de Niveles Independientes de Descarte

$$NID = \mu - \delta \quad (\text{Ec.26})$$

*NID* = Niveles Independientes de Descarte

$\mu$  = Medias

$\delta$  = Desviación Estandart

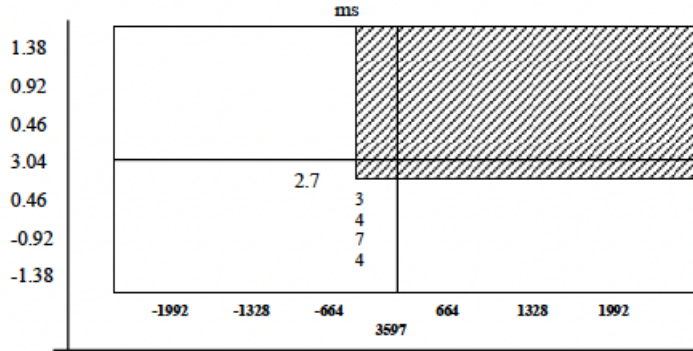
**Ejemplo 37.** Los niveles independientes de descarte para producción de leche y porcentaje de grasa.

$$NID = 3596.8 - 664 = 2933.0 \text{ Producción de leche (kg)}$$

$$NID = 3.04 - 0.46 = 2.580 \text{ porcentaje de grasa (\% )}$$

N° vaca	Pdn Leche/ kg	Grasa/%
1	3558	3.19
2	4336	2.90
3	2254	3.20
4	4433	3.05
5	3452	2.15
6	3998	3.00
7	4067	2.70
8	3500	3.10
9	3470	3.08
10	2900	4.00
Media	3596.8	3.04
Desviación	664.0	0.46





$$RSx = h^2.Ve.(DS)$$

$$RSx = 0.25 \times 3 \times (3909 - 3597)$$

$$RSx = 234$$

$$RSy = h^2.Ve.(DS)$$

$$RSy = 0.3 \times 1 \times (3.00 - 3.04)$$

$$RSy = -0.12$$

$$RSxy = 234 - (-0.12)$$

$$RSxy = 233.988$$

### 20.4.3. Índices de Selección (INDEX)

El Índice, es un método eficiente de selección, debido a que evalúa el mérito genético total del individuo, el valor económico de los caracteres, por cada unidad de incremento de este carácter. El Índice busca obtener niveles altos de correlación con un mínimo de varianza (Simm,1998).

Para calcular el Index, se requiere la siguiente información:

- a. El peso del carácter requiere el valor económico neto.
- b. La heredabilidad para los caracteres.
- c. Las correlaciones genéticas y fenotípicas entre caracteres.

22: Frómula del Índice

$$I = b_1 X_1 + b_2 X_2 + b_3 X_3 + \dots + b_n X_n \quad (\text{Ec. 27})$$

$I$  = Índice

$b_i$  = Peso del carácter

$x_i$  = El carácter

**20.4.3.1. Cálculo del Index**

Este método multicaracter que mas se aplica en selección, ajusta varios caracteres a un solo valor, que es designado valor de índice, el cual permite seleccionar los mejores animales con el valor fenotípico, valor de cría estimado y mérito económico para cada carácter. (Mrode, 2005).

23: Ecuación matricial

$$b_1 \sigma_{x1}^2 + b_2 Cov_{x1 x2} = v_1 \sigma_{G1}^2 + v_2 Cov_{G1G2}$$

$$b_2 Cov_{x1 x2} + b_2 \sigma_{x1}^2 = v_2 \sigma_{G1G2}^2 + v_2 \sigma_{G2}^2$$

$$\begin{vmatrix} \sigma_{x1}^2 & Cov_{x1 x2} \\ Cov_{x1 x2} & \sigma_{x1}^2 \end{vmatrix} \begin{vmatrix} b_1 \\ b_2 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} \sigma_{G1}^2 & Cov_{G1G2} \\ Cov_{G1G2} & \sigma_{G1}^2 \end{vmatrix} \begin{vmatrix} V_1 \\ V_2 \end{vmatrix} \quad (\text{Ec. 27})$$

Fórmula de índice de selección con Coeficientes de regresión para cada carácter, se aplica para cada animal.

$$I_1 = b_{11} X_1 + b_{12} X_2$$

$$I_2 = b_{12} X_1 + b_{22} X_2$$

$$I_3 = b_{13} X_1 + b_{23} X_2$$

$$I_4 = b_{14} X_1 + b_{24} X_2$$

**Ejemplo 38.** Considerando el caso especial en los caracteres en el objetivo son los mismos en el índice de selección, calcule las matrices P, G y C para la siguiente información de caracteres medidos en los candidatos a selección.

