

MASTER INTERUNIVERSITARIO EN MEJORA GENÉTICA  
ANIMAL Y BIOTECNOLOGÍA DE LA REPRODUCCIÓN

**Estudio de efectos genéticos y  
ambientales de caracteres seminales de  
toros Holstein.**



Tesis de Master  
Valencia, Noviembre, 2009

**D. Mohamed Sofiene Karoui**

Director:

Drs Maria Jesús Carabaño Clara Díaz Martín

DEPARTAMENTO DE PRODUCCIÓN ANIMAL  
Universidad Politécnica de Valencia

# Estudio de efectos genéticos y ambientales de caracteres seminales de toros Holstein

*Autor:*

Mohamed Sofiene Karoui  
Ing. Agrónomo

*Director:*

Maria Jesús Carabaño	Clara Díaz Martín
Dr. Ing. Agrónomo	Dr. Veterenaria

Valencia, 2009

## **Agradecimientos**

Quisiera mostrar mí mas sincero agradecimiento a todas las personas que de una u otra forma me han prestado su apoyo y confianza durante la realización de este trabajo.

En primer lugar quisiera agradecer a mis directoras de este master Drs Maria Jesús Carabaño Luengo y Clara Díaz Martín por sus confianzas, por la gran ayuda que me han prestado siempre, por las conversaciones interesantes de todos los aspectos del presente trabajo.

Un especial agradecimiento al Dr. Roger Cue, profesor de la Universidad de McGill (Montreal Canada) por su apoyo y su ayuda inestimable en integrarme en el tema de la programación Fortran y también el software SAS, tus consejos y tu contribución a este trabajo fue determinante (Thank you Roger).

También quisiera agradecer a todos los compañeros y amigos del departamento de Mejora genética animal del INIA, en especial los Drs. Malena Serrano, Oscar González Recio y Maria Evangelina de Maturana López por sus ayudas y sus consejos para realizar este trabajo.

A su vez quisiera agradecer a Aberekin por la colaboración y facilitar a los datos, especialmente a Idoia por sus claras y rápidas respuestas.

También un agradecimiento a todos los organismos participantes de la primera edición del Master de mejora genética animal y biotecnología de la reproducción, especialmente al IAMZ, UAB y UPV por la gran ayuda y la buena formación que nos han dado que va servirnos seguramente en nuestro futuro profesional, de echo un especial agradecimiento a los Drs Arman Sanchez (UAB), Manolo Baselga y Agustín Blasco (UPV).

Por último, aunque no menos importante, me gustaría agradecer a mis padres por sus apoyos sin límite durante todos los años y por mi parte dedico este trabajo a mis padres y a mis queridas hermanas Faten, Sonia y la pequeña Leila.

## Resumen

El objetivo de este trabajo fue definir y jerarquizar los factores de variación ambientales y de estimar los parámetros genéticos de los caracteres de producción de semen de los toros de la raza Holstein española. En los análisis se utilizó información de un total de 46.438 eyaculados de 502 toros nacidos entre 1980 y 2006 de edades ente 12 y 138 meses. Los caracteres estudiados fueron el volumen (VOL, ml), concentración (CON, millones de espermatozoides/ml), motilidad masal (MM, escala de 0-5), motilidad individual (MI, %) y la motilidad post-congelación (MPC, %). Los factores ambientales definidos fueron año-época de colecta, edad a la colecta, numero de eyaculado, intervalo con la colecta previa, tiempo entre colecta y la congelación (afectando solamente la MPC). Además se estudió el efecto de la consanguinidad del toro. El VOL y la CON han sido los dos caracteres más sensibles frente a los factores ambientales. Sin embargo, las motilidades han demostrado estar menos afectadas por los factores estudiados. A pesar de que el nivel de consanguinidad estimado en la población estudiada (5% de promedio para los toros con dato y 1.9% de promedio para todos los animales de la genealogía) está en el límite superior de los niveles encontrados en otras poblaciones de ganado Holstein, no se observó un efecto importante de depresión consanguínea par ninguno de los caracteres estudiados. Las correlaciones genéticas entre los dos eyaculados han sido fuertes y positivas (0,84-0,94) para todos los caracteres y las heredabilidades de estos caracteres fueron similares, indicando que los dos eyaculados recogidos en una misma fecha de colecta pueden considerarse como medidas repetidas del mismo carácter. Las heredabilidades generalmente han sido moderadas, con excepción de la heredabilidad de la MI (0,04-0,07) que ha sido baja. Para los otros caracteres las heredabilidades han sido, VOL (0,18-0,21), CON (0,13-0,18), MM (0,12-0,13) y MPC (0,20). Las estimas de tendencias genéticas obtenidas a partir de las estimas de valores genéticos aditivos no reflejan cambios importantes del nivel genético de esta población a lo largo del tiempo, si bien sí se han observado tendencias fenotípicas desfavorables para VOL y CON. Las correlaciones genéticas entre las diferentes motilidades (MM, MI y MPC) han sido fuerte y positivas (0,74-0,84), lo mismo entre la concentración y las motilidades (0,49-0,85). Sin embargo VOL presentó unas correlaciones bajas con CON (0,05) y moderadas con el resto (0,15-0,26). Si bien no se ha observado un deterioro importante del nivel genético para los caracteres seminales en esta población, la magnitud de las heredabilidades encontradas hace esperable una selección eficiente de estos caracteres en caso de observarse un deterioro futuro.

## Summary

The aim of this study was to identify and quantify the importance of several sources of environmental variation on semen production traits and to estimate the genetic components associated to them in Spanish Holstein Friesian bulls. Data from 46438 ejaculates collected from 12 to 138 months of age from 502 bulls born between 1980 and 2006 were used in the analyses. The traits under consideration were volume (VOL, ml), concentration (CON, number of spermatozoa/ml), mass motility (MM, 0-5), individual motility (IM, %) and post-thawing motility (PTM, %). The environmental factors studied were year-season of collection, age at collection, ejaculate number, time to previous collection, time between collection and freezing (only for PTM). Bull's inbreeding coefficient was also considered. VOL and CON were more affected by the mentioned environmental factors than the other traits. Despite the fact that the inbreeding level (5% for the animals with records and 1.9% for all animals in the pedigree) was on the upper limit of the values found for other Holstein populations, no significant inbreeding depression was found for any of the traits. Genetic correlation estimates between the two ejaculates collected in the same day were positive and large (0.84-0.94) for all traits and heritability estimates were close for the two ejaculates, indicating that records from two ejaculates collected on the same date can be repeated measures of the same trait. Heritabilities were moderate, except for IM (0.04-0.07) which presented low values. For the other traits heritability estimates were, VOL(0.18-0.21), CON (0.13-0.18), MM (0.12-0.13), PTM (0.20). Estimated genetic trends obtained from estimated breeding values did not show relevant changes of genetic level with time in this population, despite the fact that unfavourable phenotypic trends were observed for VOL and CON. Genetic correlations among traits were large and positive for motilities (0.74-0.84), and also between CON and motilities (0.49-0.85). However, VOL showed low correlations with CON (0.05) and moderate with the rest of the traits (0.15-0.26). Although the genetic level for the routine semen traits has not been deteriorated by the strong selection for production traits in this population, the magnitude of the estimated heritabilities would allow an efficient selection, if it were required in the future.

## Résumé

L'objectif de ce travail été de définir et de hiérarchiser les facteurs de variation environnementaux et d'estimer les paramètres génétiques des caractères de production de semence des taureaux de la race Holstein Espagnol. Dans les analyses s'est utilisé un total de 46438 éjaculats de 502 taureaux nés entre 1980 et 2006 âgés entre 12 et 138 mois. Les caractères étudiés ont été le volume (VOL, ml), concentration (Con, millions d'espermatozoides /ml), motilité massal (échelle 0-5), motilité individuel (MI, %) et la motilité post-congélation (MPC, %). Les facteurs environnementaux définis ont été Année-époque a la collecte, l'âge a la collecte, nombre d'éjaculats, intervalle entre des collectes préalables, temps entre collecte et la congélation (affectant la MPC) et la consanguinité de taureau. Le VOL et la CON ont été les caractères les plus sensibles face aux facteurs environnementaux. Cependant les motilités ont démontré être les moins affectés par les facteurs étudiés. Etant donnée que le niveau de la consanguinité dans la population étudiée (5% de moyenne pour les taureaux produisant les dates et 1.9% de moyenne pour tous les animaux de la généalogie) est dans le limite supérieur des niveaux trouvés dans d'autres populations de la race Holstein, ne s'est observé pas un effet important de la dépression consanguine pour aucun des caractères étudiés. Les corrélations génétiques entre les deux éjaculats ont été fortes et positives (0.84-0.94) pour tous les caractères et les héritabilités de ces caractères ont été similaires, indiquant que les éjaculats collectés dans la même date peuvent être considérés comme des mesures répétées du même caractère. Les héritabilités généralement ont été modérées, à l'exception de la héritabilité de la MI (0.04-0.07) qui a été faible. Pour les autres caractères ont été, VOL (0.18-0.21), CON (0.13-0.18), MM (0.12-0.13) et MPC (0.20). Les estimations des tendances génétiques obtenues à partir des estimations des valeurs génétiques aditifs ne reflètent pas d'importants changements de niveau génétique de cette population au cours du temps, bien que s'est observé des tendances phénotypiques défavorables pour le volume et la concentration. Les corrélations génétiques entre les différentes motilités (MM, MI y MPC) ont été fortes et positives (0.74-0.84), la même chose entre la concentration et les motilités (0.49-0.85). Cependant le volume a présenté des corrélations faibles avec la concentration (0.05) et modérées avec le reste 0.15-0.26). Bien que ne s'est observé pas une détérioration importante du niveau génétique pour les caractères de production de semence dans cette population, la magnitude des héritabilités trouvées indiquent une possibilité de une sélection efficace de ces caractères dans le cas que s'observe un futur détérioration.

<b>Índice</b>	<b>Página</b>
<b>1. Introducción</b>	1
1.1.La fertilidad en el ganado vacuno lechero. Justificación del trabajo	2
1.2.Objetivo del trabajo	3
1.3.Programa de testaje de sementales en ABEREKIN	3
1.4.Caracteres seminales	5
1.4.1. Evaluación de semen	5
1.4.2 Preparación de semen	6
1.4.3 Criterios para el rechazo de eyaculados	7
1.5.Factores que influyen en las características seminales.	9
1.5.1. Factores ambientales no ligados al animal	9
1.5.2. Efectos ligados al animal. Modelización estadística	11
1.5.3. Parámetros genéticos de los caracteres seminales	13
1.6. Asociación entre los caracteres seminales	15
<b>2. Material y Métodos</b>	17
2.1. Bases de datos:	18
2.1.1. Datos de producción de semen:	18
2.1.2. Pedigrí	19
2.2. Análisis de los caracteres seminales	20
2.2.1 Análisis por eyaculado, modelo bi-carácter	22
2.2.2. Modelos unicarácter alternativos para cada uno de los caracteres seminales	23
2.2.3. Análisis de asociación de los caracteres seminales	24
<b>3. Resultados y Discusión</b>	26
3.1. Análisis de datos fenotípicos	27
3.1.1. Descripción general de los datos	27
3.1.2. Análisis de las medias por edad y toro	27

3.1.3. Tendencias fenotípicas	32
3.2. Análisis del pedigrí	34
3.2.1. Estructura de población	34
3.2.2. Consanguinidad	34
3.3. Análisis por eyaculado (análisis bi-carácter)	36
3.4. Resultados de análisis con modelos unicarácter	38
3.4.1. Selección del modelo de análisis	38
3.4.2. Soluciones de los efectos sistemáticos	40
3.4.3. Estimaciones de componentes de varianza y parámetros genéticos	45
3.4.4. Tendencias genéticas	46
3.5. Asociación entre características seminales	47
4.- Conclusiones	49
5.- Referencias bibliográficas	51

<b>Lista de Tablas</b>	<b>Página</b>
Tabla 1.1 Parámetros seminales medios en diferentes especies (Corteel, 1990; Jonson y col., 2000; Leboeuf y col., 2000)	7
Tabla.1.2. Criterios de selección de los eyaculados en el centro de IA Aberekin.	8
Tabla.1.3. Control de la calidad post-congelación en el centro de IA Aberekin	9
Tabla.1.4. Estimaciones de heredabilidades de caracteres seminales de diferentes especies encontradas en la literatura.	14
Tabla.1.5. Estimaciones de correlaciones genéticas entre caracteres seminales de diferentes especies encontradas en la literatura.	16
Tabla 2.1. Presentación de la base de datos de producción seminal	18
Tabla 2. 2. Descripción de la cantidad de datos total de producción de semen.	19
Tabla 2. 3. Descripción de la cantidad de datos de producción de semen por eyaculado.	19
Tabla 2.4. Número total de animales, padres y madres, número de familias de medios hermanos de padre, hermanos completos y número de toros con datos que a su vez son padres de toros en datos en el archivo de pedigrí (Total) y de animales con dato (Datos)	20
Tabla 2.5. Efectos incluidos en los modelos empleados sobre los caracteres seminales además del efecto ambiental permanente y el efecto genético aditivo.	24
Tabla 3.1. Descripción de los datos globales de producción de semen	27
Tabla 3.2. Descripción de los datos de producción de semen por eyaculado	27
Tabla 3.3. Media y desviación típica (DT) de los intervalos generacionales (años) en las cuatro vías de selección	34
Tabla.3.4 Media (%), Desviación Típica (DT, %), Coeficiente de Variación (CV,%), valor mínimo (Min,%) y máximo (Máx,%) del coeficiente de consanguinidad individual	34
Tabla.3.5. Media y desviación típica a posteriori (entre paréntesis) de las varianzas genética aditiva ( $\sigma_g^2$ ), ambiental permanente ( $\sigma_p^2$ ), año-semana de colecta ( $\sigma_{as}^2$ ) y residual ( $\sigma_e^2$ ), heredabilidad ( $h^2$ ) y repetibilidad ( $r^2$ ) de los caracteres seminales asociados a los dos eyaculados	37
Tabla. 3. 6. Medias y desviaciones típicas a posteriori (entre paréntesis) de las correlaciones genéticas (Corrg) y fenotípicas (Corrp) entre eyaculados para cada uno de los caracteres seminales	38
Tabla 3.7. Capacidad predictiva (D) y logaritmo de la densidad marginal (LDM) de los modelos unicarácter comparados.	39

Tabla.3.8. Media y desviación típica a posteriori (entre paréntesis) de las varianzas genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ), ambiental permanente ( $\sigma_{pe}^2$ ), año-semana de colecta ( $\sigma_{as}^2$ ) y residual ( $\sigma_e^2$ ), heredabilidad ( $h^2$ ) y repetibilidad ( $r^2$ ) de los caracteres seminales analizados bajo un modelo unicarácter (MC).	46
Tabla 3.9. Media y desviación típica a posteriori (entre paréntesis) de las heredabilidades y correlaciones genéticas (sobre la diagonal) y fenotípicas (debajo de la diagonal).	48

<b>Tablas de Figuras</b>	<b>Página</b>
Figura 1.1 Programa de testaje de sementales de Aberekin, SA.	4
Figura 1.2. Modelos de evaluación empleados en el análisis de caracteres seminales	12
Figura 3.1. Número de datos por clase de edad (a) y por toro (b) para el carácter volumen del eyaculado.	28
Figura 3.2. Media y desviación típica de los datos de volumen por clase de edad (a) y por toro (b).	29
Figura 3.3. Media y desviación típica de los datos de concentración por clase de edad (a) y por toro (b).	30
Figura 3.4. Media y desviación típica de los datos de motilidad masal por clase de edad (a) y por toro (b).	31
Figura 3.5. Media y desviación típica de los datos de motilidad individual por clase de edad (a) y por toro (b).	31
Figura 3.6. Media y desviación típica de los datos de motilidad post-congelación por clase de edad (a) y por toro (b).	32
Figura 3.7. Medias fenotípicas por año de nacimiento de los toros para los caracteres seminales.	33
Figura 3.8. Número de toros con dato por intervalo de valores del coeficiente de consanguinidad individual ( $F_i$ ). La amplitud del intervalo fue de 0.5 puntos.	35
Figura 3.9. Evolución del promedio del coeficiente de consanguinidad individual ( $F_i$ ) en función del año de nacimiento de los toros con datos (izquierda) y del total de animales en el pedigrí (derecha). Se distingue entre el total de animales de cada caso y animales consanguíneos	36
Figura 3.10. Medias posteriores (MP) asociadas al efecto Año-Estación de colecta para los caracteres estudiados	41
Figura 3.11. Medias posteriores (MP) asociadas al efecto edad a la colecta para los caracteres estudiados	42
Figura 3.12. Medias posteriores (MP) asociadas al efecto Intervalo entre colectas para los caracteres estudiados	43
Figura 3.13. Medias posteriores (MP) asociadas al efecto Número de eyaculado para los caracteres estudiados.	44
Figura 3.14. Medias posteriores (MP) asociadas al efecto Consanguinidad para los caracteres estudiados	45
Figura 3.15 Evolución de las medias de valor genético predicho por año de nacimiento para los caracteres seminales	47

# **1 Introducción**

## **1.1. La fertilidad en el ganado vacuno lechero. Justificación del trabajo**

El interés de los caracteres funcionales ha ido en aumento en el ganado vacuno lechero de cara a obtener una producción sostenible y frenar el eventual deterioro de la funcionalidad. Dicho deterioro es debido a la fuerte selección por producción y a las desfavorables correlaciones genéticas entre producción y 'fitness'. Más concretamente, la importancia de la fertilidad en los esquemas de selección en ganado vacuno lechero ha ido creciendo a lo largo de los últimos años. En un artículo reciente sobre los avances en la globalización y consolidación de la industria de Inseminación Artificial (IA de ahora en adelante) en vacuno en EE.UU., Funk (2006) concluye que la fertilidad es quizás el mayor reto genético y de manejo al que se enfrenta el sector productor de vacuno lechero en ese país y resalta el énfasis adicional en la selección genética que han de poner las organizaciones de IA en este grupo de caracteres.

El interés del sector por los caracteres de fertilidad tiene una justificación doble. Por un lado, unos malos índices reproductivos tienen una repercusión negativa en el rendimiento económico, como consecuencia de unos intervalos entre partos más prolongados, un incremento de los costes derivados de la inseminación artificial y de los costes veterinarios, unas mayores tasas de desecho y por tanto mayores costes de cría. En un estudio reciente sobre datos de explotaciones de ganado Holstein en las CC.AA. Vasca y Navarra, González-Recio y col. (2004) encuentran que por cada inseminación adicional que se requiere para conseguir una concepción y por cada día que se incrementa el intervalo entre partos, el beneficio económico de la explotación disminuye en 55 y 4 € por vaca y año, respectivamente. Por otro lado, la intensa selección por producción a que se ha sometido al ganado vacuno lechero en todo el mundo y el antagonismo genético entre producción y reproducción evidenciado en numerosos estudios (ver, p.ej. Hoekstra y col., 1994; Weller y Ezra, 1997; Roxtröm y col., 2001) ha conducido en los últimos años a un deterioro importante de los índices reproductivos. Como ejemplo, Shook (2006) cita un incremento en el intervalo parto concepción de 24 días desde 1980 en la población Holstein en EE.UU. En la población frisona de la C.A. del País Vasco (CAPV), de la cual proceden los datos con los que se realizará este proyecto se ha observado entre los años 2000 y 2005 que mientras la producción de leche ha aumentado de 8209 kg. a 9166 kg., los caracteres reproductivos han disminuido de forma drástica. Así, el número de inseminaciones por vaca parida ha subido en ese periodo de tiempo de 1,9 a 2,2, el porcentaje de fertilidad en la primera inseminación ha pasado del 52% al 45% y el intervalo parto concepción ha aumentado de 132 a 148 días (González-Recio, 2006).

Los sistemas de valoración genética para caracteres de fertilidad que se emplean actualmente utilizan los resultados de los programas reproductivos (que registran los resultados de las sucesivas IA) y/o del control lechero (intervalos entre partos sucesivos) para estimar únicamente el mérito genético de las hembras. Sin embargo, una parte importante del éxito o fracaso en la reproducción se debe al macho con cuyo semen se insemina. Por lo tanto, se hace evidente la importancia de considerar el componente macho. En ganado vacuno lechero, donde la influencia de la vía macho en la difusión de la mejora genética es muy alta por el elevado porcentaje de IA (superior al 90%) y donde además el valor económico de los sementales es elevado, incidir sobre la fertilidad de los machos es particularmente relevante. Adicionalmente, uno de los principales objetivos de un centro de IA es conseguir una amplia difusión de semen de los mejores toros al menor coste posible. Esto tiene una repercusión tanto en el beneficio de los centros de inseminación como en el progreso genético de toda la población. Para conseguir este doble objetivo un semental adulto debe ser capaz de producir un elevado número de dosis seminales con una buena capacidad fecundante.

En ganado vacuno lechero existen en este momento dos tipos de medidas que se toman de forma más o menos rutinaria y generalizada que pueden ser empleadas para evaluar tanto la fertilidad de las hembras como la capacidad fecundante de los machos. Por una parte, están los parámetros reproductivos medidos en las hembras (obtenidos a partir de las bases de datos del control lechero o, de forma menos mayoritaria, de los resultados de los programas de control reproductivo que almacenan información sobre los resultados de la IA) y por otra parte, las medidas de cantidad y calidad seminal que se toman en los centros de IA. Medir la capacidad fecundante de un toro a través de los resultados de la inseminación parece la forma más directa de determinar la aptitud reproductiva de un toro. Sin embargo, el resultado de la inseminación depende de un elevado número de factores ambientales que no son fácilmente identificables o fáciles de registrar en controles rutinarios, con lo que obtener medidas precisas de la capacidad fecundante de los toros a partir de estas medidas no es trivial. Por otra parte, el uso de las medidas seminales, con una heredabilidad estimada más elevada, puede ayudar a obtener medidas más precisas sobre el componente macho de la fertilidad, si bien la relación entre dichas medidas y la fertilidad no ha sido claramente establecida: Esto se debe principalmente a la dificultad de identificar la pajueta con la que se llevó a cabo la inseminación y, por tanto, no es sencillo relacionar la calidad de la misma, medida a través de la calidad del eyaculado, con el resultado de la inseminación.

Los centros de IA realizan de forma rutinaria controles de cantidad (volumen de eyaculado) y calidad espermática (concentración y motilidad pre y post-congelación), eliminando aquellos animales que presentan alteraciones seminales muy importantes. En algunos casos la eliminación de los toros debido a la selección basada en los caracteres seminales puede alcanzar un 13% de los toros probados (Ducrocq y Humblot, 1997). Asimismo, las dosis seminales se preparan de forma que se alcance una determinada concentración espermática que asegure la capacidad fecundante del semen. Estas prácticas atenúan los problemas de falta de fecundidad en casos extremos, pero no aseguran el éxito de la inseminación en la vía macho. Por otra parte, la eliminación de toros de alto valor genético para los caracteres de interés en el esquema de selección supone unas pérdidas económicas importantes a los centros y la eliminación de individuos mejorantes con la consiguiente repercusión en el progreso genético.

En definitiva, si bien una selección directa por características seminales puede no ser rentable, la monitorización de estos parámetros a través del valor genético de los toros puede ser de interés. Ducrocq y Humblot, (1997) indican que, si fuese necesario se podría llevar a cabo una selección eficiente sobre caracteres seminales, al menos dentro de familias con valores genéticos más desfavorables.