	PCE	PVL	PDF		PCE	PVL	PDF
Promedio	35	2.4	20	PCE	0.3	0.13	
CV	0.1	0.15	0.08	PVL	0.2	0.2	
VER\$ = a	2.0	140.0	-34.0	PDF	0.1	0.25	
Heredabilidad	0.4	0.4	0.5	Correlaciones fenotípicas sobre la diagonal			
Desviación estándar	3.5	0.36	1.6	Correlaciones genéticas debajo la diagonal			

**Datos proporcionados por el Dr. Joaquín Mueller.**

PCE= Peso corporal a la esquila, PVL= Peso vellón limpio, PDF= Promedio de diámetro de fibra y CV= Coeficiente de variación fenotípica.

**a. Cálculo de la matriz P**

**Varianzas fenotípicas:**

$$\sigma^2_{PPCE} = 12.25 \quad \sigma^2_{PPVL} = 0.1296 \quad \sigma^2_{PPDF} = 2.56$$

**Covarianzas fenotípicas:**

$$\sigma_{PPCE, PPVL} = 0.3 * 3.5 * 0.36 = 0.378$$

$$\sigma_{PPCE, PPDF} = 0.13 * 3.5 * 1.6 = 0.728$$

$$\sigma_{PPVL, PPDF} = 0.2 * 0.36 * 1.6 = 0.1152$$

$$P = \begin{bmatrix} \sigma^2_{PPCE} & \sigma_{PPCE, PPVL} & \sigma_{PPCE, PPDF} \\ \sigma_{PPVL, PPCE} & \sigma^2_{PPVL} & \sigma_{PPVL, PPDF} \\ \sigma_{PPDF, PPCE} & \sigma_{PPDF, PPVL} & \sigma^2_{PPDF} \end{bmatrix}$$

$$P = \begin{bmatrix} 12.25 & 0.378 & 0.728 \\ 0.378 & 0.1296 & 0.1152 \\ 0.728 & 0.1152 & 2.56 \end{bmatrix}$$

**b. Cálculo de la matriz C:**

**Varianza genética Aditivas      Desviación estándar aditiva**

$$\sigma^2_{g_{PCE}} = 0.4*(3.5)^2 = 4.9 \qquad \sigma_{g_{PCE}} = \sqrt{4.9} = 2.2136$$

$$\sigma^2_{g_{PVL}} = 0.4*(0.36)^2 = 0.05184 \qquad \sigma_{g_{PVL}} = \sqrt{0.05184} = 0.2277$$

$$\sigma^2_{g_{PDF}} = 0.5*(1.6) = 0.0644 \qquad \sigma_{g_{PDF}} = \sqrt{1.28} = 1.1314$$

**Covarianzas genéticas**

$$\sigma_{g_{PCE},g_{PVL}} = 0.2*2.21136*0.2277 = 0.1008$$

$$\sigma_{g_{PCE},g_{PDF}} = 0.1*2.21136*1.1314 = 0.2504$$

$$\sigma_{g_{PVL},g_{PDF}} = 0.25*0.2277*1.1314 = 0.0644$$

$$P = \begin{bmatrix} \sigma^2_{g_{PCE}} & \sigma_{g_{PCE},g_{PVL}} & \sigma_{g_{PCE},g_{PDF}} \\ \sigma_{g_{PVL},g_{PCE}} & \sigma^2_{g_{PVL}} & \sigma_{g_{PVL},g_{PDF}} \\ \sigma_{g_{PDF},g_{PCE}} & \sigma_{g_{PDF},g_{PVL}} & \sigma^2_{g_{PDF}} \end{bmatrix}$$

$$P = \begin{bmatrix} 4.9 & 0.1008 & 0.2504 \\ 0.1008 & 0.5184 & 0.0664 \\ 0.2504 & 0.0664 & 1.28 \end{bmatrix}$$

**c. Cálculo de la matriz G:**

Dado que:  $\sigma_{p_{PCE},g_{PCE}} = \sigma^2_{g_{PCE}}$       y       $\sigma_{p_{PVL},g_{PCE}} = \sigma_{g_{PVL},g_{PCE}}$

$$P = \begin{bmatrix} \sigma^2_{g_{PCE}} & \sigma_{g_{PCE},g_{PVL}} & \sigma_{g_{PCE},g_{PDF}} \\ \sigma_{g_{PVL},g_{PCE}} & \sigma^2_{g_{PVL}} & \sigma_{g_{PVL},g_{PDF}} \\ \sigma_{g_{PDF},g_{PCE}} & \sigma_{g_{PDF},g_{PVL}} & \sigma^2_{g_{PDF}} \end{bmatrix}$$

$$P = \begin{bmatrix} 4.9 & 0.1008 & 0.2504 \\ 0.1008 & 0.5184 & 0.0664 \\ 0.2504 & 0.0664 & 1.28 \end{bmatrix}$$

$$I = bX_{PCE+} + bX_{PVL+} + bX_{PDF}$$

$$I = 0.5593X_{PCE+} + 53.1014X_{PVL-} + 15.8311X_{PDF}$$

## 21. Progreso Genético

La respuesta a la selección es medida a través de la ganancia genética o incremento genético, este puede ser positivo o negativo.