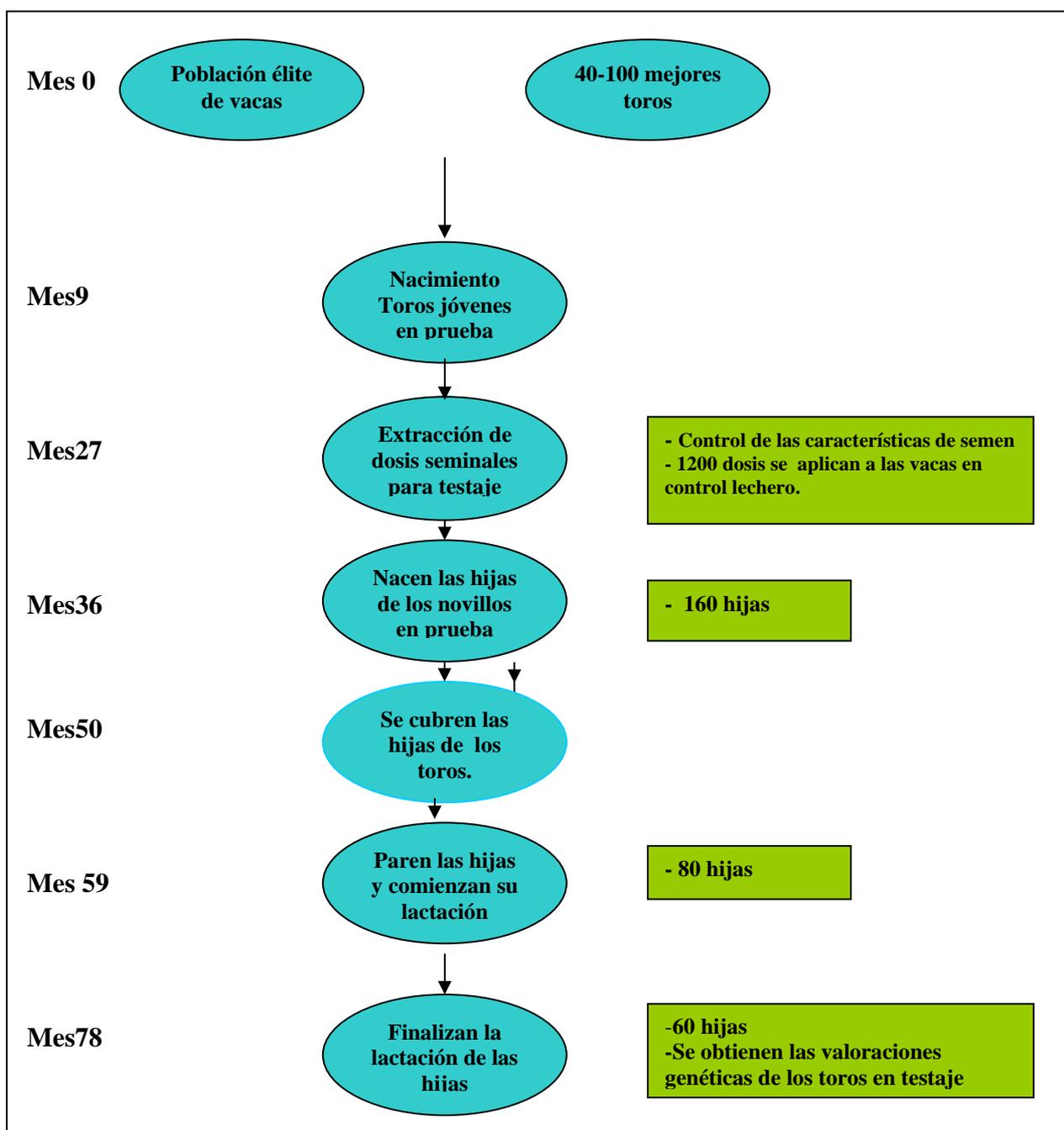
## **1.2. Objetivo del trabajo**

El objetivo del presente trabajo fue el estudio de los caracteres seminales obtenidos rutinariamente en el centro de IA Aberekin, S.A. de toros de raza Holstein. Se pretende determinar los factores ambientales y genéticos asociados a los mismos, así como la mejor forma de modelizar dichos caracteres. Dicha modelización va orientada a la monitorización frente a una posible repercusión adversa de la intensa selección que sobre otros caracteres se ha llevado a cabo en esta raza y a su posible utilización en la selección para mejorar el nivel de fertilidad de la población de hembras.

## **1.3. Programa de testaje de sementales en Aberekin**

El testaje de sementales es el sistema que se utiliza en todo el mundo para detectar cuales son los mejores toros y poder obtener de ellos, por medio de la IA, un gran numero de

descendientes. Este proceso consiste en conocer el valor genético de cada semental, o lo que es lo mismo, saber qué características transmite a sus hijas tanto en producción (cantidad y calidad de leche), como en morfología e incluso más recientemente en aspectos como fertilidad, facilidad de ordeño (Ugarte y col., 2000). En la Figura 1.1. Se presenta el esquema de testaje de sementales lecheros seguido en Aberekin.



**Figura 1.1 Programa de testaje de sementales de Aberekin, SA.**

El proceso de testaje de sementales es largo en el tiempo y lo primero que hay conseguir es un toro con un buen “pedigrí” sobre el que realizar el testaje. Aberekin consigue los machos por tres vías, comprando embriones de padres y madres elegidos procedentes de acoplamientos dirigidos entre un toro y una vaca puntera; comprando directamente un ternero

de entre seis y ocho meses, lo que acorta en un año el proceso, e inseminando las novillas procedentes de los embriones hembra obtenidos en la primera vía con un toro de élite.

Una vez los toros están en las instalaciones del centro y tras pasar todas las medidas sanitarias, empezarán a donar su semen cuando cuenten con una edad entre 12 y 16 meses. Inicialmente se extraen de cada uno 800 dosis que son repartidas gratuitamente entre los asociados. El objetivo es que de esas 800 dosis lleguen al final del proceso 60-100 hijas. Para tener testado un semental con un grado de confianza aceptable es necesario disponer de información, por medio del control lechero, de las lactaciones terminadas de un mínimo de 60 de sus hijas, que deben encontrarse repartidas al menos en 40 ganaderías. Una vez terminadas las pruebas de testaje, uno de cada diez sementales se utilizará como reproductor de forma masiva. El centro de testaje de sementales, después de afrontar el costo de su adquisición, tiene que mantener a cada semental durante 5 años hasta conseguir su primera valoración genética.

## 1.4. Caracteres seminales

### 1.4.1. Evaluación del semen

El análisis de cada eyaculado es una herramienta importante para evitar poner en prueba un toro “improductivo”. La “evaluación convencional” de una muestra de semen puede determinar su grado de normalidad antes de que el eyaculado sea procesado para la IA. Dicha evaluación incluye la medida de volumen, concentración, motilidad, aspecto (color, olor) y en algunos casos, además se incluye la morfología espermática y la presencia de células extrañas. Para algunos autores estos caracteres entran dentro del grupo de caracteres no funcionales ya que consideran que su relación con la capacidad fecundante del semen no está clara (Dejarnette y col., 2004; David y col., 2007).

La valoración seminal convencional, se lleva a cabo de la manera siguiente:

#### ❖ Examen macroscópico :

Tiene como objetivo de apreciar el volumen del eyaculado, la consistencia del esperma y de su color.

- **Volumen del eyaculado:** Se mide directamente mediante un tubo de ensayo graduado. Normalmente varía de 0.5 a 14 ml en función de la edad, la raza, la reparación del reproductor, la alimentación, factores físicas y ambientales
- **Color:** En los toros, el color adecuado del eyaculado presenta una graduación que va del blanco nacarado al blanco semi-transparente pasando por el blanco lechoso, en algunos ocasiones el eyaculado también puede adquirir una tonalidad cremosa, y otros casos tiene el color rosa ( en este caso se rechaza el eyaculado).
- **Olor:** Lo único que se valora, es que no sea desagradable.
- **Densidad:** La densidad del semen varía desde un semen acuoso, lechoso–cremoso, hasta un cremoso, así que la densidad esta directamente relacionada con la concentración. Una vez finalizada la evaluación microscópica, se continúa la evaluación microscópica.

#### ❖ Examen microscópico:

- **Motilidad:** La motilidad es uno de los parámetros más importantes de la analítica seminal. Hasta hace pocos años el estudio de la motilidad espermática se hacía exclusivamente mediante métodos semi-cuantitativos (Hidalgo, 2005). Estos métodos evalúan el porcentaje de espermatozoides móviles (Motilidad Individual),

así como el tipo de movimiento que presentaba la media de una población espermática (Motilidad Masal). Estas medidas ofrecen una descripción general de la motilidad espermática, pero la exactitud y precisión están limitadas por las condiciones del sistema y por la pericia del técnico (Everett y col., 1978). La motilidad en masa microscópica o motilidad masal se estima observando las ondas de semen (puro), mientras que la motilidad individual se estima después de la dilución de semen. Una vez diluido el semen, se extrae una gota de la dilución, también a la misma temperatura y se observa al microscopio. Se observa un campo y se valora subjetivamente los espermatozoides que se mueven en forma “rectilínea progresiva”. Los espermatozoides que giran en círculo o avanzan en forma oscilatoria, se consideran que tienen movimientos anormales y el porcentaje que se indica es de los espermatozoides con movimiento rectilíneo progresivo del total de espermatozoides (Salisbury, 1978).

- **Concentración:** La concentración puede calcularse por varios métodos a partir de la muestra de semen. Entre estos métodos destaca la espectrofotometría, que es el método más utilizado en los centros de IA (Brito y col., 2002), la colorimetría y la cámara de recuento celular. Existe también un método indirecto que mide la luz monocromática absorbida por las partículas en suspensión. Esta densidad óptica de la muestra es comparada frente a una curva estándar patrón previamente validada, y permite así determinar el número de espermatozoides por mililitro.
- **Morfología:** El análisis morfológico de los espermatozoides es uno de los principales componentes de la evaluación de las características de una muestra seminal. La valoración de la morfología del espermatozoide se basa en la relación directa que hay entre la proporción de espermatozoides anormales en el eyaculado, el tipo de defecto morfológico y su relación con la fertilidad in “vivo” de los toros. Las anomalías que pueden generarse se clasifican en anomalías en la cabeza, en el tracto intermedio y en la cola. Según el órgano donde se puede haberse generado se defieren las “anomalías primarias” y “anomalías secundarias” (Hidalgo, 2005). Las anomalías primarias son aquellas desarrolladas en el testículo a lo largo de la espermatogénesis y corresponden a anomalías de cabeza, pieza, intermedia o inserción de la cola. Las anomalías secundarias son aquellas desarrolladas en el epidídimo a lo largo del proceso de maduración espermática, suelen corresponder a presencia de gotas citoplasmáticas

En general, los resultados de la valoración seminal convencional dependen de la capacidad y experiencia del técnico (Zhang y col., 1999) por lo que como en cualquier carácter que implica subjetividad. Un técnico con poca experiencia y repetibilidad podría aportar una valoración cuyos resultados son discutibles. Por ello, en los últimos años los centros de IA disponen de nuevas técnicas analíticas basadas en programas informáticos o sistemas CASA (Computer Assisted Sperm Analysis) que permiten una estimación más objetiva de los parámetros de calidad seminal. Con el sistema CASA de valoración de semen se ha observado un aumento del número de eyaculados aceptados con respecto a la evaluación subjetiva (Roberto, 2007).

### 1.4.2. Preparación del semen

Una vez evaluada la calidad del semen, se hace la dilución de esperma para obtener pajuelas de 0.25 ó de 0.50 ml. La dilución tiene como objetivo aumentar el volumen total de la masa espermática y asegurar un medio favorable para la supervivencia de los espermatozoides in vitro y de realizar a partir de un solo eyaculado la inseminación de un gran número de hembras (Hasquaoui, 2001). La tasa de dilución se decide en función de la

concentración de los espermatozoides deseada en la dosis de semen, la cantidad del eyaculado, el poder fecundante del reproductor (supuestamente conocido a partir de los resultados de IA) y las necesidades de los centros de IA. En el caso del bovino, la conservación del semen es realizada mediante la congelación en el nitrógeno líquido a -196 °C (Curry, 1995). La criopreservación, cuyo propósito es garantizar la supervivencia, ocasiona sin embargo un daño irreversible a las membranas plasmáticas causando la muerte celular, lo que dificulta o previene su capacidad para interactuar con el ovocito durante la fertilización (Hammersted y col., 1990). Si bien los procesos de congelación y descongelación afectan a una gran proporción de los espermatozoides, existe una gran variación entre individuos, algunos siendo menos afectados que otros. Se ha visto una asociación lineal y estadísticamente significativa entre el número de espermatozoides viables y la fertilidad de cada toro (Shannon et y col., 1995; Den Dass y col., 1998). Aunque en los últimos años se ha disminuido el número de espermatozoides por dosis, en la actualidad se utiliza entre 7.5-10 millones de espermatozoides/dosis. Es práctica común que para algunos machos se pueda incrementar el número de espermatozoides hasta 20 millones /dosis para asegurar el éxito de la IA (Salisbury y col., 1978; Den Dass y col., 1998).

En la Tabla 1.1 se presenta un resumen de parámetros seminales medios para distintas especies encontrados en la literatura.

**Tabla 1.1** Parámetros seminales medios en diferentes especies (Corteel, 1990; Johnson y col., 2000; Leboeuf y col., 2000)

	Toros	Moruecos	Verracos	Caprino	Caballos	Gallos
Volumen (ml)	5-8	0.8-1.2	150-200	1-1.3	60-100	0.2-0.5
Concentración (10 <sup>6</sup> esp/ml)	800-2000	2000-3000	200-300	3000	150-300	3000-7000
Número de esp / dosis (10 <sup>6</sup> )	7-10	20-80	3000	100	200	300-400
Volumen dosis de inseminación (ml)	0.25-0.50	0.25	100	0.25		0.1-0.2
Motilidad individual (%)	40-75	60-80	50-80	70	40-75	60-80
Espermatozoides normales (%)	65-95	80-95	70-90	75	60-90	85-90
PH	6.4-7.8	5.9-7.3	7.3-7.8	6.7-7.3	7.2-7.8	7.2-7.6

Todos los caracteres anteriormente mencionados entran a formar el grupo de caracteres que pueden denominarse no funcionales ya que dan idea del grado de normalidad de la dosis seminal, pero cuya relación con el poder fecundante del semen y el éxito de la inseminación aún no está claramente establecido (Dejarnette y col., 2004; David y col., 2007). Existen otras medidas de calidad seminal consideradas como características funcionales, tales como la integridad acrosomal o el nivel de fragmentación del ADN para las que se ha encontrado una correlación con la fertilidad (Januskauskas y col., 2001; Evenson y Wixon., 2006). Cualquier defecto en la molécula de la cromatina, bien sea en forma de rotura que afecta a una o a ambas cadenas de la molécula del ADN, puede tener como consecuencia un defecto en desarrollo del embrión (Morales., 2007). Sin embargo, su determinación no se lleva a cabo de forma rutinaria en los centros de IA comerciales por razones económicas u organizativas

### **1.4.3. Criterios para el rechazo de eyaculados**

La sociedad Americana de Teriologenología (1992) ha desarrollado unos protocolos que definen los requerimientos mínimos para que un toro supere la evaluación de buen estado de reproducción. Las normas exigen que el eyaculado de un toro contengan 400 millones espermatozoides /ml antes de su procesado y que el 40% muestren motilidad progresiva.

Después de la congelación se exige que un toro tenga por lo menos un 30 % de movilidad de espermatozoides con un 70 % de morfología normal. Para juzgar si un semen debe ser o no congelado se toman en cuenta además la presencia de sangre en semen y de elementos anormales. Los toros que cumplen con estos requerimientos mínimos se clasifican como reproductores “potencialmente” satisfactorios. Si un toro no pasa alguna de estas pruebas, es clasificado como reproductor potencialmente insatisfactorio.

Las normas para aceptar o rechazar las dosis de IA antes y después de la congelación proporcionadas por el centro de IA Aberekin se presentan en las Tablas 1.2 y 1.3, respectivamente. La colecta se hace de una manera rutinaria en dos eyaculados por cada toro en el día de colecta. Las colectas sucesivas están separadas siete días, aunque hay excepciones.

**Tabla.1.2.** Criterios de selección de los eyaculados en el centro de IA Aberekin.

Parámetros de control	Método de análisis	Criterio
1. Volumen (VOL)(cc)	Lectura del tubo colector calibrado	Desechar si volumen < 0.5cc n de pajuelas es < 30
2. Densidad (D) D= muy poco denso DD= ligeramente denso DDD= muy denso	Inspección visual agitando tubo colector para observar el movimiento de semen dentro del mismo	No es criterio de desecho
3. Motilidad masal (MM)(1-5) 0= ausencia de espz 1= 100% spz muertos 2= sin actividad colectiva 3= movimientos aislados 4=ondas lentas 5= remolinos rápidos	Inspección visual al microscópico óptico (Objetivo X10). Gota sobre porta	Desechar si < 3 Válido si MM = 3 y MI > 80%, Semen de escasa concentración
Motilidad individual total (% de células en movimiento)	Inspección visual al microscópico óptico (Objetivo X10). Gota sobre porta y cubre	Desechar si < 80% o existen movimientos anormales (circulares, inversos o de vibración u oscilación)
6. Concentración (CON) (x10 <sup>6</sup> spz./ml)	Espectrofotómetro.	Desechar si' CON < 300x 10 <sup>6</sup> spz./ml , n° pajuelas es < 50

**Tabla.1.3.** Control de la calidad post-congelación en el centro de IA Aberekin

Parámetros de control	Método de análisis	Criterio
1. Motilidad progresiva	Inspección al microscópico óptico (objetivo 10X) empleando el analizador seminal computerizado SCA-Microptic, s.l.	Desechar si: Pajuela 25 o 30 n de pajuelas es < 30x106spz: < 45% < 50% Pajuela 40x106spz: < 30 % y si > 5% movimientos anormales > 5 % formas anormales
2. Velocidad movimiento S1: muy lento, sin casi progresión S2: lento, avanzado levemente S3: vigoroso y rápido	Inspección visual al microscopio óptico (objetivo 10X). Gota plana entre porta y cubre (se valora simultáneamente a la motilidad individual)	Eliminación si : < S3
3. Test de termoresistencia/ incubación (3h. Post-descongelación) (5h. Post-descongelación)  (Progresiva y velocidad movimiento)	Inspección al microscópico óptico (objetivo 10X ) empleando el analizador seminal computerizado SCA-microptic,s.I.	Eliminación si: < 30% motilidad progresiva < S3 de velocidad de movimiento
4. Acrosoma (% de espz con el ( acrosoma intacto)	Inspección al microscopio (objetivo 100X). Gota plana entre porta y cubre.	Revisión y seguimiento periódico de los sementales

Estas restricciones se aplican para todos los toros sin excepciones, dado que la calidad post-congelación es un carácter determinante en los resultados de IA.

## 1.5. Factores que influyen en las características seminales.

### 1.5.1. Factores ambientales no ligados al animal

En la literatura se mencionan diversos factores ambientales que bien están relacionados con las condiciones que rodean la colecta y/o factores intrínsecos que dependen más del propio animal. El conocimiento de los factores ambientales no ligados al propio individuo ha estado más orientado a la necesidad de optimizar la gestión de los centros de IA mediante la mejora de la producción de semen y del rendimiento económico de los mismos (Bodin y col., 1999). Por otro lado, conocer los efectos ambientales que afectan a los caracteres de producción y calidad del semen (volumen, concentración, motilidad, número de

espermatozoides, morfología, etc.) permite que éstos puedan ser incluidos en los modelos estadísticos utilizados para evaluar el componente genético de estos caracteres. Los resultados de distintos estudios que han investigado la influencia de factores ambientales no ligados al animal sobre la cantidad y calidad seminal se comentan a continuación

▪ **Efecto de la estación:**

La estacionalidad en la especie bovina no está considerada como estacional como es el caso de las especies ovina y caprina, consideradas como estacionales, y en las que la estación afecta tanto la cantidad como la calidad del semen (Ortavant, 1965). Sin embargo, varios estudios han encontrado evidencias de que la estación en la que se hace la colecta influye significativamente sobre la producción de semen bovino pero no hay acuerdo sobre cuáles son los meses más favorables. Menéndez y col. (1984) y Schwab y col. (1987) encuentran altos volúmenes y concentración de esperma en el invierno. En otros estudios (Everett y col., 1978; Fuente y col., 1984) han encontrado bajas producciones durante el invierno, mientras que las condiciones óptimas se encontraban durante los meses previos al verano.

▪ **Frecuencia de la colecta:**

La frecuencia de la colecta entra en el contexto del manejo del macho. El ritmo de la colecta se elige de una manera que evite el estrés al animal, ya que éste tiene un efecto negativo sobre el comportamiento sexual. Varios autores han encontrado un descenso tanto del volumen como de la concentración cuando el ritmo de colecta es elevado (Everett y col., 1978; Mathevon y col., 1998; Malo y col., 2004; David y col., 2007).

▪ **Efecto de la Edad:**

La edad del toro a la colecta del semen afecta el volumen del eyaculado, su concentración, y la motilidad de la esperma. Diversos trabajos apuntan a que todas estas características del eyaculado aumentan con la edad (Almquist y col., 1976; Fuente y col., 1984; Taylor y col., 1985; Boldman y col., 1995; Diarra y col., 1997), si bien no de forma indefinida. Así, Taylor y col. (1985) encuentran que el volumen por eyaculado en toros aumentó con la edad hasta los 7,5 años y a partir de esa edad descendió, mientras que la motilidad y concentración disminuían con la edad. El resultado final fue de un aumento en la producción de espermatozoides hasta los 6,3 años de edad. Sin embargo, en otros estudios encuentran que la edad tiene un efecto negativo sobre el volumen y el número de espermatozoides (Fuerst-Waltl y col., 2006; David y col., 2007). En un estudio sobre la especie caprina, Manfredi y col. (1998) encuentran que la edad tiene un efecto positivo sobre los caracteres que se miden antes de la congelación, pero no tenía ningún efecto sobre la motilidad post-congelación.

▪ **Número de eyaculado:**

El efecto del número de eyaculado sobre la producción y calidad seminal también ha sido estudiado por varios autores. Everett y col. (1978) encuentran que los primeros eyaculados contienen un 49,7% más de espermatozoides que los segundos eyaculados. Diarra y col. (1997) y Fuerst-Waltl y col. (2006) concluyen que el segundo eyaculado muestra un peor rendimiento en todos los caracteres seminales en toros de la raza Holstein y Simmental. David y col. (2007) encuentra que la motilidad del semen de morueco aumenta en el segundo eyaculado pero el volumen y la concentración disminuyen.

▪ **Condición corporal :**

Algunos autores han encontrado una correlación genética negativa entre el peso del animal y la calidad de semen, mientras que la correlación entre el peso y el volumen es positiva (Knights y col, 1984). En la mayoría de los estudios revisados no se considera la condición corporal de los toros. Una posible explicación es que los toros que entran en prueba

de progenie presentan condiciones corporales adecuadas y por lo tanto no hay variabilidad entre los toros.

▪ **Circunferencia escrotal:**

Kealey y col., (2006) sugieren que este carácter afecta a los caracteres seminales en un estudio sobre toros de raza Hereford. Una selección a favor de este carácter tendría un impacto positivo sobre la concentración, y negativo sobre el porcentaje de espermatozoides anormales. En el mismo contexto, Al-Ghalban y col., (2004) encuentran que este carácter afecta positivamente a los caracteres seminales en el caso del macho cabrío. Asimismo, Rege y col., (2000) sugieren la utilización de la medida de la circunferencia escrotal de los moruecos como indicador de la producción de semen.

▪ **Consanguinidad:**

La consanguinidad ha sido un factor poco considerado en los estudios de producción de semen. Diarra y col. (1997) encuentran un efecto significativo de la consanguinidad sobre los caracteres seminales de los toros de la raza Holstein. Un aumento del 1% del coeficiente de la consanguinidad ( $F_i$ ) provoca una disminución de 0.25% de la motilidad media de los dos eyaculados y de  $0.14 \times 10^8$  espermatozoides/ml para la concentración. El número de dosis rechazadas fue 0.21 por cada aumento de 1% de  $F_i$ . Sin embargo, el volumen y el número de espermatozoides no han sido afectados negativamente.

En otro estudio en la especie equina, Van Eldik y col. (2006) han encontrado un efecto determinante de  $F_i$  sobre los caracteres seminales de los caballos. Valores de  $F_i$  por encima del 5% resultaba en una bajada de la motilidad y la morfología de los espermatozoides, pero el volumen y la concentración no han sido afectados. González-Recio y col., (2007) en un estudio sobre el efecto de la  $F_i$  y la tasa de la consanguinidad sobre la fertilidad en la población de la raza Holstein han encontrado que el incremento de la consanguinidad deteriora la fertilidad medida por la tasa de gestación, en un 2% cuando  $F_i$  era superior al 12% y en un 6% cuando  $F_i$  era superior al 25%.