$$\Delta G = h^2 (P_s - P_p)$$

$\Delta G$  = Progreso Genético

$h^2$  = Heredabilidad

$(P_s - P_p)$  = Diferencial de selección

$P_s$  = Promedio de los animales seleccionados

$P_p$  = Promedio de la población

$$(1) D_s = (P_s - P_p) \quad (2) D_s = i\sigma_x$$

También se lo puede definir en relación del valor de cría estimado de los padres seleccionados:

$$VEC = \frac{(VCE_{padre} + VCE_{madre})}{2}$$

### 21.1. Intensidad de Selección

La intensidad de selección es la magnitud o fuerza que aplicamos en la presión de selección, por lo tanto, a mayor cantidad de animales seleccionados la intensidad de selección será baja, mientras si seleccionamos pocos animales será mayor. La intensidad es igual a la relación entre el diferencial de selección y la desviación estándar fenotípica (Turner et al. 1989).

24: Fórmula del progreso genético

$$\Delta G = h^2 \cdot i \cdot \sigma_p \quad (\text{Ec.28})$$

$$i = (Ps - Pp) / s = S / sp$$

$i$  = Intensidad de selección

$S$  = Diferencial de selección

$\sigma_p$  = Desviación estándar fenotípica

Es importante determinar que a mayor presión de selección el progreso genético es mayor.

Calculámos con la siguiente fórmula:

**Ejemplo 39.** Calcular progreso genético en bovinos para peso al nacimiento y destete para: machos y hembras.

Machos		Hembras	
Peso nacimiento	Peso destete	Peso nacimiento	Peso destete
105	239	140	260
135	250	145	280
215	340	220	365
280	430	285	440
325	580	192	352
205	330	186	325
180	315	125	288
225	392	119	218
152	270	160	307
135	280	135	360

Media = 183.20

Desviación = 59.14

$P_s$  = hembras 60% machos 20%

$$P_s H = 160, 145, 220, 285, 192, 186 = 1188.00 \text{ g}$$

$$P_s M = 325 + 280 = 605 \text{ g}$$

$$P_s = 1188 + 605/8 = 224.13$$

$$P_s = 224.13 \quad P_p = 183.20$$

$$D_s = (P_s - P_p)$$

$$D_s = (224.13 - 183.20)$$

$$D_s = 40.93$$

$M_s$  = Mínimo selectivo es el valor de los animales para entrar al grupo de los seleccionados

$$\Delta G = h^2(P_s - P_p)$$

$$\Delta G = 0.10(224.13 - 183.20)$$

$$\Delta G = 4.09$$

Si seleccionamos seis hembras y dos machos, vamos a incrementar en 4.09 g en el peso al nacimiento.

$$\frac{\Delta G}{T} = \frac{4.09}{1} = 4.09$$

$T$  = Intervalo generacional

$$\Delta P_p = P_p - \Delta G$$

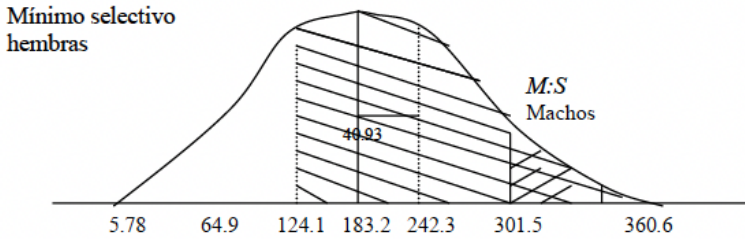
$$\Delta P_p = 183.20 + 4.09$$

$$\Delta P_p = 187.29$$

$$i = (P_s - P_p)$$

$$i = 224.13 - 181.85$$

$$i = 61.7 \text{ o } 62\% \text{ de selección}$$



$$P_{\text{WDT}} = 326.65 \text{ g}$$

$$sx = 85.26 \text{ g}$$

$$PsH = 365, 440, 352, 325, 288, 307 = 346.16$$

$$PsM = 580, 430 = 505$$

$$\text{Promedio general} = 425.58$$

$$Ds = 425.58 - 326.05$$

$$Ds = 99.53$$

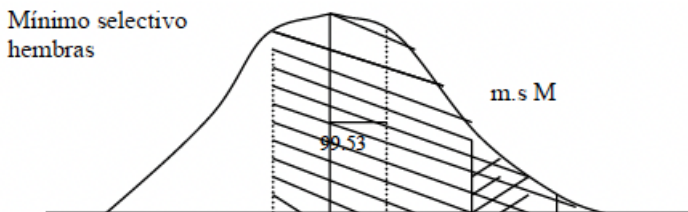
$$\Delta s = 0.15(425.58 - 326.05)$$

$$\Delta s = 14.93$$

Las seis hembras va incrementar en 14.93 g en el peso al destete

$$\frac{Rs}{T} = \frac{14.93}{1} = 14.93$$

$$i = 99.53$$





## 21.2. Intervalo de Generación (IG)

Es la edad promedio que tienen los padres cuando los hijos nacen, permite determinar el porcentaje de reposición de machos y hembras, es importante realizarlo anualmente en lugar de evaluar por generación (Simm, 1998).