### **1.5.2. Efectos ligados al animal. Modelización estadística**

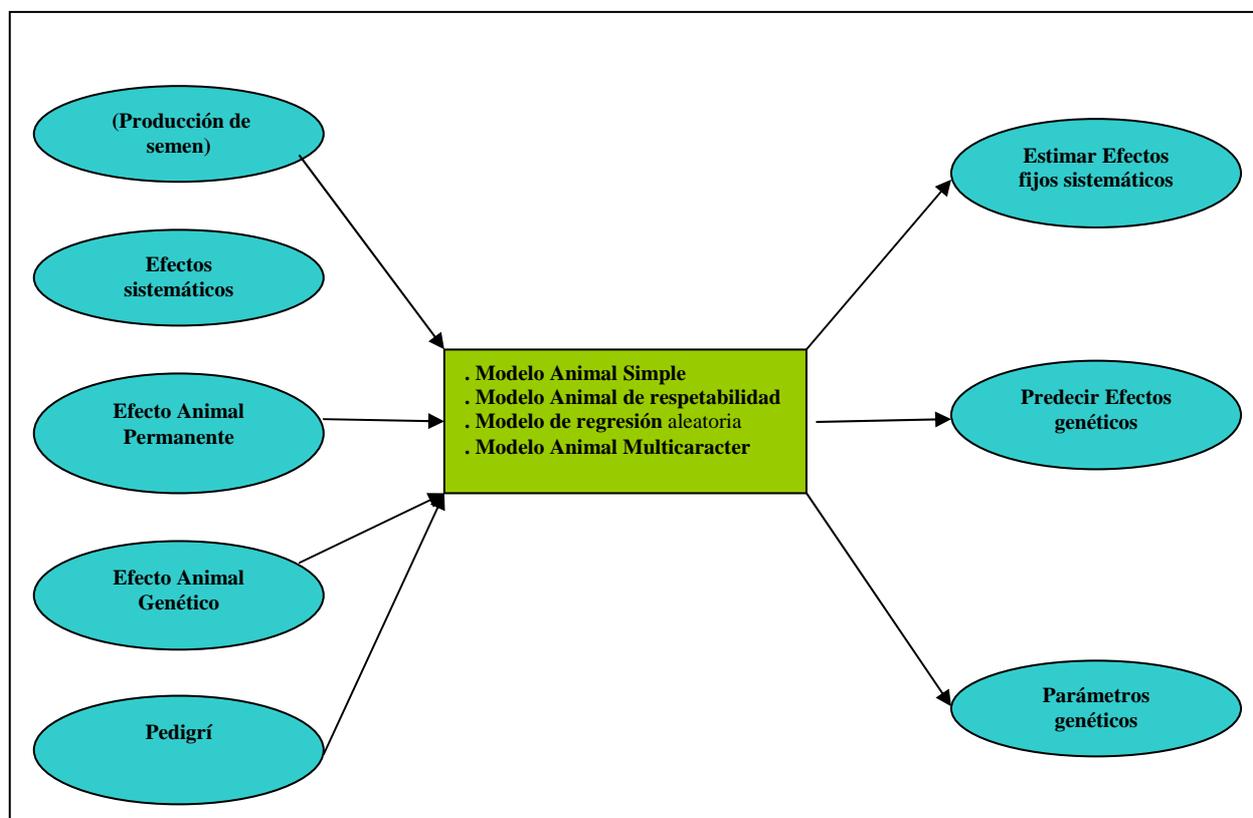
Los efectos ligados al animal que inciden sobre la cantidad y calidad seminal son los efectos de ambiente permanente y el efecto genético. La rutina de manejo de los centros de IA genera una gran cantidad de observaciones por animal dado que, en general, se efectúan recogidas de semen con una periodicidad semanal y al menos dos en el mismo día de colecta. Desde esta perspectiva, el tipo de variable que se usa en los estudios que determinan la componente genética de estos caracteres ha estado ligado a las disponibilidades computacionales. Así, algunos estudios consideran como variable a analizar la media de producción por toro (Ducrocq y Humblot., 1995; Diarra y col., 1997; Smital y col., 2005) y, en la mayoría de los estudios se modelizan las observaciones individuales.

En la Figura. 1.2 se reflejan los modelos que han sido utilizados para analizar los caracteres seminales.

▪ **Modelo Animal Simple**

Llamamos modelo animal simple al modelo que considera, aparte de los efectos ambientales sistemáticos, únicamente el efecto genético aditivo del animal que produce el dato. Los trabajos que han modelizado las medias de las observaciones por individuo en general han estimado los componentes de varianza en el contexto de una modelo animal simple. Así se encuentran este tipo de modelos para el volumen seminal (0.53; 0.58; 0.65),

concentración (0.37; 0.37; 0.49) por Ducrocq y Humblot., (1995); Diarra y col., (1997); Smital y col., (2005) respectivamente y en general conducen a una sobreestimación de las heredabilidades.



**Figura 1.2. Modelos de evaluación empleados en el análisis de caracteres seminales**

▪ **Modelo de Repetibilidad**

El modelo repetibilidad es adecuado cuando se dispone de varias medidas de un carácter tomadas en un mismo animal. En este modelo se asume que los efectos de los genes no cambian con el orden del registro, es decir, que son los mismos para las diferentes observaciones (o eyaculados en nuestro caso) y que los efectos permanentes no genéticos afectan también por igual a todos los registros del mismo animal. Este modelo ha sido utilizado en muchos trabajos (Knights y col., 1984; Taylor y col., 1985; Mathevon y col., 1998; David y col., 2007; Carabaño y col., 2007, Druet y col., 2009) para evaluar los caracteres de producción de semen asumiendo que no hay correlación entre los datos repetibles pero ignorando el factor tiempo entre las diferentes medidas. Sin embargo, es probable que la correlación entre datos del mismo individuo sea mayor entre datos adyacentes que entre datos alejados y por otra parte es razonable que los genes implicados en la variación de una medición no sean exactamente los mismos que los que afectan a otra medición. El modelo de repetibilidad es sencillo, pero resulta de una simplificación excesiva, presentando problemas de no ajustar correctamente a los datos (Meyer, 1998). Hay otras alternativas que se han planteado para el análisis de datos longitudinales que permiten reconocer cambios en las medias, varianzas y covarianzas entre las observaciones a lo largo del tiempo.

▪ **Modelos de Regresión Aleatoria (RRM)**

Los modelos de regresión aleatoria fueron inicialmente introducidos en el área de la mejora genética animal por Schaeffer y Dekkers (1994) en el contexto de la modelización de datos de producción lechera tomados a lo largo de la lactación. Posteriormente, Kirkpatrick y Heckman (1989) y Kirkpatrick y col., (1991) han propuesto el uso de las funciones de covarianza que sirven para modelar las varianzas y covarianzas de los caracteres longitudinales, analizar la interacción entre la parte genética y ambiental, considerar que las covarianzas genéticas e ambientales son funciones de tiempo. Ambas aproximaciones son equivalentes en modelos lineales. Las funciones más utilizadas son las funciones polinomios. Los modelos de regresión aleatoria se han empleado en numerosos estudios en mejora genética animal (ver, p.ej. Schaeffer, 2004 para una revisión sobre el uso de modelos de regresión aleatoria en mejora animal). Para la modelización de los caracteres seminales ha sido utilizado por Oh y col. (2006) en porcino y por Carabaño y col. (2007), Serrano y col. (2006) en ganado bovino. En ambos casos polinomios de grado 4 ó 5 proporcionaron un mejor ajuste de los datos. En el estudio en porcino la edad límite fue de 153 semanas (aproximadamente 3 años) y en los estudios en bovino, la edad límite fueron 30 meses.

Como resumen, un análisis mediante RRM, parece muy adecuado con la naturaleza de nuestros datos, que dependen de una variable continua de tiempo.

**1.5.3. Parámetros genéticos de los caracteres seminales:**

La importancia del componente genético viene reflejada por la heredabilidad de los caracteres. En la Tabla 1.4 se presenta un resumen de los resultados encontrados para la heredabilidad de los caracteres seminales que se miden de una manera rutinaria. En general, el rango de estimas encontrado en la literatura ha sido amplio, probablemente debido al uso de modelos estadísticos, poblaciones, especies o razas o edades diferentes.

**Tabla.1.4.** Estimaciones de heredabilidades de caracteres seminales de diferentes especies encontradas en la literatura.

Especie	Referencias	Raza	VD <sup>1</sup>	Modelo <sup>2</sup>	Método	VOL <sup>3</sup>	CON <sup>3</sup>	Nesz <sup>3</sup>	MOT <sup>3</sup>	MPC <sup>3</sup>
<b>Bovina</b>										
	Knights y col., 1984	Angus	I	MPM	REML		0.13	0.24	0.13	
	Taylor y col., 1985	Holstein	I	MAM	REML	0.18	0.10	0.03		
	Ducrocq y Humblot.,1995	Normande	M	MAM	REML	0.65	0.37		0.23	0.24
	Diarra y col., 1997	Holstein	M	MPM	REML	0.53	0.37		0.51	
	Mathevon y col.,1998	Holstein(J) <sup>4</sup>	I	MAU	REML	0.24	0.52	0.38	0.49	
		Holstein(A) <sup>4</sup>	I	MAM	REML	0.44	0.36	0.54	0.54	
	Miroslav y col., 2000	Simmental	I	MAU	REML	0.04	0.26			
	Quirino y col., 2004	Nellore	I	MAM	REML	0.51			0.12	
	Kealey y col., 2006	Hereford	I	MAM	REML	0.09	0.16		0.22	
	Carabaño y col., 2007	Holstein	I	MRA	Bayes	0.15-0.35				
	Serrano y col., 2006	Holstein	I	MRA	Bayes				0.1-0.3	
	Druet y col., 2009	Holstein	I	MAM	REML(QTL)	0.22	0.19	0.09	0.43	0.21
<b>Ovina</b>										
	Langford y col., 1989		I	MAM	REML	0.62	0.35	0.5	0.26	
	Rege y col., 2000		I	MAM	REML	0.11	0.17	0.27		
	David y col., 2007	Lacaune(J) <sup>4</sup>	I	MAM	REML	0.18	0.27	0.17	0.07	
		Lacaune(A) <sup>4</sup>	I	MAM	REML	0.26	0.27	0.19	0.13	
		Manech(J) <sup>4</sup>	I	MAM	REML	0.33	0.20	0.18	0.11	
		Manech(A) <sup>4</sup>	I	MAM	REML	0.25	0.12	0.18	0.02	
<b>Caprina</b>										
	Manfredi y col., 1998	Sanaan	I	MAM	REML	0.54	0.31	0.34	0.12	
<b>Porcina</b>										
	Smital y col., 2005		M	MAM	REML	0.58	0.49	0.42	0.38	
	Oh y col., 2006		I	MRA	REML			0.27-0.48		
	Wolf y Smital., 2009	Duroc	I	MAM	REML	0.28	0.20	0.17	0.05	
<b>Equina</b>										
	Van Eldik y col., 2005		I	MAM	REML	0.57	0.24	0.23	0.46	
<b>Conejo</b>										
	Lavara y col., 2008		I	MAM	REML				0.15	

<sup>1</sup> VD: variable dependiente (M: media, I: individual); <sup>2</sup>MAM: Modelo animal multicaracter, MAU: Modelo animal unicarcter; MRA: modelo de regresión aleatoria; MPM: modelo padre multicarcter; <sup>3</sup>Vol: Volumen; CON: concentración; Nesz: numero de espermatozoides; MOT: motilidad; MPC: Motilidad post-congelación <sup>4</sup>J: Animal joven; A: Animal adulto

En general, las heredabilidades han sido de moderadas a altas en el caso de volumen (0.15-0.65). Sólo dos estudios en dos razas bovinas de aptitud cárnica se ha encontrado valores de heredabilidad por debajo de 0.10 (Miroslav y col., 2000 y Kealey y col., 2006). El rango de heredabilidades encontrado para la concentración ha sido (0.10-0.52), para el número de espermatozoides, (0.09-0.54) y para la motilidad (0.10-0.54). Para la motilidad post congelación sólo hay resultados en ganado bovino, encontrándose valores de 0.21 (Druet y col., 2009) y 0.24 (Ducrocq y Humblot, 1995). La edad a la colecta fue uno de los factores que explican parte de la variabilidad observada en las estimas. Así, Mathevon y col., (1998) , Carabaño y col. (2007) y Serrano y col. (2006) en ganado bovino, Oh y col. (2006) en ganado porcino y David y col. (2007) en ganado ovino encuentran diferencias en la estima de heredabilidad según la edad del animal. En general, la heredabilidad es más alta en el caso de los adultos que de los jóvenes. Otro factor que puede influir de forma notable sobre la estima de la heredabilidad es el uso de medias o medidas individuales para la estimación de los componentes de varianza. Se espera que en estudios que usan una media por toro de todas las medidas recogidas en diferentes colectas la estima de la varianza residual disminuya y, en consecuencia, la estima de heredabilidad sea más alta. Así, en los estudios de Ducrocq y Humblot. (1995), Diarra y col., (1997) y Smital y col., 2005, en los que se usa como variable dependiente la media de los datos para cada toro se han encontrado estimas de heredabilidades relativamente más altas que en otros estudios. Otras causas que hace que las estimaciones sean diferentes es el uso de modelos diferentes, al considerar o no algunos efectos, y el hecho de que los datos provienen de diferentes poblaciones, en cuanto a especies, razas o subpoblaciones dentro de una raza. Así, David y col. (2007) observan diferentes estimas entre dos razas ovinas y Smital y col. (2005) analizan un pool de razas porcinas incluyendo en el análisis el efecto de la raza.

## **1. 6. Asociación entre los caracteres seminales**

Los estudios sobre la relación entre caracteres seminales a través de modelos multicarácter son numerosos. Estos estudios tienen como objetivo evaluar las correlaciones genéticas entre los diferentes caracteres seminales o también con otros caracteres que están relacionados con la producción de semen como el caso del peso de los animales (Knights y col, 1984) o la circunferencia escrotal (Knights y col., 1984; Kealey y col., 2006) o con la tasa de concepción (Smital y col., 2005).

En la Tabla 1.5 se muestran las correlaciones genéticas entre caracteres seminales encontrados en la literatura. En general, las estimas son bastante consistentes entre especies, con alguna excepción. Los caracteres que parecen más correlacionados entre sí son los caracteres que miden la cantidad, como el volumen y la producción total de espermatozoides, como cabría esperar y por otra parte los caracteres de calidad, concentración y motilidades. Sin embargo, parece detectarse un antagonismo entre volumen y el resto de caracteres, con alguna excepción como es la estima entre volumen y concentración, con valores negativos en la mayor parte de los estudios a excepción de los resultados encontrados por David et al. (2007) en dos razas ovinas, en el que encuentran una correlación cercana a 0 entre estos caracteres.

**Tabla.1.5.** Estimaciones de correlaciones genéticas entre caracteres seminales de diferentes especies encontradas en la literatura.

<sup>1</sup>Vol: Volumen; CON: concentración; Nesz: número de espermatozoides; MOT: motilidad; MPC: Motilidad post-congelación <sup>4</sup> J: Animal joven; A: Animal adulto

Especie	Referencias	Raza	VO	Modelo	Método	VOL-CON	VOL-MO	VOL-Nesz	VOL-MPC	CON-MO	CON-Nesz	CON-MPC	MO-Nesz	MO-MPC
<b>Bovina</b>														
	Knights y col., 1984	Angus	I	MAM	REML					-1	1		-0.85	
	Taylor y col., 1985	Holstein	I	MAM	REML	-0.06		0.5			0.76			
	Ducrocq y Humblot., 1995	Normande	M	MAM	REML	-0.43	-0.17	-0.26	-0.26	0.67		0.55		0.81
	Diarra y col., 1997	Holstein	M	MPM	REML	-0.72	0.14			-0.22				
	Kealey y col., 2006	Hereford	I	MMM	REML		-0.38							
	Druet y col., 2009	Holstein	I	MAM	REML(QTL)	-0.55	-0.2	0.47	-0.47	0.12	0.46	0.29	-0.12	0.58
<b>Ovina</b>														
	David y col., 2007	Lacaune(J)	I	MAM	REML	-0.24	-0.04	0.84		0.04	0.30		0.01	-
		Lacaune(A)	I	MAM	REML	-0.33	-0.08	0.85		0.07	0.20		0.04	-
		Manech(J)	I	MAM	REML	-0.41	-0.03	0.89		0.44	-0.27		0.12	-
		Manech(A)	I	MAM	REML	-0.33	-0.08	0.85		0.07	0.20		0.74	-
<b>Porcina</b>														
	Smital y col., 2005		M	MAM	REML	-0.61	-0.14	0.63		0.13	0.21		-0.06	
	Wolf y Smital., 2009	Duroc	I	MAM	REML	-0.6	-0.12			0.15				

## **2 Material y métodos**

## 2.1. Bases de datos:

Se dispone de dos fuentes de información, una del centro de inseminación artificial Aberekin, que registra las observaciones fenotípicas de los caracteres de producción de semen y una segunda que es la base de datos que contiene la genealogía, obtenida a partir de registros genealógicos de la raza Frisona Española.

Como ya se ha mencionado, la colecta de semen se hace de una manera rutinaria obteniendo para cada toro dos eyaculados por día. Los técnicos en el centro de IA miden los caracteres de producción de semen antes de la congelación (volumen, concentración, motilidad masal e individual) de cada eyaculado, preparan las dosis de inseminación a partir de ambos eyaculados y al final, después de la congelación, miden la motilidad post-congelación para asegurar que el proceso de la congelación ha sido exitoso y en caso contrario retirar pajuelas en función de los criterios presentados en la Tabla 1.2.

### 2.1.1. Datos de producción de semen:

En la Tabla 2.1 se presenta una descripción de la estructura de la base de datos que contiene la información fenotípica.

**Tabla 2.1.** Presentación de la base de datos de producción seminal

Campo	Descripción
Fecha de colecta	Indica la fecha de colecta de semen.
Nº de Registro	Código genealógico del toro.
Fecha de nacimiento	Indica la fecha de nacimiento de toro.
Numero del eyaculado	Indica el número del eyaculado para cada colecta por cada toro. Oscila entre 1 y 2.
Hora a la colecta	Indica la hora de colecta
Hora a la congelación	Indica la hora a la que se hizo la congelación de semen.
Volumen	Volumen de cada eyaculado (ml)
Concentración	Número de espermatozoides ( $10^6$ ) por ml de cada eyaculado
Motilidad Individual	Porcentaje de los espermatozoides móviles (%)
Motilidad Masal	Calidad de movimiento de los espermatozoides, escala de (0-5)
Motilidad post-congelación	Porcentaje de los espermatozoides móviles después la congelación por fecha de colecta y toro.
Dosis	Número de pajuelas obtenidas por fecha de colecta y toro.

En el estudio realizado se ha trabajado con cinco caracteres, volumen, concentración, motilidad masal e individual, y la motilidad postcongelación. Se descartó el carácter número de dosis, dado que se utilizan distintos tamaños de pajuela (0.25 y 0.50 ml), y además, este carácter combina el resto de los caracteres sobre todo volumen y concentración y suma los dos eyaculados. Mientras que las medidas anteriores se toman sobre cada eyaculado, el carácter motilidad post-congelación se obtiene de la mezcla de los dos eyaculados.

El archivo de datos original contenía 48.798 registros de datos de producción de semen correspondientes a eyaculados recogidos en 513 toros. En primer lugar se procedió a la depuración de datos consistente en eliminar los datos fuera de los rangos de valor normales. Dichos valores se fijaron a partir de la bibliografía y/o del criterio del técnico de Aberekin.

Así se excluyeron registros completos de colectas con un volumen menor de 1 ml o mayor de 20 ml y concentraciones mayores de 4000 millones de espermatozoides/ml. También se eliminaron los registros de toros con una edad a la colecta inferior a 12 meses y todos los datos de toros con un número de observaciones menor de 5. Asimismo se eliminaron datos procedentes de terceros eyaculados, que se encontraron en muy baja proporción.

Después de la depuración el archivo de datos contenía 46.438 registros correspondientes a 502 toros de la raza Holstein nacidos entre los años 1980 y 2006. Las colectas válidas fueron recogidas entre enero de 1990 y noviembre de 2007. La Tabla 2.2 presenta un resumen sobre la cantidad de información disponible para cada carácter.

**Tabla 2. 2.** Descripción de la cantidad de datos total de producción de semen.

	VOL <sup>2</sup>	CON <sup>2</sup>	MM <sup>2</sup>	MI <sup>2</sup>	MPC
Nobs <sup>1</sup>	46438	45303	46112	46335	24996
NToros	502	501	502	502	489
Nobs/ Toro					
Media	92.50	90.24	91.85	92.30	49.79
D.T. <sup>1</sup>	92.80	92.57	92.67	92.83	53.2
[Min-Máx] <sup>1</sup>	[5-828]	[5-806]	[5-821]	[5-826]	[2-531]

<sup>1</sup>Nobs: número total de observaciones para cada carácter; D.T.: Desviación Típica; Mín: Valor Mínimo; Máx: Valor máximo

<sup>2</sup>VOL: Volumen del eyaculado (ml), CON: concentración del eyaculado (millones de espermatozoides/ml); MM: Motilidad masal (escala de 0 a 5); MI: Motilidad Individual (%); MPC: Motilidad Post\_cogelacion.

Como media se dispuso de aproximadamente 90 observaciones por toro para cada una de las características excepto para la motilidad post congelación para la que sólo se cuenta con una medida por fecha de colecta, como se ha indicado anteriormente. No obstante, la variabilidad en el número de datos por animal fue grande. Esto se puede explicar por la diferencia de la demanda del semen de cada toro, que depende de su valor genético.

Los datos correspondientes a cada uno de los dos eyaculados de cada toro se presentan en la Tabla 2.3. En esta tabla no se incluye la motilidad post congelación dado que es una característica de los dos eyaculados.

**Tabla 2. 3.** Descripción de la cantidad de datos de producción de semen por eyaculado.

	VOL <sub>1</sub> <sup>2</sup>	VOL <sub>2</sub> <sup>2</sup>	CON <sub>1</sub> <sup>2</sup>	CON <sub>2</sub> <sup>2</sup>	MM <sub>1</sub> <sup>2</sup>	MM <sub>2</sub> <sup>2</sup>	MI <sub>1</sub> <sup>2</sup>	MI <sub>2</sub> <sup>2</sup>
Nobs <sup>1</sup>	24086	22353	23471	21831	23912	22199	24031	22303
NToros	502	502	501	501	502	502	502	502
Nobs/ Toro								
Media	47.97	44.52	46.75	43.48	47.63	44.22	47.87	44.42
D.T. <sup>1</sup>	53.57	41.19	53.41	41.11	53.77	41.14	53.53	41.22
[Min-Máx] <sup>1</sup>	[3-589]	[2-334]	[0-577]	[0-334]	[1-585]	[2-334]	[2-587]	[0-334]

<sup>1</sup>Nobs: número total de observaciones para cada carácter; D.T.: Desviación Típica; Mín: Valor Mínimo; Máx: Valor máximo

<sup>2</sup>VOL<sub>i</sub>: Volumen del eyaculado i (ml), CON<sub>i</sub>: concentración del eyaculado i (millones de espermatozoides/ml); MM<sub>i</sub>: Motilidad masal (escala de 0 a 5); MI<sub>i</sub>: Motilidad Individual (%), i=1,2

### 2.1.2. Pedigrí:

El archivo de pedigrí se construyó utilizando toda la información genealógica que pudo reunirse consultando distintas bases de datos genealógicas. En total, se creó un archivo genealógico que contenía 12.219 animales.

Para el estudio de la estructura de población de los toros de Aberekin se calculó el coeficiente de la consanguinidad (Fi), que es la probabilidad que un individuo reciba dos

alelos idénticos por descendencia, utilizando algoritmo descrito por (Meuwissen y Luo, 1992). También se estimó el número de generaciones, el tamaño efectivo de población y el intervalo generacional medio. Todos los cálculos se realizaron utilizando el programa ENDOG (Gutiérrez y Goyache, 2005).

A partir de los coeficientes de consanguinidad de cada animal se calculó la media del coeficiente de consanguinidad por año de nacimiento de los toros con datos y del total de animales en el pedigrí, para describir la tendencia en la población de toros de Aberekin. Así mismo se incluyeron los coeficientes de consanguinidad de cada toro en algunos de los modelos para estimar un posible efecto de depresión consanguínea sobre las distintas características seminales.

Para crear el archivo de genealogía que se empleó en los análisis posteriores, se eliminaron animales no informativos. Se consideraron como animales no informativos aquellos que eran padres de un solo individuo y carecían de información fenotípica, En total el archivo de pedigrí utilizado para analizar las características seminales contenía 8439 animales, si bien se incluyó el coeficiente de consanguinidad calculado a partir de la genealogía completa. En la Tabla 2.4 se presenta una descripción de la estructura del archivo de genealogía utilizado en los análisis.

**Tabla 2.4.** Número total de animales, padres y madres, número de familias de medios hermanos de padre, hermanos completos y número de toros con datos que a su vez son padres de toros en datos en el archivo de pedigrí (Total) y de animales con dato (Datos)

Pedigrí	Total	Datos
Nº de Animales	8439	502
Nº de Padres	3082	173
Nº de madres	7045	420
Nº de familias de hermanos completos	245	26
Nº de familias de medio hermanos - vía padre	1039	96
Nº de familias de medio hermanos - vía madre	636	80
Nº de toros con datos que son padres en la genealogía	10	10

## 2.2. Análisis de los caracteres seminales

Se han llevado a cabo tres tipos de análisis. El primero tuvo como objetivo decidir si debíamos tratar los dos eyaculados sucesivos como medidas del mismo carácter. Para ello se utilizó un modelo animal con repetibilidad en un contexto bicarácter. El segundo grupo de análisis se llevaron a cabo para determinar el efecto de los factores ambientales y genéticos sobre las características seminales y seleccionar el modelo que presentaba una mejor capacidad de ajuste y capacidad predictiva. Para ello se utilizaron modelos animales unicarácter con repetibilidad y homogeneidad de varianzas. Para el volumen se probó también un modelo con heterogeneidad de varianzas y regresión aleatoria. Por último, se extendió el mejor modelo al estudio de las relaciones entre caracteres en el contexto de un modelo animal con repetibilidad y multicaracter.