$$\Delta G / \text{año} = \frac{h^2 (S)}{T} \quad D_s = S$$

T= Intervalo generacional año

**Ejemplo 40.** En una hacienda lechera que tiene 100 vaquillas, se requiere determinar el intervalo generacional.

Número de vaquillas	Edad de la Madre
14	2
20	3
32	4
16	5
12	6
4	7
2	8

Número de vaquillas	Edad del Padre
32	3
60	4
8	5

**Intervalo Generacional de la Madre.**

$$\frac{(14*2) + (20*3) + (32*4) + (16*5) + (12*6) + (4*7) + (2*8)}{100} = 4.1$$

**Intervalo Generacional del Padre.**

$$\frac{(32*3) + (60*4) + (8*5)}{100} = 3.8$$

$T_{\text{madre-padre}} = 4.1 + 3.8 / 2 = 4 \text{ años}$

**22. Pruebas de Progenie**

Las pruebas de progenie se realizan en hembras, debido a que la mayor parte de los caracteres de interés se expresan en ellas: producción de leche, proteína, grasa, células somáticas. Se ejecuta en la explotación, donde se va realizar la prueba, en el mismo hato, año y temporada. (Schaeffer,1999).

**22.1. Modelos Bayesianos para Proyectar el Valor Genético**

25: Ecuación Bayesiana para la diferencia predecible (DP)

$$DP = \frac{\sum W_i * h^2}{4 + (\sum W_i - 1) h^2 + 4[\sum n_i (n_i - 1)] C^2} R[(D - HM) + 0.1(HM - Br)]$$

$N$

(Ec. 29)

$W_i$  = Total d registros

$h^2$  = heredabilidad

$4$  = parentesco del número de animales que vamos a comparar

$n_i$  = # de hijas en c/u de las ganaderías

$C^2$  = Constante por efecto ambiental o error que puede existir = 0.14

$N$  = # total de pedigree o hijas que intervienen en la prueba.

**Ejemplo 41.** Una hacienda tiene 20 vacas del toro Gólden, cada animal tiene un registro. Determinar la diferencia predicha.

$D = 3100$  kg leche

$HM = 3000$  kg

$Br = 2900$  kg de la raza

$$DP = \frac{20 \times 0.25}{4 + (20 - 1)0.25 + \frac{4[20(20 - 1)]0.14}{20}} * 1[(3100 - 3000) + 0.1(3000 - 2900)]$$

$$DP = \frac{5}{4 + 4.75 + 10.64} * 110$$

$DP = 0.26 \times 110 = 28.6$  Litros de leche es la supuesta superioridad de las hijas de ese toro comparadas con la producción de las compañeras del hato y tiene apenas 26% de seguridad.

Ej 20 hijas, 3 registros, cual es la diferencia predicha.

$$DP = \frac{60 \times 0.25}{4 + (60 - 1)0.25 + \frac{4[20(20 - 1)]0.14}{20}} * 1[(3100 - 3000) + 0.1(3000 - 2900)]$$

$$DP = \frac{15}{4 + 14.75 + 10.64} \times 110$$

$DP = 0.51 \times 110 = 56.14$  Kg de leche es la superioridad de las hijas de ese toro comparadas con la producción de las compañeras de hato con el 51% de seguridad.

Altos valores de la DP se utilizan en las mejoras de las vacas

Valores moderados de la DP se utilizaran en vacas de media producción

Bajos valores de la DP se utilizaran en vacas primerizas y/o con problemas.

## 23. Mejoramiento de Ganado Lechero

La producción de leche es un carácter limitado por el sexo. La evaluación del hato para mejorar sus características con los métodos de elección, medidos en sus hijos, además de la intensidad de selección, con valores genéticos de los caracteres que se quieren mejorar. Se deben considerar parámetros productivos: Edad de la vaca duración de la lactancia, N° de ordeños, días no productivos; también parámetros reproductivos: Servicios por concepción, intervalo entre partos, días abiertos (Simm, 1998).

### 23.1. Etapas de un Programa de Mejoramiento Genético

1. Definición de los objetivos de selección.
2. Elección de los criterios de selección.
3. Organización de servicios de registros de genealogía y producción.
4. Elección de los mejores animales.
5. Uso de los animales seleccionados.

### 23.2. Parámetros para Modelos de Estudio Lechero

La ecuación en función del valor de cría (V:C) para estimar los parámetros en modelos de estudio lechero es:  $VC(BW) = v_c \text{ volumen leche} \times v_e \text{ leche} + v_c \text{ grasa} \times v_e \text{ grasa} + v_c \text{ proteína} \times v_e \text{ proteína} + v_c \text{ peso vivo} \times v_e \text{ peso vivo} + v_c \text{ longevidad} \times v_e \text{ longevidad}$ . El valor de cría (VC) de la progenie es el promedio y de los padres, el promedio de VC de los "toros del día", el incremento promedio de VC, Tasas de reemplazo: 15, 20 y 25%. (Schaeffer, 1999).

### 23.3. Selección de Hembras

#### 23.3.1. La Más Probable Habilidad de Producción (MPHP)

Es una medida que predice el posible comportamiento productivo de una hembra en la progenie, en base a la repetibilidad. Se utiliza para bajar el error medio ambiental y descartar hembras.

26: Fórmula de la más probable habilidad de producción

$$MPHP = X_{\text{hato}} + R (X_{\text{vaca}} - X_{\text{hato}}) \quad (\text{Ec. 30})$$

$X_{\text{hato}}$  Promedio del hato

$X_{\text{vaca}}$  Promedio de la vaca

### 23.3.2. Valor Genético de la Hembra (VGH)

El valor genético de una vaca establece que: los caracteres se heredan de manera aditiva, consideran como mínima la interacción genotipo ambiente, no debe existir consanguinidad, los valores fenotípicos son aleatorios.

27: Fórmula del valor genético de la hembra

$$VG = \frac{n \cdot r}{1 + (n-1)r} \cdot (X_{\text{vaca}} - X_{\text{hato}}) \quad (\text{Ec.31})$$

VG= valor genético de la hembra

$r$  = Repetibilidad

$n$  = Número de registros

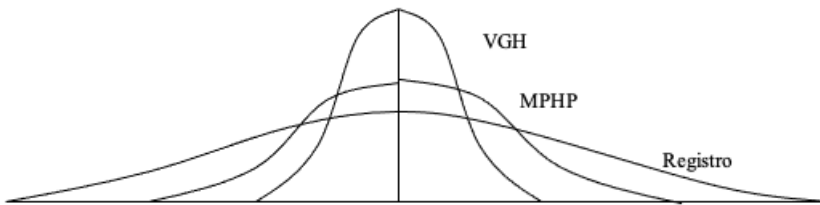


Figura 10. Valor genético de la hembra

**Ejemplo 42.** Calcule la producción acumulada de tres vacas utilizando los valores tabulares, con los siguientes datos:

**a. Ajustar a 305 días**

1. Producción 1840.8 Kg, días lactancia 123
2. Producción 1702.6, días de lactancia 89
3. Producción 4944, días de lactancia 336

**b. PDN Ajustada = (Producción lactancia (litros)/ No de días de lactancia) \* 305**

1. (1840.8 kg / 123) \*305= 4564.58
2. (1702.6 kg / 89) \*305 = 5834.75
3. (4994.3 kg /336) \*305 = 4533.52

Producción/mes/longitud de lactancia para comportamientos: Lineal.

Días lactancia	Leche/mes
X	Y
30	486.4
60	512.3
90	528.2
120	481.9
150	470.2
180	425.9
210	360.0
240	344.1
270	293.8
300	242.2
330	230.8
Regresión	
b=0.111	

**Regresión lineal**

*Lineal.  $P_{aj} = \text{Producción acumulada} + b (305 - X_i)$*

$$Pa_{(1)} = 1840.8 + (0.111)(305 - 123) = 1861.00$$

$$Pa_{(2)} = 1702.6 + (0.111)(305 - 89) = 1726.58$$

$$Pa_{(3)} = 4944.3 + (0.111)(305 - 336) = 4940.86$$

## **24. Mejoramiento Ganado de Carne**

El mejoramiento genético se realiza con los mejores animales que estén adaptados a las condiciones ambientales de la finca, lo cual se logra con una evaluación objetiva de los registros de: Producción de carne, pesos al destete, intervalo entre partos etc. Los aspectos importantes que influyen son: Bases genéticas del mejoramiento animal, métodos de selección y descarte y el tipo de selección más adecuado (Wilton, et al. 2010)

### **24.1. Objetivos de Mejoramiento**

1. Determinar la importancia que tiene el mejoramiento de los parámetros productivos en bovinos de carne que influyen en la economía del ganadero.
2. Identificar las razas a ser consideradas en un programa de mejoramiento.
3. Establecer los principales aportes de las razas que intervienen en los cruces.

Para el mejoramiento existen dos métodos: Selección y cruzamiento, Ellos son independientes y por lo tanto al hacer cruzamientos se debe continuar con la selección (Mrode, 2005).

### **24.2. Principales Rasgos a Mejorar**

Las características en las cuales se puede obtener un mayor nivel de vigor híbrido o heterosis son:

Supervivencia del hato, fertilidad, supervivencia hasta la edad adulta, porcentaje de terneros nacidos vivos, peso al nacimiento, peso al destete, ganancia de peso post-destete, porcentaje de destetados, eficiencia alimenticia, tasa de crecimiento (Mrode, 2005).

## 24.3. Características de Importancia Económica

### 24.3.1. Fertilidad

Eficiencia, Reemplazo y % de terneros destetados

28: Fórmula para el cálculo terneros destetados (TD)

$$\%TD = \frac{N^{\circ} \text{ Terneros destetados}}{N^{\circ} \text{ Vacas paridas}} \cdot 100 \quad (\text{Ec.32})$$

### 24.3.2. Habilidad Materna

La habilidad materna, se refiere a la capacidad maternal de las hembras de criar sus hijos con una adecuada producción láctea para el destetarlos con mayores pesos.