A continuación se definen los factores ambientales no ligados al animal, así como los efectos genéticos y de ambiente permanente que se han empleado en los análisis posteriores.

- AE<sub>i</sub> : (i=1,...,72) representa el efecto de año-estación de la colecta, donde las clases han sido preparados con el código SAS de la manera siguiente :

If (mescolecta ge 1 And mescolecta le 3) then epoca = 1;  
 If (mescolecta ge 4 And mescolecta le 6) then epoca = 2;  
 If (mescolecta ge 7 And mescolecta le 9) then epoca = 3;  
 If (mescolecta ge 10 And mescolecta le 12) then epoca = 4;

AE = (Añolecta \* 10) + epoca;

, donde la variable mescolecta contiene el mes de colecta, numerado del 1 (enero) al 12 (diciembre).

- EC\_j : (j= 1,...,98) representa el efecto edad a la colecta en meses, la codificación ha sido de la manera siguiente:

j=edadcolecta-11;

If (edadcolecta ge 103 and edadcolecta le 104) then j=103;

If (edadcolecta ge 105 and edadcolecta le 106) then j=104;

If (edadcolecta ge 107 and edadcolecta le 109) then j=105;

If (edadcolecta ge 110 and edadcolecta le 112) then j=106;

If (edadcolecta ge 113 and edadcolecta le 115) then j=107;

If (edadcolecta ge 116 and edadcolecta le 120) then j=108;

If (edadcolecta gt 120) then j=109;

, donde la variable edadcolecta es la edad a la colecta en meses

Alternativamente se definió el efecto de edad en forma de una regresión lineal de la forma:

$\sum_{k=1}^3 b_k x$ , donde  $b_k$  representa el coeficiente de regresión de la edad del toro, x, en días a la colecta. Se incluyó sucesivamente como una covariable lineal, lineal y cuadrática y lineal, cuadrática y cúbica. En los modelos en los que se incluye sustituye al efecto edad a la colecta en clases (EC).

- DCP\_k : (k=1,...,9) representa el efecto del tiempo transcurrido entre dos colectas sucesivas. Se define como un efecto de clases donde:

Do i = 1 to 3 by 1;

    If (Dc eq i) then k = 1;

End;

If (dc eq 4) then k = 2;

If (dc eq 5) then k = 3;

If (dc eq 6) then k = 4;

If (dc eq 7) then k = 5;

If (dc ge 8 and dc le 13) then k=6;

If (dc ge 14 and dc le 21) then k=7;

If (dc ge 22 and dc le 60) then k=8;

If (dc gt 60) then k=9;

, donde la variable dc es el tiempo entre colectas en días

- NE\_m: (m = 1,2) es el efecto de clases del numero de eyaculado. Este factor no afecta a la motilidad post congelación.
- Fi\_l: Efecto de la consanguinidad, efecto de clases (l=1,..., 7), donde las clases han sido establecidas de la manera siguiente :

If (Fi lt 1) then l = 1;  
 If (Fi ge 1 and Fi lt 2.5) then l = 2;  
 If (Fi ge 2.5 and Fi lt 5) then l = 3;  
 If (Fi ge 5 and Fi lt 7.5) then l = 4;  
 If (Fi ge 7.5 and Fi lt 10) then l = 5;  
 If (Fi ge 10 and Fi lt 12.5) then l = 6;  
 If (Fi gt 12.5) then l = 7;

, donde Fi es el coeficiente de consanguinidad individual en porcentaje.

Alternativamente, se probó el ajuste de regresiones lineales, cuadráticas y cúbicas sobre el coeficiente de consanguinidad.

- TCC\_n: (n=1,...,5) es el efecto de clases de tiempo entre colecta y congelación. Este efecto concierne solamente el carácter MPC, y la definición de las clases ha sido de la manera siguiente:

If (tcc ge 300 and tcc lt 360) then n = 1;  
 If (tcc ge 360 and tcc lt 420) then n = 2;  
 If (tcc ge 420 and tcc lt 480) then n = 3;  
 If (tcc ge 480 and tcc lt 540) then n = 4;  
 If (tcc ge 540) then n = 5;

, donde tcc es el tiempo en minutos entre la hora del segundo eyaculado y la de la congelación.

- AS\_r: (r=1,...,934) representa el efecto de año semana de colecta.
- pe\_s: (s=1, ...,502) es el efecto de ambiente permanente de los toros.
- a\_t: (t= 1,...,8439) es el efecto genético aditivo de los animales.

### 2.2.1. Análisis por eyaculado, modelo bicaracter

El objetivo de este estudio fue estimar las correlaciones genéticas entre los dos eyaculados, determinar los efectos de los factores de variación ambiental. La ecuación del modelo fue:

$$y_{ijklst} = \mathbf{AE}_{ci} + \mathbf{EC}_{cj} + \mathbf{DCP}_{ck} + \mathbf{AS}_{cl} + \mathbf{pe}_{cs} + \mathbf{a}_{ct} + \mathbf{e}_{ijklst}$$

, donde  $y_{ijklmn}$  es el vector de observaciones del carácter c, c=1,2, donde 1 = primer eyaculado, 2 = segundo eyaculado. Los efectos incluidos en el modelo han sido definidos anteriormente.

El análisis de los caracteres volumen, concentración, motilidad masal e individual se llevó a cabo mediante un procedimiento bayesiano utilizando el programa TM (Legarra y col., 2008). Este programa obtiene las muestras de las distribuciones posteriores de las incógnitas mediante un muestreo de Gibbs asumiendo que la distribución de muestreo de las observaciones es NMV (0,  $\mathbf{R}_o \otimes \mathbf{I}$ ), donde  $\mathbf{R}_o$  es la matriz de (co)varianzas residuales entre los dos eyaculados. Las distribuciones a priori de los efectos sistemáticos se asumen como planas, para el efecto ambiental permanente se asumen una distribución NMV (0,  $\mathbf{G}_{pe} \otimes \mathbf{I}$ ), donde  $\mathbf{G}_{pe}$  es la matriz de (co)varianzas entre efectos ambientales permanentes, para el efecto de año-semana de colecta también se asumió una distribución NMV (0,  $\mathbf{G}_{as} \otimes \mathbf{I}$ ) y para el efecto genético aditivo se asume una distribución NMV (0,  $\mathbf{G}_a \otimes \mathbf{A}$ ), donde  $\mathbf{G}_a$  es la matriz de (co)varianzas entre efectos genéticos aditivos de los dos eyaculados. Las distribuciones a

priori sobre las (co)varianzas también son planas. En total se obtuvieron 300.000 muestras, de las que se han descartado 50.000 para evitar la dependencia de los valores iniciales.

### **2.2.2. Modelos unicarácter alternativos para cada uno de los caracteres seminales**

Para todos los caracteres se ajustaron una serie de modelos diferentes, que fueron comparados en base a dos criterios de comparación estadísticos dentro del marco del análisis bayesiano. En total, se compararon 12 modelos alternativos para cada carácter. El proceso de selección se hizo en dos etapas. En una primera fase se compararon 7 modelos entre sí. A partir de un modelo que llamamos “modelo de referencia” (MREF) se van suprimiendo efectos para ver la repercusión sobre la capacidad de ajuste y la habilidad predictiva de los modelos. También se probó la inclusión de consanguinidad como un efecto clase. En una segunda fase se compararon los modelos restantes con el modelo completo (MC) que incluía todos los factores con el objeto de ver la repercusión de la distinta definición de determinados efectos, en concreto el nivel de consanguinidad y la edad a la colecta sobre ambos criterios de comparación. En la Tabla 2.5 se presenta una descripción de estos modelos en cuanto a los efectos incluidos además del efecto genético aditivo y el efecto de ambiente permanente ligado al toro que se incluyeron en todos los modelos.

La ecuación del modelo MREF fue:

$$y_{ijklmnrst} = \mathbf{AE}_{ci} + \mathbf{EC}_{cj} + \mathbf{DCP}_{ck} + \mathbf{NE}_{cm} + \mathbf{TCC}_{cn} + \mathbf{AS}_{cr} + \mathbf{pe}_{cs} + \mathbf{a}_{ct} + \mathbf{e}_{cijkmnrst}$$

, donde  $y_{ijklmn}$  : Es el vector de observaciones del carácter c. Recuérdese que en el caso de la motilidad post congelación no se incluyó el efecto TCC.

Para llevar a cabo estos análisis se utilizó un software desarrollado en el grupo de trabajo donde se realizó esta tesis. Este software, además de proporcionar muestras de las distribuciones posteriores de los parámetros de interés, calcula el logaritmo de la densidad marginal asociada a los datos y a cada modelo y una función de chequeo para obtener una medida de la capacidad predictiva de cada modelo. En este caso las distribuciones posteriores se obtienen también mediante un muestreo de Gibbs. Se asume el mecanismo generador de los datos sigue también una distribución NMV  $(0, \mathbf{I}\sigma_e^2)$ . En cuanto a las distribuciones a priori, se utilizaron a prioris prácticamente planos para los efectos sistemáticos, para los que se asumió una distribución NMV  $(0, \mathbf{I}\xi)$ , donde  $\xi = 10^6$ , para el efecto ambiental permanente se asume una distribución NMV  $(0, \mathbf{I}\sigma_{pe}^2)$ , para el efecto año-semana de colecta se asume una distribución NMV  $(0, \mathbf{I}\sigma_{as}^2)$  y para el efecto genético aditivo se asume una distribución NMV  $(0, \mathbf{A}\sigma_a^2)$ . Las distribuciones a priori de los parámetros de dispersión fueron Chi-cuadrado invertida con 4 grados de libertad. Como en el análisis bicarácter anterior, en total se obtuvieron 300.000 muestras, de las que se han descartado 50.000 para evitar la dependencia de los valores iniciales.

Según se ha indicado anteriormente, los modelos descritos en la Tabla 2.5 fueron comparados de acuerdo a la bondad de ajuste, mediante el logaritmo de la densidad marginal (LDM) y a la capacidad predictiva de datos futuros. Ambos estadísticos son calculados por el programa dentro del muestreo de Gibbs. El cálculo del LDM se basa en el estimador sugerido por Newton y Raftery (1994). Para la validación cruzada, la función de chequeo utilizada fue

la siguiente:  $d_r = E_{Y_r|y_{(r)}} [y_r - Y_r]$ , que mide la diferencia entre el valor observado y el predicho,  $Y_r$ . El valor de  $Y_r$  se obtiene utilizando la densidad predictiva de los datos excluyendo el dato de interés ( $y_{(r)}$ ). El mejor modelo será aquel con un valor mínimo de  $D$

donde  $D = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n d_r^2$ , es decir, el promedio sobre todos los datos ( $n$ ) de la del valor esperado de la diferencia entre el valor real y el predicho, al cuadrado. Más detalles del procedimiento se pueden encontrar (López-Romero y col., 2003).

El análisis post Gibbs se realizó con el paquete BOA (<http://www.public-health.uiowa.edu/boa>). La convergencia de las cadenas se aseguró de manera visual después de aplicar el criterio de (Geweke, 1992)

**Tabla 2.5.** Efectos incluidos en los modelos empleados sobre los caracteres seminales además del efecto ambiental permanente y el efecto genético aditivo.

	AE	EC	DCP	Fi	Fi <sup>2</sup>	Fi_c	NE	TCC	AS <sup>a</sup>	Edad	Edad <sup>2</sup>	Edad <sup>3</sup>
MREF	+	+	+	-	-	-	+	+	+	-	-	-
MSAE	+	+	+	-	-	-	-	+	f	-	-	-
MSEC	+	-	+	-	-	+	+	+	+	-	-	-
MSDC	+	+	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-
MSNE	+	+	+	-	-	+	-	+	+	-	-	-
MSTC	+	+	+	-	-	+	+	-	+	-	-	-
MC	+	+	+	-	-	+	+	+	+	-	-	-
MCFL	+	+	+	+	-	-	+	+	+	-	-	-
MCFC	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	-	-
MCEL	+	-	+	-	-	+	+	+	+	+	-	-
MCEC	+	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	-
MCET	+	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+

<sup>a</sup>Los efectos considerados son: AE: año\_estación, EC:edad a la colecta;DCP:días entre colectas consecutivas; Fi=coeficiente consanguinidad individual como covariable lineal; Fi<sup>2</sup>: coeficiente consanguinidad individual como covariable cuadrática; Fi\_c: consanguinidad definida como un efecto de clase; NE: número de eyaculados; TCC: tiempo entre la colecta y la congelación; AS<sup>a</sup>: efecto aleatorio del año semana de la colecta;Edad<sup>1</sup>: edad a la colecta en días como covariable lineal; i=1 a 3. Un +/- indica si el efecto ha sido incluido o excluido del modelo.

El análisis post Gibbs se realizó con el paquete BOA (<http://www.public-health.uiowa.edu/boa>). LA convergencia de las cadenas se aseguró de manera visual después de aplicar el criterio de (Geweke, 1992)

### 2.2.3. Análisis de asociación de los caracteres seminales

Se utilizó un modelo multicarácter que incluía todos los caracteres seminales con el objeto de estudiar la asociación entre ellos. El modelo aplicado para cada carácter fue el denominado modelo completo, MC, en la Tabla 2.5. Para dicho análisis se utilizó nuevamente el programa TM (Legarra y col., 2008), cuyas especificaciones sobre las distribuciones a priori y proceso de muestreo han sido previamente detalladas en el apartado 2.2.1. Igual que

en los casos anteriores, en total se obtuvieron 300.000 muestras, de las que se han descartado 50.000 para evitar la dependencia de los valores iniciales. El análisis post Gibbs se realizó con el paquete BOA (<http://www.public-health.uiowa.edu/boa>). La convergencia de las cadenas se aseguró de manera visual después de aplicar el criterio de (Geweke, 1992).

### **3 Resultados y Discusión**

### 3.1 Análisis de datos fenotípicos

#### 3.1.1 Descripción general de los datos.

En la Tabla 3.1 se presenta un resumen estadístico de los datos fenotípicos para el total de la información. Las medias observadas para los caracteres estudiados son, en general, coincidentes con cifras encontradas en la literatura, excepto para la motilidad individual, para la que se encuentra una media bastante superior a la encontrada por otros estudios sobre toros Holstein (Mathevon y col., 1998; Diarra y col., 1997; Druet y col., 2009), en los que la media de motilidad no supera el 65%. En general todos los caracteres mostraron una variabilidad considerable, atendiendo a los coeficientes de variación, más altos para volumen y concentración.

**Tabla 3. 1.** Descripción de los datos globales de producción de semen

	VOL <sup>2</sup>	CON <sup>2</sup>	MM <sup>2</sup>	MI <sup>2</sup>	MPC
Media	5.42	1157.58	4.08	81.78	48.42
[Min-Máx] <sup>1</sup>	[1-20]	[0-3815]	[0-5]	[0-99]	[0-95]
D.T. <sup>1</sup>	2.65	607.54	0.83	17.92	13.46
C.V. <sup>1</sup>	48.82	52.48	20.53	21.31	27.81

<sup>1</sup>D.T.: Desviación Típica; Mín: Valor Mínimo; Máx: Valor máximo; C.V: Coeficiente de variación (%); <sup>2</sup>VOL: Volumen del eyaculado (ml), CON: concentración del eyaculado (millones de espermatozoides/ml); MM: Motilidad masal (escala de 0 a 5); MI: Motilidad Individual (%);MPC: Motilidad Post\_cogelacion.

**Tabla 3.2.** Descripción de los datos de producción de semen por eyaculado.

	VOL <sub>1</sub>	VOL <sub>2</sub>	CON <sub>1</sub>	CON <sub>2</sub>	MM <sub>1</sub>	MM <sub>2</sub>	MI <sub>1</sub>	MI <sub>2</sub>
Media	5.76	5.06	1336.08	965	4.14	4.02	82.44	81.08
[Min-Máx] <sup>1</sup>	[0-20]	[0-20]	[0-3819]	[0-3215]	[1-5]	[1-5]	[0-99]	[0-99]
D.T. <sup>1</sup>	2.69	2.54	631.19	516.28	0.83	0.83	16.71	18.14
C.V. <sup>1</sup>	46.79	50.31	47.24	53.46	20.26	20.72	20.27	22.37

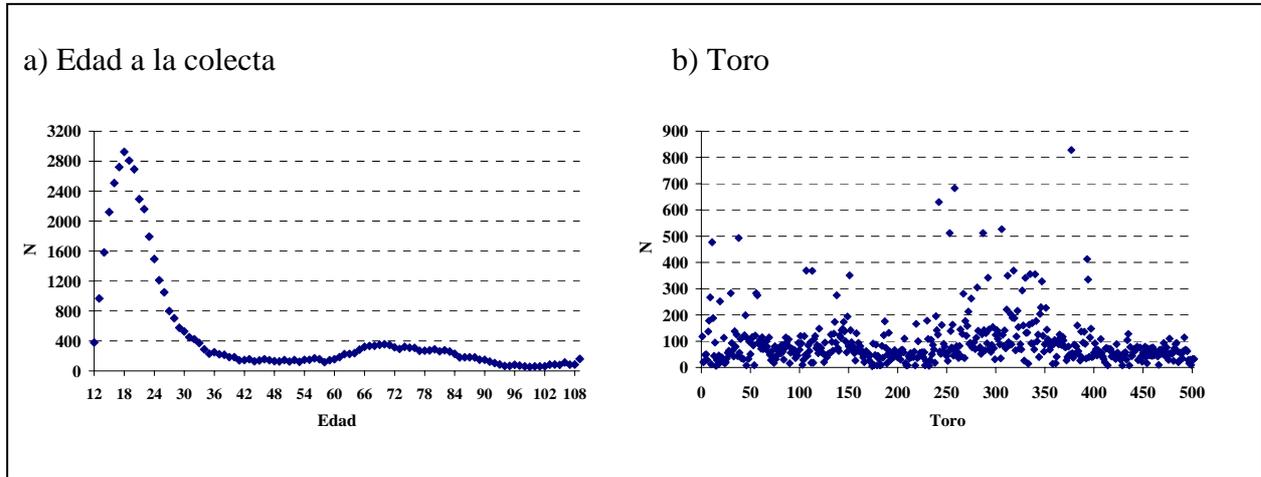
<sup>1</sup>D.T.: Desviación Típica; Mín: Valor Mínimo; Máx: Valor máximo; C.V: Coeficiente de variación (%); <sup>2</sup>VOL<sub>i</sub>: Volumen del eyaculado i (ml), CON<sub>i</sub>: concentración del eyaculado i (millones de espermatozoides/ml); MM<sub>i</sub>: Motilidad masal (escala de 0 a 5); MI<sub>i</sub>: Motilidad Individual (%), i=1,2

En la Tabla 3.2 se presenta un resumen estadístico para cada uno de los caracteres seminales por eyaculado. La media de todos los caracteres fue superior para el primer eyaculado, si bien las diferencias fueron relativamente pequeñas, excepto para la concentración, que fue un 27% menor en el segundo eyaculado que en el primero. La dispersión fue también similar para los dos eyaculados, con una desviación típica algo superior para el primer eyaculado en el caso del volumen y la concentración.

#### 3.1.2. Análisis de las medias por edad y toro

En primer lugar se llevó a cabo un análisis descriptivo de la información en función de los toros y de la edad de los mismos. Para la edad se muestran cifras para cada clase de mes de edad, definidas como se ha indicado en el apartado de Material y Métodos. Es decir, las clases representan meses desde el mes 12 al 103 de edad y se agrupan de dos en dos, tres en tres o más a partir de esa edad (ver detalles en página 21) En la Figura 3.1 se presenta información sobre el número de datos por toro y clases de edad. Las cifras representan la

información para el volumen del eyaculado, siendo muy similar el reparto de información para los otros caracteres.

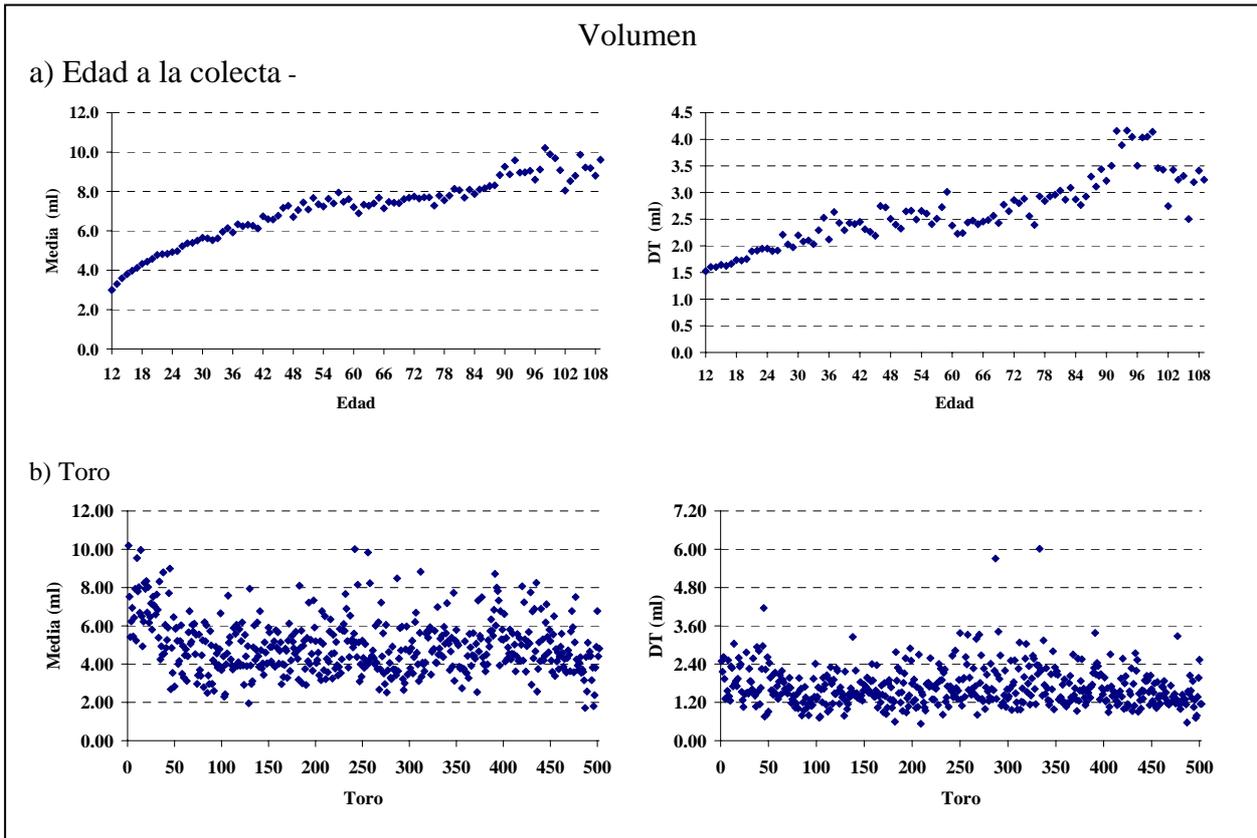


**Figura 3.1. Número de datos por clase de edad (a) y por toro (b) para el carácter volumen del eyaculado**

Como puede verse en la Figura 3.1, el reparto de datos por edad es muy heterogéneo. Este reparto está ligado al funcionamiento del centro de IA, asociado al esquema de prueba de progenie. Entre los 12 y 30 meses de edad se obtiene semen de los toros en prueba semanalmente. Posteriormente, entre los meses 30 y 54 de edad se detiene la extracción de semen hasta que llega la primera valoración genética. Posteriormente se reanuda la extracción rutinaria de semen entre los 54 y 96 meses de edad en los toros que no se han desechado por sus malos resultados en las pruebas de progenie. Así, entre los 12 y los 30 meses de edad encontramos el 67% de la información, entre los 30 y 54 meses hay un 11% de los datos y entre los 54 y 96 meses un 20% de la información. En cuanto a la distribución de datos por toro, se observa una mayor homogeneidad. La mayor parte de los toros (algo más del 70%) tiene por debajo de 100 observaciones, siendo la media 92,7, mientras que sólo un 4% de los toros tenían más de 300 datos.