29: Fórmula para la Eficiencia del Hato (EH)

$$EH = \frac{\text{Peso terneros destetados}}{N^{\circ} \text{ Vacas expuestas al toro}} \cdot 100 \quad (\text{Ec.33})$$

30: Fórmula de Peso Ajustado (PA)

$$PA = \text{Peso Nacimiento} + \frac{(\text{Peso destete} - \text{Peso nacimiento}) \cdot 180 \text{ días}}{\text{Edad destete}(\text{días})} \quad (\text{Ec.34})$$

### 24.3.3. Crecimiento Post Destete

31: Fórmula de Peso al año corregido P(AC)

$$P(AC) = \text{Peso actual} - \frac{(\text{Peso nacimiento} \cdot 365) + \text{Peso nacimiento corregido}}{\text{Edad}(\text{días})} \quad (\text{Ec.35})$$

**Ejemplo 43.** En la hacienda “El Nogal”, con la siguiente información se requiere seleccionar ocho vacas y cuatro terneros.



N° Vaca	Edad Vaca Meses	Peso Nacimiento Kg	Edad /destete Dias	Peso/destete kg
1	30	40	195	175
2	74	47	200	240
3	60	45	310	245
4	29	39	205	200
5	40	42	180	190
6	80	47	225	250
7	62	44	190	205
8	45	42	210	210
9	32	40	230	215
10	55	43	190	230
11	72	46	240	260
12	58	43	196	203

Regresión	A	b	R
Lineal	34.94	0.15	0.98
Exponencial	3.57	0.0036	0.98

### 1. Ajustamos Peso al Nacimiento. (PNA)

PAN = Peso Nacimiento + b(Edad promedio – Edad individual)

PN+b(EP-EI)=PAN		
1	$40+0.15(54 - 30)$	=43.60
2	$47+0.15(54 - 74)$	=44.00
3	$45+0.15(54 - 60)$	=44.10
4	$39+0.15(54 - 29)$	=42.75
5	$42+0.15(54 - 40)$	=43.20
6	$47+0.15(54 - 80)$	=43.10
7	$44+0.15(54 - 62)$	=42.80

8	$42+0.15(54 - 42)$	=43.35
9	$40+0.15(54 - 32)$	=43.30
10	$43+0.15(54 - 55)$	=42.85
11	$46+0.15(54 - 72)$	=43.30
12	$43+0.15(54 - 58)$	=42.40

**2. Peso al Ajustado al Destete. (PAD)**

$$\text{PAD} = \frac{\text{Peso Destete} - \text{Peso Nacimiento}}{\text{Edad / días}} \times 205 + \text{Peso Nacimiento Ajustado}$$

$$\text{PD} - \text{PN} / \text{Edad} \times 205 + \text{PNA} = \text{PAD}$$

1	$[(175 - 40)/195] \times 205 + 43.60$	=185.52
2	$[(240 - 42)/200] \times 205 + 44.00$	=241.83
3	$[(245 - 45)/310] \times 205 + 44.10$	=187.35
4	$[(200 - 39)/205] \times 205 + 42.75$	=203.75
5	$[(190 - 42)/180] \times 205 + 43.20$	=211.76
6	$[(250 - 47)/225] \times 205 + 43.10$	=228.05
7	$[(205 - 44)/190] \times 205 + 42.80$	=216.61
8	$[(210 - 42)/210] \times 205 + 43.35$	=207.35
9	$[(215 - 40)/230] \times 205 + 43.30$	=199.28
10	$[(230 - 43)/190] \times 205 + 42.85$	=244.61
11	$[(260 - 46)/240] \times 205 + 43.30$	=226.01
12	$[(203 - 43)/196] \times 205 + 42.40$	=209.75
Media	43.25	=212.75
Desv.	0.52	5.55

**Probable Habilidad de Producción (PHP)**

$$\text{HPPV} = X_{\text{hato}} + R(X_{\text{ind}} - X_{\text{hato}})$$

$$X_{\text{hato}} + R(X_{\text{ind}} - X_{\text{hato}}) = \text{HPPV}$$

1	$212.60 + 0.4(185.52 - 212.60)$	=201.77
2	$212.60 + 0.4(241.83 - 212.60)$	=224.29
3	$212.60 + 0.4(187.35 - 212.60)$	=202.50
4	$212.60 + 0.4(203.75 - 212.60)$	=209.06
5	$212.60 + 0.4(211.76 - 212.60)$	=212.26
6	$212.60 + 0.4(228.05 - 212.60)$	=218.78
7	$212.60 + 0.4(216.51 - 212.60)$	=214.16
8	$212.60 + 0.4(207.35 - 212.60)$	=210.50
9	$212.60 + 0.4(199.28 - 212.60)$	=207.27
10	$212.60 + 0.4(244.61 - 212.60)$	=225.40
11	$212.60 + 0.4(226.01 - 212.60)$	=218.00
12	$212.60 + 0.4(209.75 - 212.60)$	=211.46

Seleccionamos ocho vacas de mejor rendimiento.