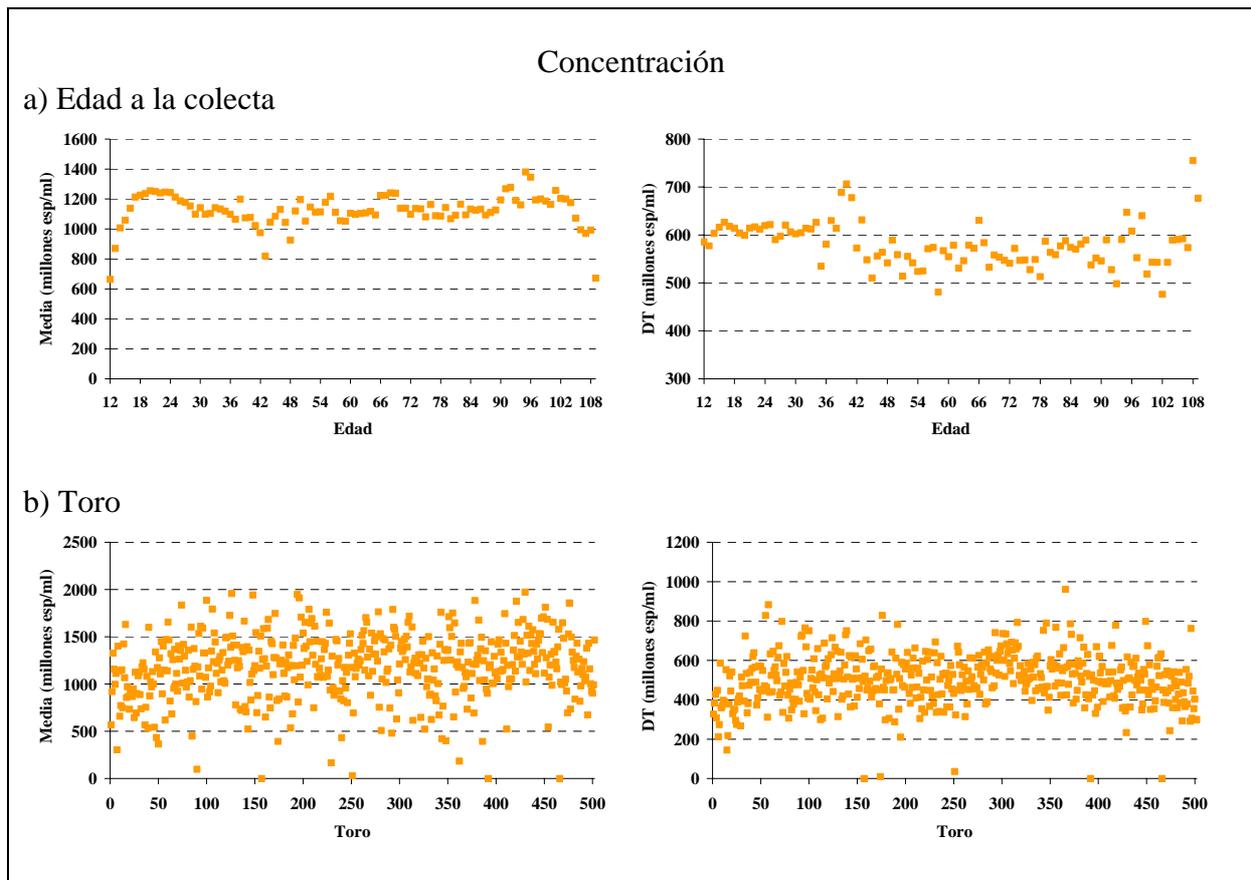
En las Figuras 3.2 a 3.6 se muestra la media y desviación típica por clase de edad y toro para cada uno de los caracteres seminales estudiados.

En cuanto al volumen, se observa un aumento con la edad de una manera logarítmica, con un incremento más importante en los primeros meses en producción y un aumento más lento y continuado hasta las edades más avanzadas. Así, los toros jóvenes producen menos semen, 3.0 ml como media, a la edad de 12 meses, que los toros que tienen más edad, alcanzando producciones medias entre los 8 y 10 ml en las últimas edades registradas. En cuanto a la desviación típica del volumen del eyaculado, también parece incrementar con la edad, en lo que podría ser un efecto de escala. La producción media por toro osciló entre los 2 y los 10 ml, mostrando una mayor densidad entre los 4 y los 5 ml. En cuanto a la desviación típica, sólo tres toros mostraron valores superiores a 3.6 ml.



**Figura 3.2. Media y desviación típica de los datos de volumen por clase de edad (a) y por toro (b).**

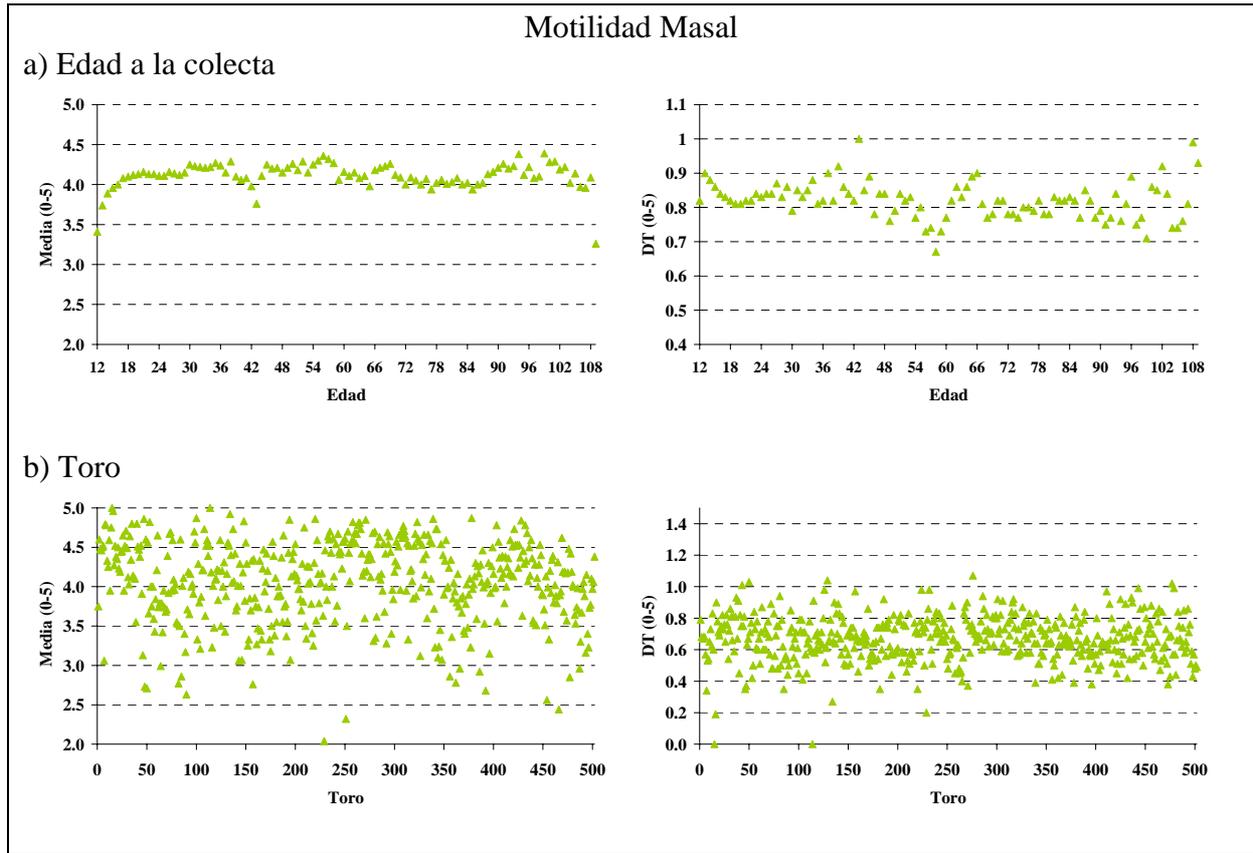
Para la concentración se observó que la edad tiene un efecto considerable sobre este carácter, pero la tendencia difiere de la observada para el volumen. De hecho, se pueden distinguir tres fases en la curva de la concentración. En primer lugar observamos una fase corta entre 12 y 24 meses donde la concentración media pasa de 600 a 1200 millones de espermatozoides/ml, es decir, en este intervalo al menos se dobla la producción de espermatozoides sólo por el aumento de concentración. Si a ello sumamos el incremento en el volumen del eyaculado, el incremento aún es mayor. Este importante aumento puede ser consecuencia del desarrollo sexual de los toros jóvenes entre 1 y 2 años de edad. La segunda fase es una fase de equilibrio, entre los 24 y 96 meses de edad, donde la tendencia de la concentración es bastante estable, alrededor de 1100 millones de espermatozoides /ml y tiene la forma de un 'plateau'. Por último, se observa una fase de descenso a partir de los 96 meses. En esta fase se registra una caída dramática de la concentración media, que puede bajar a 200 millones de espermatozoides / ml. En cuanto a la desviación típica, no se observa un patrón tan claro como en el caso del volumen si bien es cierto que parece observarse una ligera tendencia a reducirse a partir de los 42 meses de edad con un repunte final a partir de los 108 meses de edad. Dicho incremento coincide con la reducción en la cantidad de datos disponible a edades tardías. La concentración espermática media por toro mostró una agrupación entre los 1000 y 1500 millones de espermatozoides/ml, con aproximadamente un 60% de los datos en este rango. En cuanto a la desviación típica, la tendencia general fue a mantener valores por debajo de 600, si bien hay un 5% de los toros que muestran desviaciones estándar por encima de 700 millones de espermatozoides/ml.



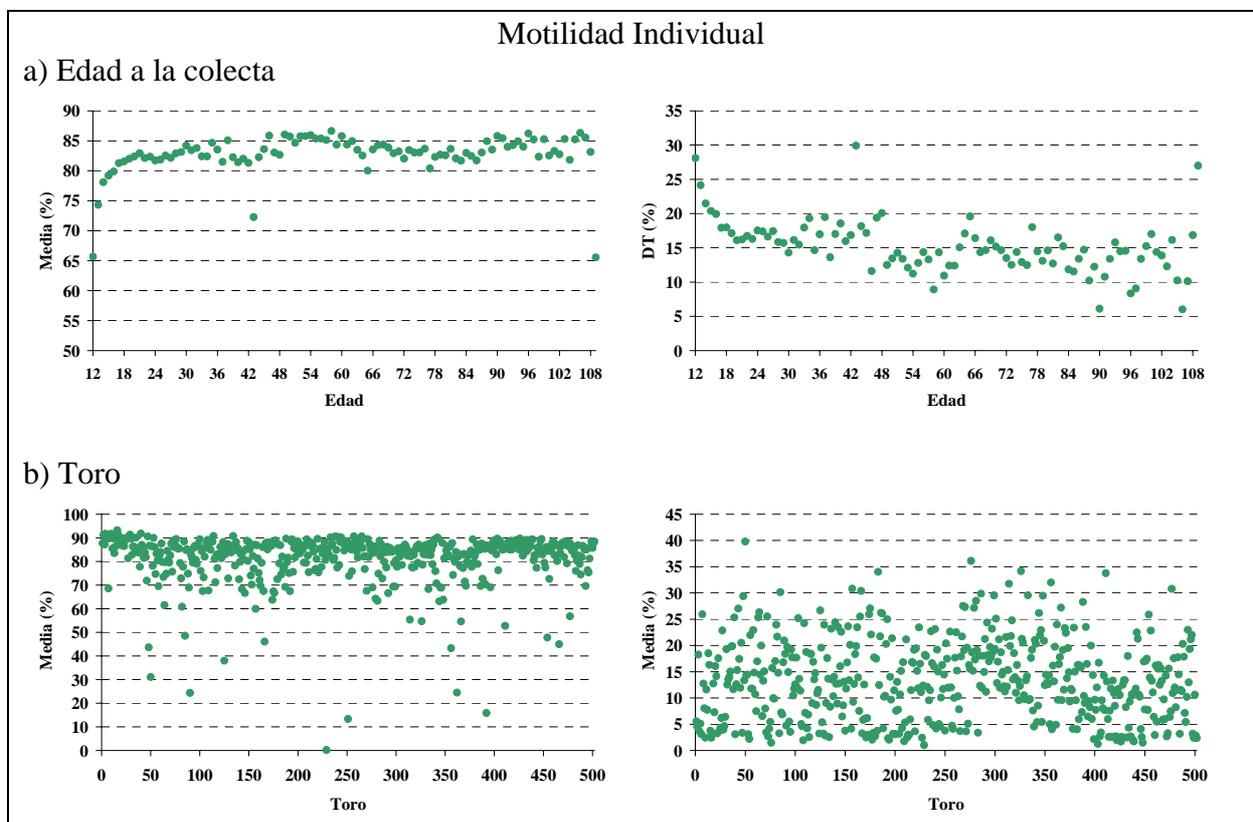
**Figura 3.3. Media y desviación típica de los datos de concentración por clase de edad (a) y por toro (b).**

La tendencia en las tres motilidades por clase de edad es similar a la observada para la concentración, con las tres fases de ascenso entre los 12 y 24 meses, ‘plateau’ entre los 24 y 96 meses. Esto concuerda con la etapa de maduración sexual que se ha mencionado al hablar de la evolución de la concentración con la edad. La desviación típica parece mostrar una tendencia inversa a la de la media, si bien el patrón no es muy claro.

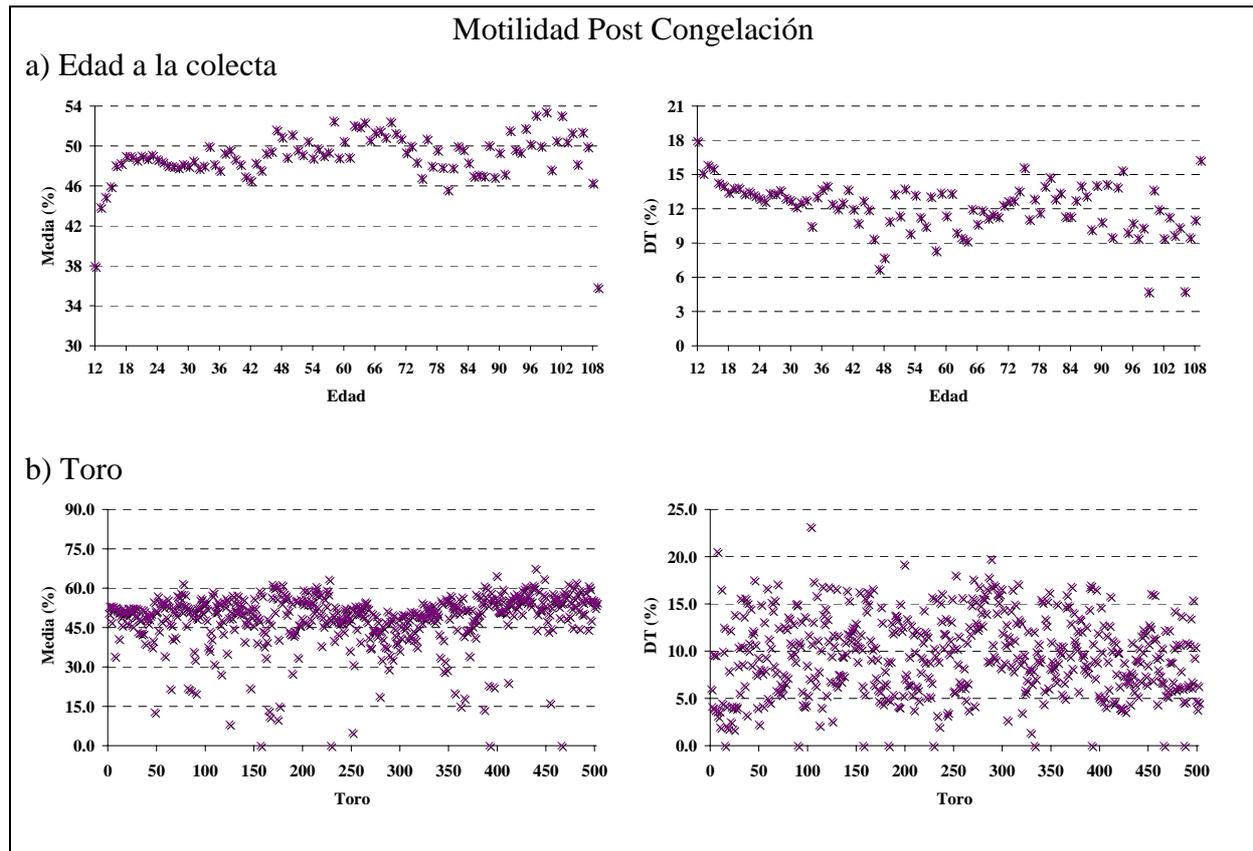
En cuanto a las medias y desviaciones típicas por toro se observa una concentración de valores altos de motilidad individual y postcongelación. Así, sólo un 10% y un 12% de los toros mostraron valores por debajo del 70% y 40% para la motilidad individual y postcongelación, respectivamente. Sin embargo, el rango de variación de las desviaciones típicas fue notable.



**Figura 3.4. Media y desviación típica de los datos de motilidad masal por clase de edad (a) y por toro (b)**



**Figura 3.5. Media y desviación típica de los datos de motilidad individual por clase de edad (a) y por toro (b)**



**Figura 3.6. Media y desviación típica de los datos de motilidad post-congelación por clase de edad (a) y por toro (b)**

### 3.2. Tendencias fenotípicas

En la Figura 3.7 se presenta la evolución de los caracteres seminales en función del año de nacimiento de los toros. Los años de nacimiento fueron de 1980 a 2006. A la hora de interpretar los resultados mostrados en la mencionada figura hay que tener en cuenta que en el año 1980 sólo hay reflejados datos de un toro.

Si ignoramos el primer año de nacimiento, correspondiente a un único toro con una media de volumen muy alta y de concentración espermática muy baja, la tendencia más clara es en el volumen del eyaculado. Para este carácter se observa un descenso de una manera continua a lo largo de tiempo, es decir los toros que nacieron recientemente producen menos volumen de eyaculado que los toros nacieron durante los años anteriores, la diferencia puede llegar a 3 ml entre los niveles de año de nacimiento. Para la concentración, se apunta una ligera tendencia a aumentar, siendo el incremento alrededor de 250 millones de espermatozoides por ml. Este resultado estaría de acuerdo con el antagonismo entre volumen y concentración encontrado en muchos estudios (ver, p.ej., Druet y col., 2009). En cuanto a las motilidades, la tendencia fenotípica es muy leve. La motilidad masal muestra una tendencia ligeramente descendente, con picos en dientes de sierra.

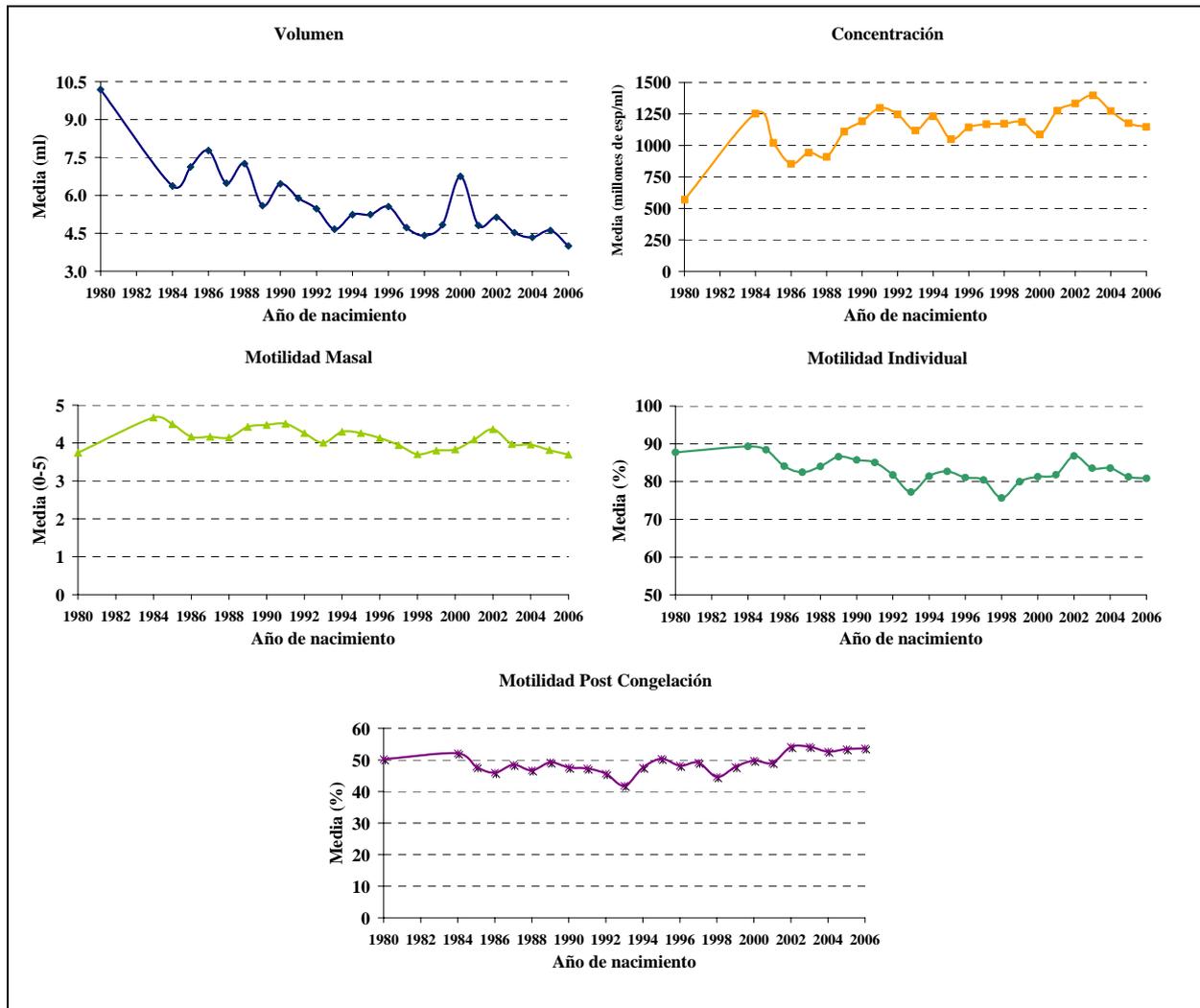


Figura 3.7. Medias fenotípicas por año de nacimiento de los toros para los caracteres seminales

Por otra parte, las dos motilidades individuales, pre y post-congelación muestran un patrón cóncavo, con una tendencia al descenso en los primeros años y una ligera recuperación en el último periodo. El empeoramiento de los niveles de producción y calidad seminal observados en la mayor parte de los caracteres estudiados podría ser debido a dos causas. Por una parte, los niveles de consanguinidad crecientes en esta población, según se muestra en el siguiente apartado, podrían tener un efecto de depresión consanguínea sobre estos caracteres, que pueden considerarse como caracteres de fitness. Por otra parte, la fuerte selección por caracteres de producción lechera puede haber tenido asociado una respuesta negativa correlacionada en los caracteres seminales. Estas hipótesis se volverán a discutir cuando se presenten las estimas del efecto consanguinidad y las tendencias genéticas estimadas en esta población.

## 3.2. Análisis del pedigrí

### 3.2.1. Estructura de población

La media del número de generaciones de nuestra población fue de 13 y el máximo de número de generaciones conocidas fue 36. En la Tabla 3.3 presentamos los intervalos generacionales de las cuatro vías posibles:

**Tabla 3.3.** Media y desviación típica (DT) de los Intervalos generacionales (años) en las cuatro vías de selección

Vía	N <sup>1</sup>	Intervalo	DT
Padre-Hijo	2808	5.99	5.91
Padre-Hija	5457	6.41	3.59
Madre-Hijo	2743	5.24	5.85
Madre-Hija	5210	4.11	5.43
Media	16218	5.40	5.15

<sup>1</sup>N: Número de parejas de individuos.

El intervalo generacional medio (5,4) corresponde al habitual en el vacuno de leche (ver, p.ej., Maltecca et al., 2002) pero las desviaciones típicas son altas en todas las vías. De manera similar, los intervalos generacionales por cada una de las vía de selección son también concordantes con los descritos en otros estudios, a excepción del intervalo padre-hijo, que fue más bajo en esta población que en otros estudios (ver, p.ej., Maltecca et al., 2002). Los intervalos vía macho en general tendieron a ser más largos que los intervalos vía hembra, que es de nuevo el patrón general encontrado en diversas poblaciones de Holstein europeo (ver, p.ej., Maltecca et al., 2002).

### 3.2.2. Consanguinidad

En la Tabla 3.4 se presenta un sumario estadístico del coeficiente de consanguinidad individual para los toros con dato y para el total de animales en el archivo de pedigrí.

**Tabla.3.4** Media (%), Desviación Típica (DT, %), Coeficiente de Variación (CV,%), valor mínimo (Min,%) y máximo (Máx,%) del coeficiente de consanguinidad individual

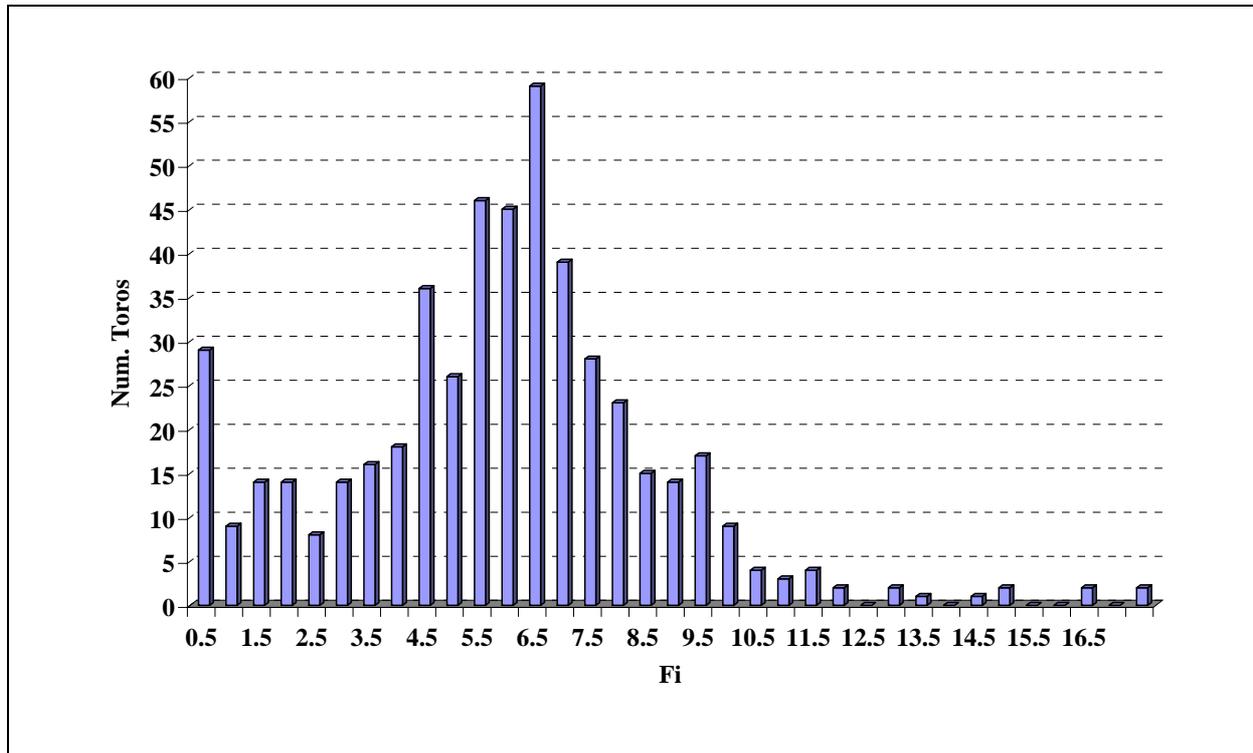
	N <sup>1</sup>	Media	DT <sup>1</sup>	CV <sup>1</sup>	Mín <sup>1</sup>	Máx <sup>1</sup>
Toros con dato	502	5.1	2.8	56.2	0	16.9
Animales en pedigrí	12219	1.3	3.2	243.1	0	44.5

<sup>1</sup>N: Número de animales D.T.: Desviación Típica; Mín: Valor Mínimo; Máx: Valor máximo; C.V: Coeficiente de variación

El nivel medio de la consanguinidad en la población que constituyen todos los toros del pedigrí de Aberekin es ligeramente inferior al encontrado en otros estudios sobre poblaciones Holstein (Miglior y Burnside,1995; Sewalem y col. 2006). Sin embargo, el nivel de consanguinidad de los toros con datos fue de alrededor de un 5% . Esta última cifra supone un máximo de los valores de consanguinidad reportados en otras poblaciones de vacuno lechero, valores que oscilan entre 2,64 y el 4,7% (Miglior y Burnside, 1995; Van Raden, 2002; Kearney y col. 2004; Sørensen y col. 2005; Sewalem y col. 2006; González-Recio y col. 2007). Gonzalez-Recio y col (2007) en su estudio sobre la población de vacas y toros asociada al centro de IA Aberekin encuentran niveles medios de consanguinidad del orden de

un 3%. Por otro lado, los niveles de consanguinidad máxima reportados en la población Holstein canadiense han sido de 37.5% en el estudio de Miglior y Burnside (1995) y de 44,71% en el estudio de Sewalem y col. (2006) y del 39% de máximo en la población Holstein española del estudio de González-Recio y col. (2007). Como puede apreciarse en la Tabla 3.2, los valores máximos son superados en el total de la población, no así en los toros con dato.

La Figura 3.8. refleja la distribución de frecuencias del coeficiente de consanguinidad para los toros con dato.



**Figura 3.8. Número de toros con dato por intervalo de valores del coeficiente de consanguinidad individual (Fi). La amplitud del intervalo fue de 0.5 puntos.**

El 70% de los toros mostraron niveles de consanguinidad individual por debajo del límite de 6,25%, que es el nivel de consanguinidad esperado del apareamiento de progenie de medios hermanos no consanguíneos y que podría considerarse como moderadamente alto y factible en las poblaciones Holstein. Sewalem y col. (2006) comentan que dicho nivel de consanguinidad es más bajo de lo esperado en poblaciones reales de vacuno de leche debido al alto porcentaje de relaciones de parentescos entre los animales candidatos a reproductores (12%). En la población de toros con datos, el 27% de los toros presentaron un coeficiente de consanguinidad superior al 6,25% y 8 de los 502 toros presentaban niveles de consanguinidad superiores al 12%. Solamente, un 5.8 % de los toros de toros resultaron ser no consanguíneos.

En la Figura 3.9 se representa la evolución del nivel de consanguinidad medio por año de nacimiento de los animales con dato y el total de animales en el pedigrí. Además, se distingue entre el nivel medio de animales totales y de animales consanguíneos (aquellos con  $Fi > 0$ ).

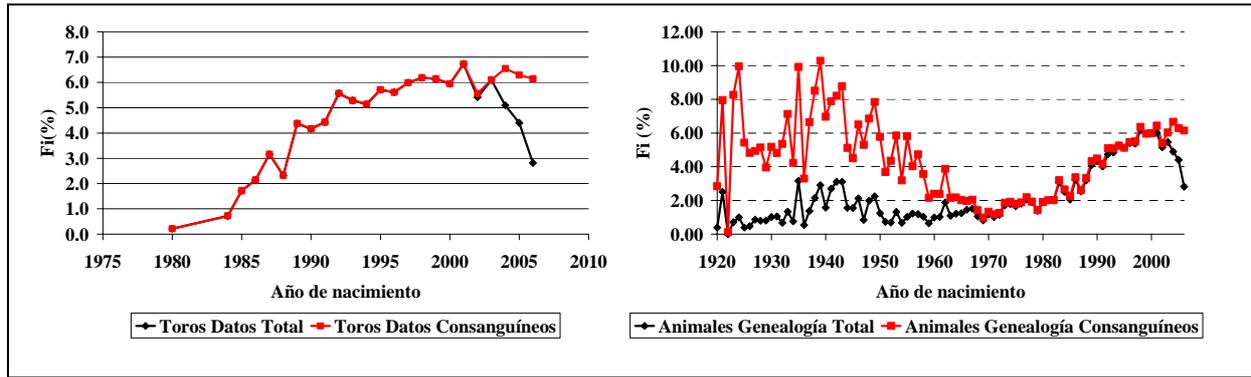


Figura 3.9. Evolución del promedio del coeficiente de consanguinidad individual (Fi) en función del año de nacimiento de los toros con datos (izquierda) y del total de animales en el pedigrí (derecha). Se distingue entre el total de animales de cada caso y animales consanguíneos.

La tendencia del nivel de consanguinidad ha sido ascendente, observándose un periodo de ascenso más rápido entre los años 1984 y 1992, pasando de niveles cercanos al 1% a niveles medios próximos al 6%. Posteriormente el nivel de consanguinidad sólo ha aumentado en aproximadamente un 1,5%. Como media, se ha producido un aumento de 0,3%/año contando sólo los animales consanguíneos. Si se consideran todos los animales se observa una bajada de los niveles de consanguinidad en los últimos años. Teniendo en cuenta sólo los animales consanguíneos, el incremento medio de consanguinidad por año es de un 0,27, por encima de las cifras que proporcionan Kearney y col. (2004), de un 0,17% anual para la población británica entre 1992 y 2002, y Sørensen y col. (2005) de alrededor del 1% por generación para la población danesa. Al nivel de la población completa se pueden distinguir dos fases. En la primera, que transcurre hasta los años 70, la consanguinidad de los individuos consanguíneos es muy grande en relación a todos los individuos de la población. En la segunda fase, ambas curvas convergen indicando el incremento en el grado de parentesco en la población que se traduce en el incremento de animales consanguíneos. A partir de la década del 2000 parece observarse un descenso en los niveles de consanguinidad totales tanto en animales con datos como en la población global. Dicho descenso, que se produce a partir del año 2000 (en la población) y 2003 (en los toros con datos) puede reflejar una toma de conciencia sobre el riesgo que la tendencia presentada pudiera suponer para las características productivas y funcionales de la población. González-Recio y col. (2007), en un estudio sobre características de fertilidad de las vacas frisonas del País Vaco, encontraron un efecto negativo de los niveles de consanguinidad de las vacas sobre el porcentaje de preñez y la dificultad al parto.

### 3.3. Análisis por eyaculado (modelo bi-carácter)

En la Tabla 3.5 se muestran las estimas de los componentes de varianza así como de las heredabilidades y de las repetibilidades de los caracteres seminales para cada uno de los dos eyaculados. Dichas estimas fueron obtenidas con el modelo bicarácter (ver ecuación [2.1]).

**Tabla.3.5. Medias y desviación típica a posteriori (entre paréntesis) de las varianzas genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ), ambiental permanente ( $\sigma_{pe}^2$ ), año-semana de colecta ( $\sigma_{as}^2$ ) y residual ( $\sigma_e^2$ ), heredabilidad ( $h^2$ ) y repetibilidad ( $r^2$ ) de los caracteres seminales para cada uno de los dos eyaculados.**

Carácter <sup>1</sup>	$\sigma_a^2$	$\sigma_{pe}^2$	$\sigma_{as}^2$	$\sigma_e^2$	$h^2$	$r^2$
VOL1	1.05 (0.22)	0.43 (0.16)	0.007 (0.0)	3.17 (0.03)	0.22 (0.04)	0.32 (0.02)
VOL2	0.78 (0.16)	0.41 (0.13)	0.005 (0.0)	2.95 (0.02)	0.18 (0.03)	0.29 (0.01)
CON1	5.17 (1.64)	7.63 (1.39)	0.7 (0.08)	23.7 (0.23)	0.13 (0.04)	0.34 (0.01)
CON2	4.72 (1.19)	3.51 (0.94)	0.37 (0.05)	16.69 (0.16)	0.18 (0.04)	0.32 (0.02)
MM1	0.08 (0.03)	0.13 (0.02)	0.01 (0.01)	0.4 (0.00)	0.13 (0.04)	0.33 (0.02)
MM2	0.08 (0.02)	0.11 (0.02)	0.01 (0.0)	0.42 (0.00)	0.13 (0.04)	0.32 (0.02)
MI1	23.05 (14.18)	81.82 (13.94)	2.45 (0.49)	195.71 (1.91)	0.07 (0.04)	0.34 (0.02)
MI2	22.59 (13.94)	77.71 (12.33)	3.03 (0.65)	250.35 (2.47)	0.06 (0.03)	0.28 (0.02)

<sup>1</sup>VOL1/2: Volumen del eyaculado (ml); CON1/2: concentración espermática (millones de espermatozoides/ml\*10<sup>4</sup>); MM1/2: Motilidad masal (0-5); MI1/2: Motilidad individual (%)

En general las estimas de las varianzas tendieron a ser algo más bajas en el segundo eyaculado: En cuanto a las estimas de varianzas de efectos ambientales, fue la concentración el carácter que mostró diferencias más notables, mostrando una mayor variabilidad en el primer eyaculado que en el segundo. Las estimas de heredabilidad fueron moderadas para el volumen y la concentración y algo más bajas para las motilidades. La estima de heredabilidad para la motilidad individual fue particularmente baja comparada con otros estudios en poblaciones bovinas (ver Tabla 1.2). Una posible explicación es la anómala distribución de las observaciones, concentradas en valores muy altos para casi todos los toros que parece afectar de manera particular a las estimas de las varianzas residuales. Por otro lado, en la Figura 3.5b, se observa que existe una gran dispersión en las desviaciones típicas de las medidas fenotípicas por toro. Esto podría ser indicación de una mala medición del mismo por el componente subjetivo de la medida o de la existencia de factores que influyen de forma particular a determinados individuos y que no estuvieran recogidos en el modelo. Wolf y Smital (2009) obtuvieron una estima de heredabilidad similar en porcino (0.05), con una situación similar donde la magnitud de la varianza residual fue sustancialmente mayor a la aditiva y a la permanente. Dado que, en general, las heredabilidades de ambos eyaculados dentro del mismo carácter fueron similares, podemos decir que la proporción de la componente genética que explica el carácter fenotípicamente es la misma independientemente del número del eyaculado.

Los valores de la repetibilidad fueron muy similares para los dos eyaculados y para todos los caracteres, alrededor de 0,30, indicando que las medidas tomadas a lo largo de la vida productiva de los toros son sólo moderadamente repetibles. Esto puede ser debido a que medidas tomadas en tiempos muy distantes pueden no estar casi correlacionadas. En nuestro

caso, el lapso de tiempo considerado, entre los 12 y 138 meses, o sea, entre 1 y 11,5 años de edad es muy amplio y podría explicar esta escasa repetibilidad media.

En la Tabla 3. 6 se muestran las medias y desviación estándar a posteriori de las correlaciones fenotípicas y genéticas entre los dos eyaculados. Para todos los caracteres seminales las estimas de las correlaciones genéticas fueron altas, entre 0.84 para la motilidad individual y 0.95 para la motilidad masal. Esto indica que los mecanismos genéticos que regulan la producción y calidad seminal son similares en ambos eyaculados y que podemos considerar las medidas procedentes de los dos eyaculados tomados en cada día de colecta como medidas repetidas del mismo carácter. Las estimas de las correlaciones fenotípicas entre eyaculados fueron moderadas, oscilando entre 0.4 y 0.50. El valor más alto de las correlaciones entre eyaculados que dentro de eyaculados (obtenidas a partir de la repetibilidad) podría indicar que puede existir más diferencias en los mecanismos que determinan la producción y calidad seminal a lo largo de la vida del animal que entre los dos eyaculados recogidos en una misma fecha. Tanto los valores de las heredabilidades como los de las correlaciones genéticas y fenotípicas para el VOL y las motilidades están próximos a los valores estimados por Diarra y col. (1997) en la población de Holstein canadiense.

**Tabla. 3. 6.** Medias y desviaciones típicas a posteriori (entre paréntesis) de las correlaciones genéticas (Corrg) y fenotípicas (Corrp) entre eyaculados para cada uno de los caracteres seminales

Caracteres <sup>1</sup>	Corrg <sub>(1,2)</sub>	Corrp <sub>(1,2)</sub>
VOL	0.94 (0.02)	0.41 (0.01)
CON	0.91 (0.06)	0.43 (0.01)
MM	0.95 (0.03)	0.50 (0.01)
MI	0.84 (0.12)	0.46 (0.01)

<sup>1</sup>VOL1/2: Volumen del eyaculado (ml); CON1/2: concentración espermática (millones de espermatozoides/ml\*10<sup>4</sup>); MM1/2: Motilidad masal (0-5); MI1/2: Motilidad individual (%)

### **3.4. Resultados de análisis con modelos unicarácter**

#### **3.4.1. Selección del modelo de análisis**

En total, se compararon 12 modelos alternativos para cada carácter. Los modelos han sido definidos previamente en la Tabla 2.5. En la Tabla 3.7 se muestran los valores del LDM y del criterio de medida de capacidad predictiva, D, para cada uno de los modelos estudiados.

**Tabla 3.7.** Capacidad predictiva (D) y logaritmo de la densidad marginal (LDM) de los modelos unicarácter comparados.

Modelos <sup>1</sup>	VOL		CON		MM		MI		MPC	
	D	LMD	D	LMD	D	LMD	D	LMD	D	LMD
MREF	3.25	-92966.55	213367.24	-341819.42	0.42	-45417.67	213.49	-191510.19	112.05	-166736.42
MSAE	3.29	-92957.98	214969.85	-341808.54	0.43	-45409.24	234.04	-191506.56	112.69	-166737.87
MSEC	<b>3.36</b>	<b>-93850.49</b>	221683.31	-342718.32	<b>0.44</b>	<b>-46428.67</b>	<b>236.97</b>	<b>-192097.80</b>	<b>115.04</b>	<b>-167386.09</b>
MSDC	3.27	-93139.13	213707.18	-341847.63	0.42	-45455.63	231.71	-191544.36	112.23	-166783.61
MSNE	3.33	-93589.27	<b>252563.20</b>	<b>-345664.50</b>	0.43	-45679.97	232.09	-191577.64	-	-
MSTC	-	-	-	-	-	-	-	-	112.01	-166790.93
MC	3.25	-92963.68	213367.24	-341805.35	0.42	-45409.58	231.48	-191506.86	112.05	-166755.43
MCFL	3.25	-92981.54	213368.35	-341812.06	0.42	-45406.98	231.49	-191577.64	115.05	-167376.95
MCFC	3.25	-92988.32	213376.43	-341822.69	0.42	-45424.57	231.47	-191517.76	112.08	-166750.47
MCEL	3.36	-93828.01	221650.81	-342709.36	0.44	-46424.69	237.02	-192085.22	115.05	-167376.95
MCEC	3.26	-93143.83	218324.24	-342373.63	0.43	-46048.60	234.51	-191877.66	113.29	-167040.24
MCET	3.26	-93123.92	216009.10	-342119.54	0.43	-45793.48	233.91	-191788.79	112.89	-166944.98

<sup>1</sup>Los modelos están explicados en la Tabla 2.5 del capítulo anterior.;

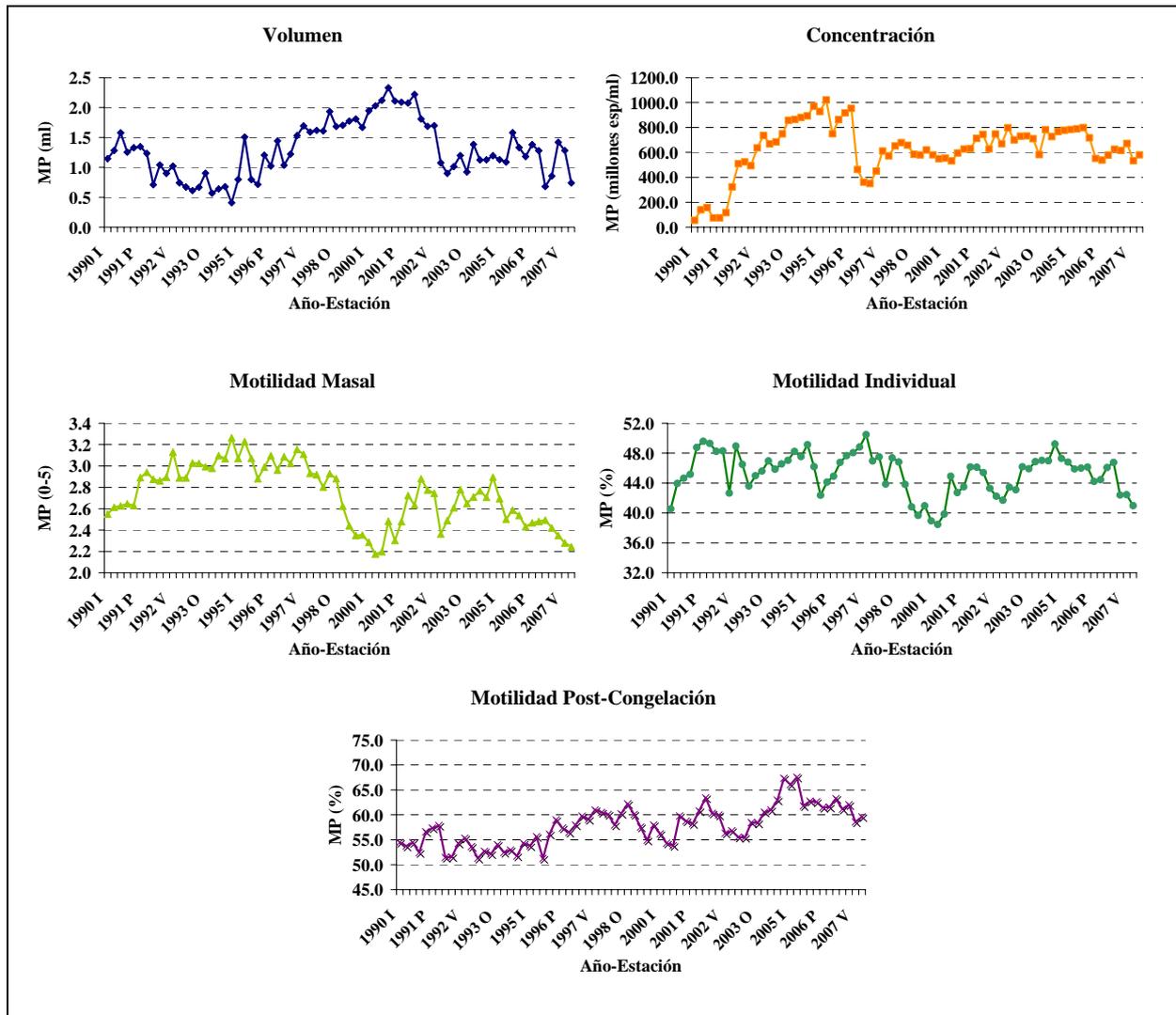
Para cada uno de los caracteres se ha marcado en negrilla el modelo en el que la eliminación de un determinado factor, tuvo más efecto tanto sobre la bondad de ajuste (LDM) como la capacidad predictiva (D). Así para todos los caracteres con excepción de la concentración, el efecto con más repercusión sobre ambos criterios fue la edad a la colecta (modelo MSEC), para la concentración fue el número de eyaculado (modelo MSNE). Según la escala de Jeffreys, la evidencia a favor del modelo de referencia (MREF) frente a MSEC para el volumen y las motilidades y frente a MSNE para la concentración, fue muy fuerte ( $FB > 150$ ). Paralelamente, la capacidad predictiva de los mencionados modelos resultó negativamente afectada. MSEC y MSNE presentaron unos valores de D mayores que los correspondientes al modelo MREF.

La inclusión de la consanguinidad como un efecto de clase (MC) tuvo un efecto positivo para todos los caracteres excepto para la motilidad post congelación. Los modelos MC presentaron una mayor bondad de ajuste que los MREF sin alterar la capacidad predictiva de los mismos (valores de D iguales a MREF para todos los caracteres). De nuevo, como en el caso anterior, la evidencia a favor del modelo MC de acuerdo a la escala de Jeffreys frente al MREF fue fuerte ( $FB > 12$ ) para el volumen y la motilidad individual y muy fuerte ( $FB < 150$ ) para el resto de los caracteres. La inclusión como covariable del coeficiente de consanguinidad (lineal o cuadrática) o de la edad a la colecta (lineal, cuadrática y cúbica) no tuvo efecto un positivo sobre los modelos.

### **3.4.2. Soluciones de los efectos sistemáticos**

En las Figuras 3.8, 3.9, 3.10, 3.11 y 3.12 presentamos las medias posteriores de los efectos del año-época de colecta (AE), edad a la colecta (EC), días a la colecta previa (DCP), número de eyaculado (NE) y consanguinidad en clases sobre los caracteres seminales, respectivamente, para el que hemos llamado modelo completo (MC).