N°	PHP
2	224.29
5	212.26
6	218.78
7	214.16
8	210.50
10	225.40
12	211.46
11	218.00

Seleccionamos 4 terneros según **NID**

$$43.23 - 0.52 = 42.73$$

$$212.60 - 5.55 = 205.05.$$

N°	Peso Nacimiento	Peso Destete
2	44.00	224.29
11	43.30	226.01
6	43.10	228.06
10	42.85	244.61

## 25. Mejoramiento de Ganado Porcino

El mejoramiento genético en ganado porcino dependerá en gran medida de la heredabilidad ( $h^2$ ) del carácter. Las heredabilidades de media a alta (> 20 %) responden mejor a la selección, mientras tanto las bajas responden bien al cruzamiento. La combinación de selección más cruzamiento pueden resultar beneficiosos en algunos casos.

La selección consiste en escoger a los animales que se reproducirán, con el incremento de la frecuencia de los genes favorables, además se sustenta en la variabilidad genética de la población (Dekker's, 2004).

### 25.1. Heredabilidad de Características Reproductivas y Productivas

1. Tamaño camada al nacimiento y destete: 0.10
2. Peso lechones al nacimiento: 0.15
3. Peso lechones a los 21 días: 0.25
4. Edad a la pubertad: 0.25
5. Tasa ovulación: 0.40
6. Velocidad de crecimiento y conversión de alimentos: 0.30

## 25.2. Correlación Genética

La correlación genética afecta la tasa de respuesta a la selección, las correlaciones favorables traerán consigo una respuesta positiva a la mejora de dos características simultáneamente.

Ejemplo: incremento de la velocidad de crecimiento, provoca un incremento de grasa en infiltración de la carne (Simm, 1998).

## 25.3. Número de Caracteres a Seleccionar

A mayor número de caracteres a mejorar simultáneamente, menor tasa de mejora de cada una de ellas. Debemos tener en cuenta las correlaciones genéticas y el beneficio económico total (Weller, 1994).

### 25.3.1. Requisito de los Caracteres

1. Importancia económica
2. Heredable
3. Posible de ser medido con precisión
4. Preferentemente correlacionado con otras características de importancia económica

Tabla 6. Exactitud de la selección por progenie y fenotípica individual.

Rasgos	Valor unitario, \$	Respuesta	Valor de la respuesta, \$
Dos características	0.17/día	- 4.25 días	
Velocidad	1.04/.1 pulg.	- 0.002 pulg.	0.72
crecimiento			0.002
Grasa dorsal.			\$ 0.72/cerdo
Tres características			
Velocidad			0.64
crecimiento	0.17/día	- 3.75 días	0.001
Grasa dorsal	1.04/.1 pulg.	- 0.001 pulg.	0.51
Nacidos vivos	15.5/cerdos/camada	0.29 cerdos/camada	\$ 1.15/cerdo

## 25.4. Índices de Productividad de la marrana

Provee información de la productividad de la marrana: prolificidad y producción de leche.

32: Fórmula de Índice Productividad Marrana (**IPM**)

$$IPM = 100 + 6.5(L) + W \quad (\text{Ec.36})$$

**L** : lechones nacidos vivos

**W** : peso ajustado camada 21 días

### 25.4.1. Índice Línea Maternal

Es usado para seleccionar verracos que producirán marranas para reemplazo

33: Fórmula Índice Línea Maternal

$$ILM = 100 + 6(L) + 0.4(W) - 1.6(D) - 81(B) \quad (\text{Ec.37})$$

**D**: Edad para llegar a los 115 kg de peso vivo

**B**: grasa dorsal a los 115 kg de peso vivo

### 25.4.2. Índice Línea Terminal

Se usa para seleccionar machos que serán usado en cruces terminales.

$$IT = 100 - 1.7(D) - 168(B)$$

### 25.4.3. Selección Marranas para Reemplazo de la Granja

Ranking marranas en función al “Peso ajustado de la camada a los 21 días,” pre selección (1) 50% más de las requeridas, de camadas cuyas madres ocupen del 20 al 25% superior, manejo adecuado de las preseleccionadas hasta los 140 días. Preseleccionar (2) 20% más de lo requerido, en función a la velocidad de crecimiento y grasa dorsal y selección definitiva (3) después del estímulo de la pubertad temprana (Weller, 1994).

## **26. Mejoramiento en Ganado Ovino**

El establecimiento de programas de mejoramiento genético en ovinos permite incrementar significativamente la producción (Simm, 1998).

### **26.1. Definición de los Objetivos de Selección**

#### **26.1.1. Objetivos General**

Incrementar la rentabilidad económica de lana y carne

#### **26.1.2. Objetivos Específicos**

Aumentar la producción de lana y carne por unidad animal

### **26.2. Elección de los Criterios de Selección**

#### **Lana:**

Peso de vellón limpio.