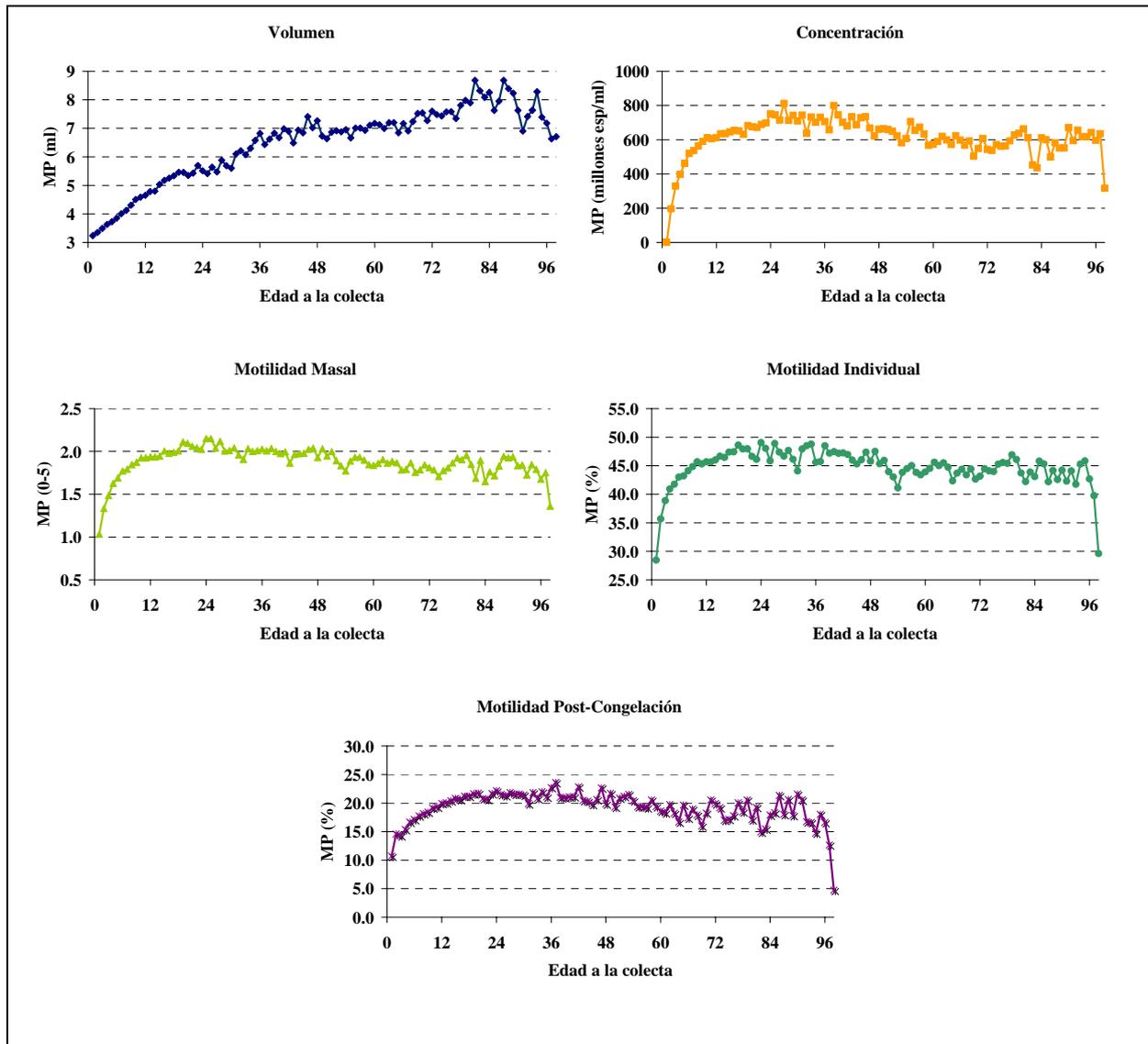
El efecto del año-estación, junto con el efecto año-semana de colecta (que se ha ajustado como una desviación alrededor del valor 0), recogen tanto tendencias estacionales como cambios en las técnicas y prácticas del laboratorio u otros aspectos ambientales que influyen en las determinaciones de los caracteres seminales en el momento de la colecta y forman el llamado grupo de comparación. En la Figura 3.8 sólo se muestra la solución para el efecto año-estación. La aportación del efecto año-semana de colecta fue relativamente pequeña (datos no mostrados), como indica el bajo valor de la estima de la varianza asociada a este efecto mostrada más adelante (ver Tabla 3.9), por lo que no se espera que la adición de este efecto induzca modificaciones importantes en relación a lo observado en la Figura 3.8. En cuanto a la estacionalidad, no se ha observado ninguna tendencia para los caracteres estudiados. La ausencia de tendencias claras entre las diferentes estaciones se puede explicar por la naturaleza de la especie bovina, que es una especie no estacional y nuestro estudio recoge las contradicciones encontradas en los diferentes estudios. Por ejemplo, Menéndez y col. (1984) y Schwab y col. (1987) encontraban que se produce más semen en el invierno y Everett y col. (1978) y Fuente y col., (1984) encontraban que la producción de semen es óptima durante la primavera.



**Figura 3.10. Medias posteriores (MP) asociadas al efecto Año-Estación de colecta para los caracteres estudiados**

En cuanto a otros posibles factores que hayan podido modificar las condiciones ambientales de producción, tampoco se observan tendencias claras, con la excepción de una disminución drástica en la concentración entre la primavera y el verano del año 1996 y una tendencia ascendente para el carácter motilidad post congelación. Una posible explicación en la mejora de la motilidad post congelación podría estar asociada a una mejora de los protocolos de congelación, que habrá que contrastar con el centro de IA. La diferencia entre el máximo y mínimo valor de las medias posteriores fue superior a la desviación típica posterior sólo para la concentración y para la motilidad post-congelación, por lo que, aunque se observan algunos cambios más notables en la evolución de efectos ligados al ambiente, como es una bajada en la motilidad masal e individual en el año 2000, no puede hablarse de efectos significativos. Esto se refleja en el escaso impacto que la exclusión de este efecto ha tenido sobre los criterios LDM y D según se refleja en la Tabla 3.7.

En cuanto al efecto de la edad, todos los caracteres de semen son afectados por el efecto de edad a la colecta. Así, el volumen seminal aumenta de forma continua con la edad, si bien el ritmo de incremento no es lineal, sino decreciente con la edad, observándose una ligera tendencia a disminuir al final del periodo estudiado. La diferencia entre los niveles extremos de este factor (estimado máximo-estimado mínimo) es 5,4 ml, que es una diferencia notable sabiendo que la media de este carácter es 5 ml.



**Figura 3.11. Medias posteriores (MP) asociadas al efecto Edad a la colecta para los caracteres estudiados**

Para el resto de caracteres se observa una fase ascendente más rápida hasta los 24 meses de edad, aproximadamente, estabilizándose hacia los 36 meses, momento a partir del cual estos caracteres parecen mantener el nivel estable hasta las últimas clases de edad consideradas en este estudio. Para todos estos caracteres se observó un descenso brusco en la última clase de edad (superior a 120 meses). Como ya se comentó al presentar la evolución de los datos fenotípicos brutos con la edad (Figuras 3.2 al 3.6), la primera fase correspondería al desarrollo sexual de los individuos y la segunda es la estabilidad de la producción de semen debido a la adquisición del reflejo de producir semen. Las diferencias entre el valor máximo y mínimo para este factor alcanzaron los 800 millones de espermatozoides/ml para la concentración, 1,1 puntos para la motilidad masal y, aproximadamente, 20 puntos para las motilidades pre y post congelación.

El factor edad a la colecta fue el primer efecto en importancia para la mayoría de los caracteres de punto de vista de la importancia en los procesos de selección de las variables candidatas. El factor edad tenía un efecto positivo sobre los caracteres seminales en la mayoría de los estudios lo que coincide con nuestros resultados, aunque había algunos estudios que encontraban un efecto negativo de la edad sobre el volumen y el número de eyaculado (Fuerst-Waltl y col., 2006; David y col., 2007). En algunos estudios se han

estimado los efectos genéticos dividiendo la variable de tiempo edad en intervalos para estimar el merito genético en diferentes fases de la edad (Oh y col., 2006; Serrano y col., 2006; Carabaño y col, 2007).

El intervalo entre colectas tuvo un efecto que no puede considerarse significativo sobre los caracteres seminales ya que las desviaciones posteriores de los efectos de los niveles de cada factor fueron superiores a las diferencias entre las medias posteriores de los niveles con máximo y mínimo valor. Para el volumen, sí se observó una cierta tendencia a aumentar con el aumento de días entre colectas hasta el nivel 8, es decir un intervalo entre dos colectas entre 22 y 60 días, pero la diferencia entre el valor máximo y mínimo no fue superior a 1 ml.

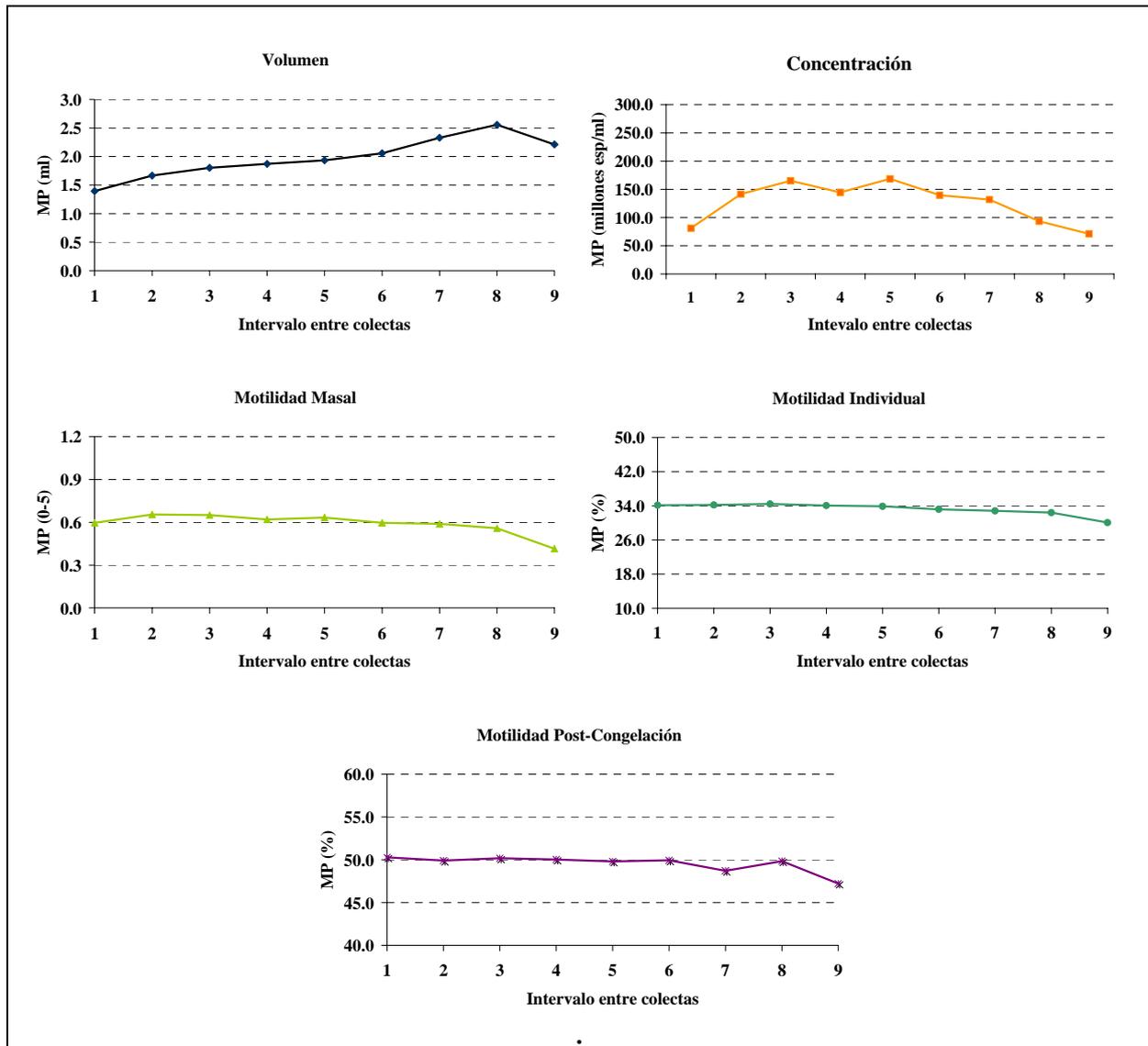
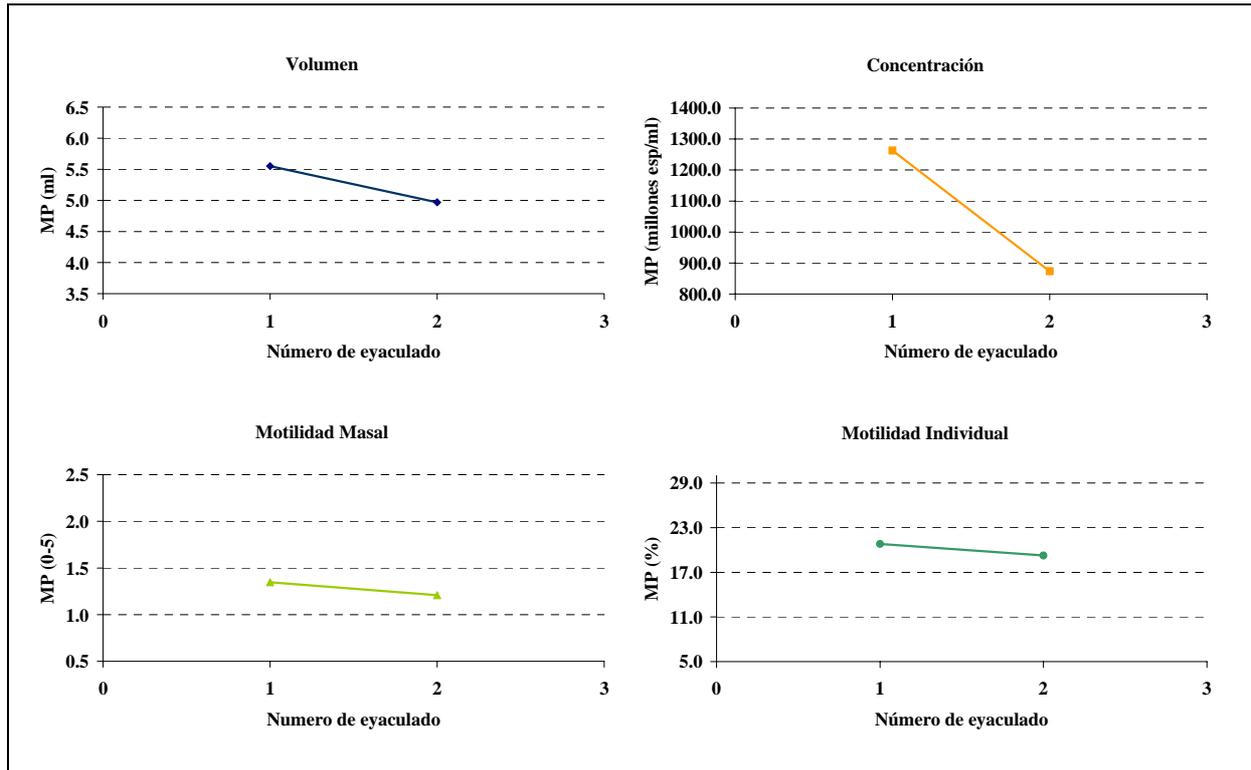


Figura 3.12. Medias posteriores (MP) asociadas al efecto intervalo entre colectas de los caracteres estudiados

Para la concentración se observó un óptimo intermedio con valores máximos de concentración para intervalos entre 3 y 7 días. De nuevo, la diferencia entre valores máximo y mínimo fue relativamente pequeña, de unos 50 millones de espermatozoides/ml. El nivel de significación de este factor no ha sido relevante aunque en algunos estudios la frecuencia de la colecta afecta a los caracteres seminales. Por ejemplo, Everett y col., (1978) han encontrado que cuando aumenta el intervalo entre colectas previas disminuyen los caracteres seminales.

Mathevon y col.(1998) recomiendan el uso de un intervalo de 4 a 7 días por toros jóvenes y 5 d por toros adultos por la raza Holstein, lo que coincide con nuestro estudio en el caso de considerar las medias de soluciones posteriores de este factor.

En cuanto al efecto del número de eyaculado se observa que, en general, afecta a todos los caracteres negativamente, pero no es de la misma importancia para todos ellos, siendo sólo notable para la concentración. Dicho carácter fue el carácter ms afectado. La diferencia entre los dos niveles extremos de este efecto fue cercana a los 400 millones espermatozoides/ml. Nuestros resultados han sido muy similares a la gran mayoría de los estudios en lo que concierne el volumen y la concentración pero en las motilidades en nuestro estudio no se ve una tendencia clara.



**Figura 3.13. Medias posteriores (MP) asociadas al efecto número de eyaculado de los caracteres estudiados.**

En cuanto al efecto de la consanguinidad, no parece presentar una clara tendencia para los caracteres seminales. Es evidente que no responde a una función lineal lo que explicaría que su inclusión como covariable en los modelos, MCFI y MCFC, no haya supuesto una mejoría con respecto al modelo MC. El volumen y la motilidad post congelación mostraron una tendencia decreciente con niveles crecientes de consanguinidad. Para los otros caracteres se observó una disminución ligera al superar el 12,5% de consanguinidad. Existen pocas referencias donde se mencionen efectos significativos de depresión consanguínea sobre los caracteres seminales. Así Diarra y col.(1998) encontraron que por cada punto de incremento de consanguinidad en los toros Holstein canadienses, se observaba una reducción del 0,3% de la motilidad y de la concentración. El efecto sobre la motilidad y concentración también ha sido observado en poblaciones de Poney Shetland (Van Eldik y col., 2006). Sin embargo, estos autores encontraron que el efecto principal fue sobre la presencia de espermatozoides con formas anormales.

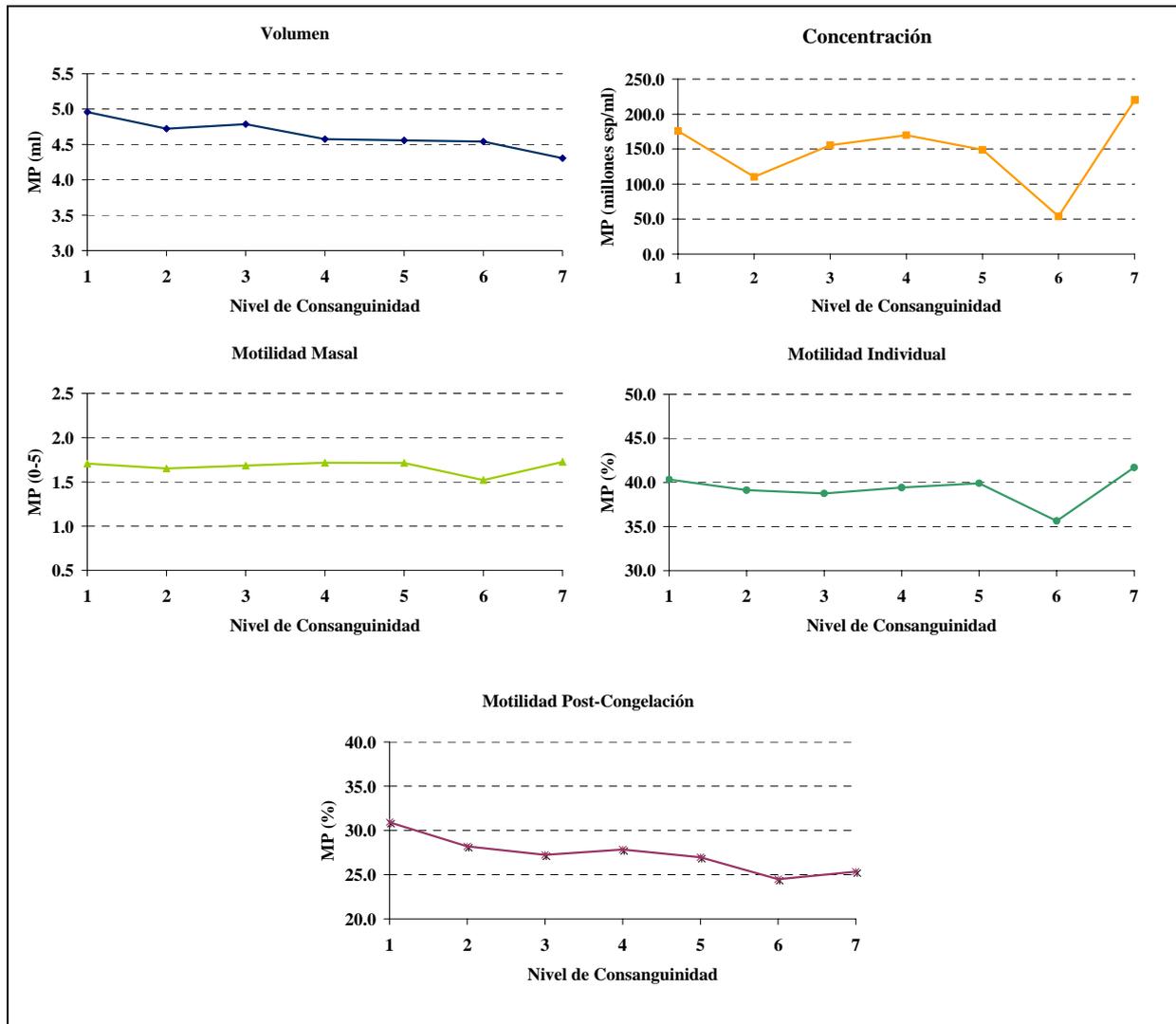


Figura 3.14. Medias posteriores (MP) asociados al efecto Nivel de consanguinidad de los caracteres estudiados

### 3.4.3. Estimaciones de componentes de varianza y parámetros genéticos

En la Tabla 3.9 aparecen las estimaciones de componentes de varianza así como de la heredabilidad y repetibilidad para los distintos caracteres seminales bajo el modelo MC. Dichas estimaciones se corresponden con las medias de las distribuciones posteriores para cada parámetro. Las estimaciones fueron en general comparables en magnitud a las presentadas en la Tabla 3.3. Es decir, las heredabilidades y repetibilidades fueron moderadas para todos los caracteres. La estimación de la heredabilidad para la motilidad individual sufrió una reducción debido fundamentalmente al incremento en magnitud de la varianza permanente. Estos resultados ponen de manifiesto que los dos componentes ligados al animal, el efecto ambiental permanente y el efecto genético aditivo, resultan difíciles de separar y particularmente para un carácter como la motilidad individual. Excepto para la motilidad individual, la magnitud de las estimaciones se encuentran en los rangos de las estimaciones que se presentan en la literatura, para el volumen (0.15-0.65), concentración (0.10-0.52) y motilidad masal (0.10-0.54) en la Tabla 1.3.

**Tabla.3.8.** Media y desviación típica a posteriori (entre paréntesis) de las varianzas genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ), ambiental permanente ( $\sigma_{pe}^2$ ), año-semana de colecta ( $\sigma_{as}^2$ ) y residual ( $\sigma_e^2$ ), heredabilidad ( $h^2$ ) y repetibilidad ( $r^2$ ) de los caracteres seminales analizados bajo un modelo unicarácter (MC).

Carácter <sup>1</sup>	$\sigma_a^2$	$\sigma_{pe}^2$	$\sigma_{as}^2$	$\sigma_e^2$	$h^2$	$r^2$
VOL	0.99 (0.17)	0.33 (0.13)	0.02 (0.0)	3.19 (2.12)	0.21 (0.01)	0.29 (0.02)
CON	4.47 (1.31)	5.31 (1.06)	0.53 (0.04)	20.83 (0.14)	0.14 (0.04)	0.31 (0.02)
MM	0.08 (0.02)	0.12 (0.02)	0.01 (0.0)	0.41 (0.0)	0.12 (0.04)	0.32 (0.02)
MI	15.08 (7.08)	86.59 (8.54)	3.18 (0.38)	226.68 (1.51)	0.04 (0.02)	0.31 (0.01)
MPC	39.73 (15.51)	36.65 (12.12)	6.22 (0.43)	108.00 (0.74)	0.21 (0.07)	0.39 (0.02)

<sup>1</sup>VOL: Volumen del eyaculado (ml); CON: concentración espermática (millones de espermatozoides/ml\*10<sup>4</sup>); MM: Motilidad masal (0-5); MI: Motilidad individual (%)

### 3.4.4 Tendencias genéticas.

En la Figura 3.13 se presentan las tendencias genéticas obtenidas para cada una de las características seminales. No parece existir ninguna tendencia genética para los caracteres seminales, lo que indicaría que no se ha ejercido una fuerte selección sobre dichos caracteres. Debe ser así dado que nunca han sido incluidos dentro de los objetivos de selección de las poblaciones de vacuno de leche. Sin embargo, de alguna forma los centros de inseminación ejercen alguna selección a nivel fenotípico, como se deduciría de las gráficas de tendencia fenotípica (Figura 3.7). En dicha figura se observa una tendencia negativa para el volumen de eyaculado y positiva para la concentración que no se corresponden con una tendencia genética y que por lo tanto no se refleja en un cambio del nivel genético de la población para dichos caracteres. Por otro lado, la falta de tendencias genéticas podrían estar indicando la ausencia de correlaciones genéticas entre caracteres productivos y características seminales dado que sí se ha ejercido una fuerte presión de selección sobre los primeros. Estos resultados concuerdan con los encontrados por otros autores en otras poblaciones en vacuno de leche (Ducrocq y Humblot, 1995; Van Os y col., 1997). Ducrocq y Humblot (1995) argumentan que la selección por características seminales no es una selección que responde a criterios homogéneos en el tiempo y en el espacio, lo que se traduce en una baja presión de selección. Uno esperaría que un toro de gran valor económico por su potencial para mejorar las características productivas, no recibiera el mismo tratamiento en cuanto a los niveles mínimos de exigencia en cantidad y calidad seminal que otros individuos contemporáneos.