Diámetro promedio de fibra.

#### **Carne:**

Pesos vivos: al nacimiento, al destete y al beneficio.

Conformación muscular

### **26.3. Evaluación Visual**

Descarte de defectos de vellón, descarte de defectos congénitos, estándar de la raza

Conformación Muscular y Verificación de pesos.

### **26.4. Prueba de Rendimiento**

La prueba de rendimiento con el método Neale, se lo realiza mediante la formación de grupos de ovinos de acuerdo a la producción, este sistema de mejoramiento es práctico porque seleccionamos todos los carneros y las madres de un rebaño, para identificar los mejores ejemplares adaptados al medio y superiores en los caracteres económicos (Simm, 1998).

## 26.5. Estructura Genética

La estructura genética es la organización de elementos en secuencia:

### 26.5.1. Núcleo Abierto

1. Elegir un buen plantel proveedor de carneros
2. planteles que persigan el mismo objetivo
3. planteles sujetos a un plan de mejora eficiente y prolongado
4. plantel con muchas ovejas seleccionadas de acuerdo a los intereses del programa

## 26.6. Tamaño Efectivo(Ne)

34: Fórmula tamaño efectivo del hato

$$Ne = 4 M * H * L / (M + H) \quad (\text{Ec.38})$$

El tamaño efectivo (Ne) de una población se calcula en base al número de carneros (M) y ovejas (H) de reemplazo que se utilizan anualmente en ellas y el intervalo generacional (L) o edad promedio de los padres.

## 26.7. Principales Cruzamientos

Corriedale x criollo =  $\frac{3}{4}$  Corriedale  $\frac{1}{4}$  Criollo

Ramboulet x Corriedale =  $\frac{3}{4}$  ramboulet  $\frac{1}{4}$  Corriedale

Milkchaf x Ramboulet = MR (marcador)

### Recomendaciones a los productores:

- a. Tener claros los objetivos productivos y de selección
- b. Elegir carneros por datos objetivos
- c. Selección de hembras ( las mas productivas)
- d. Ser perseverante con el plan de selección, diseñado para lograr los objetivos.



# Bibliografía

- Cardellino & Robira. (1987) *Mejoramiento Genético Animal*. Editorial Mac Graw Hill, 4<sup>ta</sup> Ed. España.
- Dekker's, J., Gibson M., Bijma, P, & Van Arendonk, J. (2004). *Design and optimization of Animal breeding programs*. Iowa State University.
- Falconer, D. S. & Mackay, T.F.C. (1996). *Introduction to quantitative genetics*. 4th ed. Harlow: Addison Wesley Longman Limited.
- Falconer, D. S. (1998). *Quantitative genetics in animal breeding*. 6<sup>ta</sup> ed. Longman.
- FAO. (2010). *Breeding strategies for sustainable management of animal genetic resources*. Animal Production and Health Guidelines No. 3. Rome, Italy.
- Gómez, M., Valera, M., Molina, A., Gutiérrez, J., & Goyache, F. (2009) Assessment of inbreeding depression for body measurements in Spanish purebred (Andalusian) horses. *Livestock Science*. 122.149-155.
- Hohenlohe, W. (1985). *World Animal Science. A basic information. 4. General and quantitative genetics*. Elsevier. Holanda.
- Mendoza, B. (2009). *Apuntes de la cátedra de genética*. Escuela de Ingeniería Zootécnica Facultad de Ciencias Pecuarias. Escuela Superior Politécnica de Chimborazo. Riobamba – Ecuador.
- Mrode, R. A. (2005). *Linear models for the prediction of animal breeding values*. CAB Publishing.
- Puertas, M. J. (2001). *Genética, fundamentos y perspectivas*. Editorial Interamericana. McGraw Hill. Madrid – España.
- Schaeffer, L.R. (1999). *Linear models and computing strategies in animal breeding*. Handout, CGIL, University of Guelph, On, Canada.

- Shaum. (1997). *Genética ejercicios de aplicación*. Tercera Edición. Impreso en México. Stansfield
- Simm, G. (1998). *Genetic Improvement of cattle and sheep*. 1<sup>st</sup> ed. U.K. Farming Press.
- Spike, P. (2009). *Applied animal breeding*. Lab Exercises. Iowa: State University Book Store
- Steel, R., & Torrie, J. (1988). Principios y procedimientos de Bioestadística. Segunda edición. Editorial McGraw Hill/Interamericana de México. México.
- Turner, H. N., & Young, S. (1989). *Quantitative genetics in sheep breeding*. Cornell University Press.
- Weller, J.I. (1994). *Economic aspects of animal Breeding*. Chapman and Hall. London, UK. 244 pp.
- Wilton, J.W., & Quinton, C.D. (2010). *Optimizing animal genetic improvement*. US.





*unl*

Universidad  
Nacional  
de Loja

ISBN-13: 978-9978-355-96-1



9 789978 355961