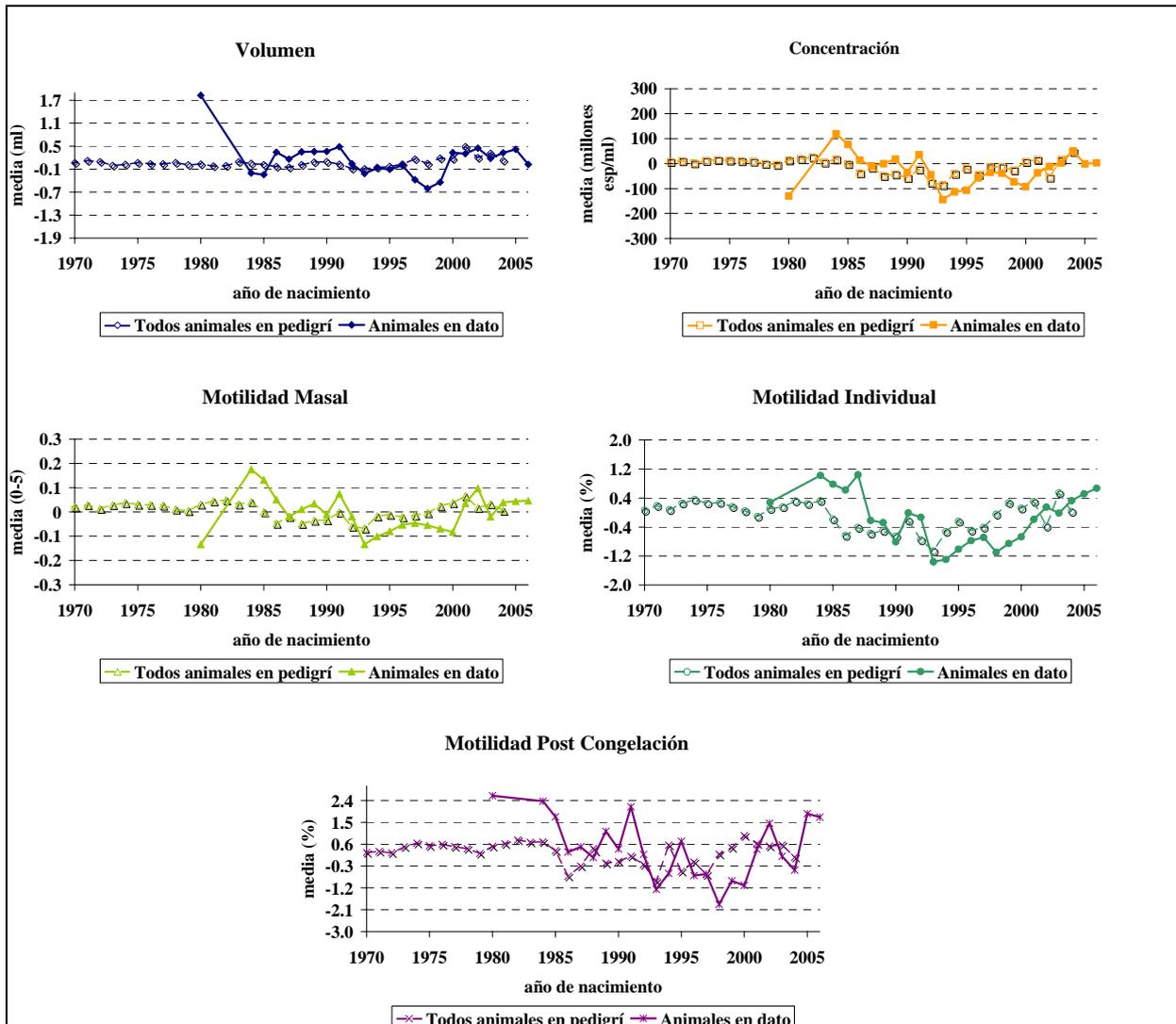


Figura 3.15 Evolución de las medias de valor genético predicho por año de nacimiento para los caracteres seminales

### 3.5. Asociación entre características seminales

En la tabla 3.10 presentamos las medias marginales posteriores de las heredabilidades, correlaciones genéticas y permanentes para los cinco caracteres seminales. Dichas estimas se han obtenido bajo el modelo MC.

Las estimas de las heredabilidades y repetibilidades resultaron ser de un orden de magnitud similar a las encontradas en los modelos bi y unicarácter (Tablas 3.8 y 3.9) y ligeramente más bajas a las encontradas en la literatura (ver Tabla 1.2). Las estimas de las correlaciones genéticas entre las diferentes motilidades fueron altas (0.74-0.85), y también entre la concentración y las motilidades (0.49-0.85). Este estudio mostró unas estimas de correlación entre el volumen y el resto de los caracteres que han sido moderadas con las motilidades (0.29-0.39) y muy baja con la concentración (0.05). Las medias de las estimas de las correlaciones genéticas no se corresponden con las descritas en la literatura (Ver Tabla 1.2). En general, tanto en bovino como en ovino se encuentran consistentemente estimas de correlaciones genéticas negativas y de relativa magnitud entre volumen y concentración, no así para otras características. En nuestro caso, la estima de la correlación permanente entre

ambos caracteres resultó ser de -0.29 (0.20), indicando que probablemente la parte aditiva y la permanente no están descomponiéndose adecuadamente. David y col. (2007), analizando características de semen en moruecos de dos razas distintas, observaron el fenómeno contrario. Dichos autores obtuvieron correlaciones genéticas moderadamente negativas y permanentes cercanas a cero.

**Tabla 3.9.** Media y desviación típica a posteriori (entre paréntesis) de las heredabilidades y correlaciones genéticas (sobre la diagonal) y fenotípicas (debajo de la diagonal).

Caracteres	VOL	CON	MM	MI	MPC
VOL	0.22(0.04)	0.05(0.15)	0.29(0.15)	0.39(0.23)	0.38(0.26)
CON	-0.29(0.20)	0.17 (0.03)	0.85(0.05)	0.82(0.11)	0.49(0.26)
MM	-0.08(0.17)	0.83(0.04)	0.15(0.02)	0.85(0.05)	0.76(0.11)
MI	0.01(0.20)	0.68(0.07)	0.91(0.02)	0.08 (0.02)	0.74(0.11)
MPC	-0.15(0.24)	0.67(0.13)	0.87(0.05)	0.92(0.02)	0.17(0.05)

Dada la escasa bibliografía al respecto es difícil decidir si se trata únicamente de un problema con la estructura de información, un artefacto de los modelos que no pueden separar ambos componentes ligados al individuo, o de un resultado con un fundamento biológico. Es decir, que los mecanismos genéticos responsables de la producción de volumen y concentración fueran realmente independientes unos de otros. Se puede concluir que las correlaciones entre la mayoría de los caracteres seminales han sido favorables excepto entre volumen y concentración, y por lo tanto una selección positiva sobre un carácter puede ser una herramienta para seleccionar sobre el resto de los caracteres.

## **4.- Conclusiones**

De los resultados encontrados en este estudio se puede concluir:

1.- Existen una serie de factores ambientales tales como la edad a la colecta y el número de eyaculado que afectan de manera particular a las características seminales.

2.- Los caracteres seminales que se miden de una manera rutinaria en el CIA Aberekin son moderadamente heredables, excepto la MI, lo que parece obedecer más a un problema en la recogida del dato que al carácter per se.

3.- Las correlaciones genéticas entre eyaculados tomados en un mismo día son muy altas para todos los caracteres, lo que indicaría que ambas medidas responden a la misma base genética.

4.- El efecto de la consanguinidad no ha sido relevante para los caracteres seminales aunque se ve cierta tendencia de descenso de algunos caracteres tales como el volumen y la calidad post-congelación. Ello es así aunque la tasa de consanguinidad observada es comparable a la estimada en otras poblaciones de ganado Frisón en los que se ha observado efectos de depresión consanguínea.

5.- Las correlaciones genéticas entre el volumen y el resto de caracteres son muy bajas o moderadamente bajas y positivas. No así las correlaciones entre el resto de los caracteres, por lo que hacer una selección fenotípica sobre la concentración, que es un carácter de cantidad que tiene una fiabilidad bastante alta, puede generar una cierta respuesta positiva indirecta sobre los caracteres de motilidad.

6.- No se ha observado una tendencia genética en los caracteres seminales por lo que, al contrario de lo ocurrido con la fertilidad en las hembras, no parece que exista una respuesta correlacionada sobre las características seminales consecuencia de la intensa selección por producción.

7.- El efecto de la edad a la colecta, que se manifiesta tanto a nivel de medias como de desviaciones, sugiere la necesidad de modelizar dicho efecto, sobre las componentes genéticas y ambientales mediante la introducción de modelos que permitan reconocer heterogeneidad de varianzas residual y/o de regresión aleatoria.

8.- Si bien no se ha observado un deterioro importante del nivel genético para los caracteres seminales en esta población, la magnitud de las heredabilidades encontradas hace esperable una selección eficiente de estos caracteres en caso de observarse un deterioro futuro.

**5. Referencias bibliográficas**

- Al-Ghalban, A.M., Tabaa M.J. y Kridli R.T. (2004) Factors affecting semen characteristics and scrotal circumference in Damascus buks. *Small Rum. Res.* 53: 141-149.
- Almquist, J.O., Branäs R.J. y Barber K.A. (1976). Post-Pubertal changes in semen production of charolais bulls ejaculated at high frequency and the relation between testicular measurements and sperm output. *J. Anim. Sci.* 42:670-676.
- Bodin, L., Elsen J., Honocq M. y Manfredi E. (1999). Génétique de la reproduction chez es ruminants, INRA, 12: 87-100.
- Boldman, K.J., Kriese L.A., Van Vleck L.D. y Kachman S.D. (1995). A manual for users of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances.
- Brito, L.F, Silvia A.E, Rodrigues L.H, Vieira F.V. y Deragon L.A. (2002). Effects of environmental factors, age, and genotype on sperm production and semen quality in Bos Indicus and Bos Taurus AI bulls in Brazil. *Anim. Reprod.Sci.* 70:181-190.
- Carabaño, M.J, Diaz C, Ugarte C, y Serrano M. (2007). Exploring the use of random regression models with Legendre polynomials to analyze measures of volume of ejaculate in Holtstein Bulls. *J. Dairy Sci.* 90:1044-1057.
- Corteel, J.M. (1990). Maitrise de la reproduction chez les caprins a vocation laitiere. In: 5<sup>a</sup> Jornadas Internacionales de Reproducción, Zaragoza, pp 188-274.
- Curry, M.R, (1995). Cryopreservation of mammalian spermatozoa. In cryopreservation and freeze-drying protocols. Ed. J.G. Day and M.R. McLellan, Human Press.
- David, I., Xavier Druatri X., Lagriffoul G, Manfredi E., Robert C., y Bodin L, (2007). Genetic and environmental effects on semen traits in Lacaune and Manech tête rousse AI rams. *Genet. Sel. Evol.* 39: 405-419.
- Dejarnette, J.M., Marshall C.E., Lenz R.W y Monke D.R. (2004). Sustaining the fertility of inseminated dairy cattle: The role of the insemination industry. *J. Dairy Sci.* (E. Suppl.): E93-E104.
- Den Daas, J.H.G., Jong G., Lansbergen L.M.T.E y Van Wagendonk, A.M. (1998). The relationship between the number of spermatozoa inseminated and the reproductive efficiency of individual dairy bulls. *J. Dairy Sci* 81:1714-1723.
- Diarra, S., Paré J.P. y Roy G. (1997). Facteurs genetiques et environnementaux affectant la qualité de la semence de jeunes taureaux Holstein. *Can. J. Anim. Sci.* 77: 77-85.

- Druet, T., Fritz S., Sellem E., Basso B., Gerard O., Salas-Cortes L., Humblot P., Druart X., y Eggen A. (2009). Estimation of genetic parameters and genome scan for 15 semen characteristics traits of Holstein bulls. *J. Anim. Breed. Genet.* 126: 269-277.
- Ducrocq, V y Humblot P. (1995). Genetic characteristics and evolution of semen production of young Normande bulls. *Livest. Prod. Sci.* 41: 1-10.
- Ducrocq, V y Humblot P. (1997). Is selection on semen characteristics needed? International Workshop on Genetic Improvement of functional traits in cattle: Fertility and Reproduction Group, Germany, November 23-25, 1997.
- Evenson, D y Wixon R. (2006). Clinical aspects of sperm DNA fragmentation detection and male infertility. *Theriogenology* 65: 979-991.
- Everett, R.W., Bean B. y Foote R.H. (1978). Sources of variation of semen output. *J.Dairy.Sci* 61:90-95.
- Fuente, L.F., García L., Vallejo M. (1984). Reproductive characters in Galician Blonds. I. characters of semen used for artificial insemination. *Anal. Fac. Vet. Leon* 30: 119-125.
- Fuerst-Waltl, B., Schwarzenbacher H., Perner C. y Sölkner J. (2006). Effects of age environmental factors on semen production and semen quality of Austrian Simmental bulls. *Anim. Reprod. Sci.* 95: 27-37.
- Funk, D.A. (2006). Major advances in globalization and consolidation of the artificial insemination industry. *J. Dairy Sci.* 89:1362-1368.
- Geweke, J. (1992). Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments (with discussion). Pages 169–193 in *Bayesian Statistics 4*. Oxford Univ. Press, Oxford, UK.
- González-Recio, O., Pérez-Cabal M.A. y Alenda R. (2004). Economic value of female fertility and its relationship with profit. *J. Dairy Sci.* 87:3053-3061.
- González-Recio, O. (2006). Selection for female fertility in Spanish dairy cattle. Tesis doctoral. ETSIA, Universidad Politécnica de Madrid.
- González-Recio, O., López de Maturana E y Gutiérrez. J.P. (2007). Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 90:5744-5752.
- Gutiérrez, J.P.y Goyache, H.( 2005) . A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. *J. Anim.Breed.Genet.* 122: 172-176.

- Hammersted, R.H, Graham J.K y Nolan J.P. (1990). Cryopreservation of mammalian sperm: why we ask them to survive. *J Androl*: 11: 73-88.
- Hasquaoui, H. (2001), Gestion de la reproduction chez la vache: Insemination Artificielle et detection des chaleurs. (<http://www.iav.ac.ma>.)
- Hidalgo, C.O. (2005), Analisis del semen bovino. *Revista: Tecnología Agroalimentaria*. Ref: Epoca2. Numero2.
- Hoekstra, J., Van der Lugt A.W, Van der Werf J.H.J. y Ouweltjes W. (1994). Genetic and phenotypic parameters for milk production and fertility traits in upgraded dairy cattle. *Livest. Prod. Sci.* 40:225-232.
- Jamrozik, J.L., Schaeffer L.R. y Dekkers J.C. (1997). Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. *J. Dairy Sci.* 80: 1217-1226.
- Januskauskas A, Johannisson A. y Rodriguez-Martinez H. (2001). Assessment of sperm quality through fluorometry and sperm chromatin structure assay in relation to field fertility of frozen-thawed semen from Swedish AI bulls. *Theriogenology* 55: 947-961.
- Johnson L.A., Weitze K.F y Maxwell W.M.C, (2000). Storage of boar semen. *Anim.Reprod. Sci.* 62: 143-172.
- Kealey, C.G., MacNeil M.D, Tess. M.W., Geary. T.W. y Bellows RA. (2006). Genetic parameter estimates for scrotal circumference and semen characteristics of line 1 Hereford bulls. *J Anim Sci.* 84:283-290.
- Kearney, J. F., Wall, R., Villanueva, B., y Coffey, M. P. (2004). Inbreeding trends and application of optimized selection in the UK Holstein population. *J. Dairy Sci.* 87:3503–3509.
- Kirkpatrick, M. y Heckman, N. (1989). A quantitative genetic model for growth, shape, and other infinite-dimensional characters. *J. Math. Biol.* 27: 429-450.
- Kirkpatrick, .M., Loftsvold.D. y Bulmer.M. (1991). Analysis of the inheritance. Selection and evolution of growth trajectories *Genetics* 124: 979-993.
- Knight, S.A, Barker R.L, Gianola D y Gibb J.B. (1984). Heretabilities and genetic and phenotypic correlations among growth and reproductive traits in yearling Angus bulls. *J. Anim. Sci.* 58:887-893.
- Lavara, R., Garcia M.L, Torres C., Vicente J.S. y Baselga M. (2008). Genetic Parameters for semen traits of rabbit males: Motility. 9th World Rabbit Congress. Pp: 189-192. Verona, Italia.

- Langford, G.A., Shrestha J.N.B. y Marcus G.J. (1989). Repeatability of scrotal size and semen quality measurements in rams in a short-day light regime. *Anim. Reprod. Sci.* 19: 19-27.
- Leboeuf, B, Restall B. y Salomon S. (2000). Production and storage of goat semen for artificial insemination. *Anim. Reprod. Sci.* 62:113-141.
- Legarra, A., Varona L. y López de Maturana E. (2008). TM. <http://cat.toulouse.inra.fr/alegara>.
- López-Romero, P, Rekaya R. y Carabaño M.J. (2003). Assessment of homogeneity vs. heterogeneity of residual variance in Random Regression Test-day Models in a Bayesian Analysis. *J. Dairy Sci.* 86: 3371-3385.
- Malo, A.F., Garde J.J., Soler A.J., García A.J. y Gomendio M. (2004). Male fertility in natural populations of red deer is determined by sperm velocity and the proportion of normal spermatozoa. *Biol. Reprod.* 72: 822-829.
- Maltecca, C., Canavesi F., Gandini G. y Bagnato., A. (2002). Pedigree analysis of Holstein dairy cattle populations. *Interbull Bulletin* 29:168-172.
- Manfredi, .E., Leboeuf .B., Bodin .L., Boue .P. y Humblot P. (1998). Source de variation génétiques et non génétiques des caractéristiques de production de semence chez le bouc. *Rencontres Recherches Ruminants.* 5: 37-39.
- Mathevon, M., Buhr M.M .y Dekkers J.C.M. (1998). Environmental management and genetic factors affecting semen production in Holstein Bulls. *J. Dairy Sci.* 81: 3321-3330.
- Menéndez, B., Morales A., Pérez J.R .A. y Guerra .Y.D.G. (1984). Seasonal variation in semen production of Holstein, Zebu and criollo bulls under artificial insemination conditions in Cuba. *Reproduction des ruminants en zone tropicale. Reunion Internationale, Pionte a Pitre, Guadeloupe, France.*
- Meuwissen, T.I y Luo.Z. (1992). Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* 24: 305-313.
- Meyer, K. (1998). Estimating covariance functions for longitudinal data using a random regression model. *Genet. Sel.Evol.* 30:221-240.
- Miglior, F. y Burnside, E.B. (1995). Inbreeding of Canadian Holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 78:1163-1167.

- Miroslav, K., Marijan P., Nikola S. y Bozo M. (2000). Genetic evaluation of semen and growth traits of young Simmental bulls in performance test. *Agriculture Conspectus Scientificus*, 64:15-20.
- Morales, R. (2007). Fragmentación del ADN espermático y su implicación en la fertilidad. *Revista Iberoamericana de Fertilidad* 24: 305-313.
- Newton, M. A., y Raftery A. E. (1994). Approximate Bayesian inference with the weighted likelihood bootstrap. *J. R. Stat. Soc. Bull.* 56:3-48.
- Oh, S.H., See M.T., Long T.E. y Galvin J.M. (2006). Genetic parameters for various random regression models to describe total sperm cells per ejaculate over the reproductive lifetime of boars. *J. Anim. Sci.* 84 : 538-545.
- Ortavant, R. (1965) Influence de la durée d'eclaircissement sur les productions spermatiques de belier. *Cr. Scencer. Soc. Biol*, 150: 358-362.
- Quirino, C.R., Bergmann J.A.G., Vale Filho., Andrade V.J., Reis S.R., Mendonça R.M. y Fonseca C.G (2004). Genetic parameters of libido in Brazilian Nellore bulls. *Theriogenology* 62:1-7
- Rege, J.E., Toe F., Mukasa-Mugerwa E., Tembley S. y Anindo D. (2000). Reproductive characteristics of Ethiopian highland sheep. Genetic parameters of semen characteristics and their relationships with testicular measurements in ram lambs. *Small Rumin. Res.* 37: 173-187.
- Roberto, A. y Allende M.V., (2007). Artículo técnico sobre un estudio comparativo entre la evaluación de semen de toro con el método convencional y el análisis automático computarizado de espermios (CASA). *Taurus- Año 9 n35*: 16-19.
- Röxtrom, A., Strandberg, E., Berglund B., y Emmanuelson, U. (2001). Genetic and environmental correlations among female fertility traits and milk production in different parities of Swedish red and white dairy cattle. *Acta Agric. Scand.* 51:7-14.
- Salisbury, G. (1978). *Physiology of Reproduction and Artificial Insemination of Cattle.* 1<sup>st</sup> Ed, W.H. Freeman and Company, San Francisco, USA.
- Schwab, W., Kupferschmied H. y Bachman P. (1987). Factors affecting semen production bulls. *Zuchthygiene.* 22: 241-246.

- Schaeffer, L.R. (2004). Application of random regression models in animal breeding. *Livest. Prod. Sci.* 86:35-45.
- Schaeffer, L.R. y Dekkers J.C.M. (1994) Random regressions in animal models for test-day in dairy cattle. *Proc. 5<sup>th</sup> World congress on genetics applied to livestock Production.* Guelph, Ontario. 18: 443-446.
- Serrano, M., Carabaño M.J. y Díaz C. (2006). Modelling repeated measures of ejaculate volume of Holstein bulls using a Bayesian random regression approach. 56th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. *Book of Abstracts:* 383 (Wageningen Academic Publishers)
- Sewalem, A., Kistemaker, G. J., Miglior, F., y Van Doormaal, B. J. (2006). Analysis of inbreeding and its relationship with functional longevity in Canadian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 89:2210-2216.
- Shannon, .P. y Vishwanath R. (1995). The effect of optimal and suboptimal concentrations of sperm on the fertility of fresh and frozen bovine semen and a theoretical model to explain the fertility differences. *Animal. Reprod. Sci* 39: 1-10.
- Shook, G.E. (2006). Major advances in determining appropriate selection goals. *J. Dairy Sci.* 89:1349-1361.
- Smital, J., Wolf J. y De Sousa L.L. (2005). Estimation of genetic parameters of semen characteristics and reproductive traits in AI boars. *Anim. Reprod. Sci.* 86:119-130.
- Sociedad Americana de Teriologenología (1992).Determinación de la fertilidad reproductiva de toros padres. <http://www.produccion-animal.com.ar/information-tecnica/cria-toros/22-determinacion-fertilidad.pdf>.
- Sørensen, A.C., Sørensen M.K . y Berg P. (2005). Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *J. Dairy Sci.* 88:1865–1872.
- Taylor, .J.F, Bean B, Marshall E. y Sullivan J.J. (1985). Genetic and environmental components of semen production traits of Artificial Insemination Holstein Bulls. *J. Dairy Sci* 68:2703-2722.
- Ugarte, C. y col. (2000). Programa de testaje de sementales de Aberekin, SA, Publicación interna.
- Van Eldik, P., Van der Waaij E.H., Ducro B., Kooper A.W., Stout T.A.E. y Colenbrander B. (2006). Possible negative effects of inbreeding on semen quality in Shetland pony stallions. *Theriogenology* 65: 1159-1170.

## *Referencias Bibliográficas*

- Van Os, J.L., de Vries, M.J., Den Das, N.H. y Lansbergen, L.M.K. (1997). Long-term trends in sperm counts of dairy bulls. *J. Androl.* 18:725-731.
- Van Raden, P. (2002). AIPL Changes to Evaluation and Editing System - February 2000. Inbreedingsample. Tomadode <http://aipl.arsusda.gov/reference/changes/chng0002.html> el 15 de septiembre de 2009.
- Weller, J.I. y Ezra E. (1997). Genetic analysis of somatic cell score and female fertility of Israeli Holsteins with an individual animal model. *J. Dairy Sci.* 80:586-593.
- Wolf, J. y Smital J. (2009). Quantification of factors affecting semen traits in artificial boars from animal model analyses. *J. Animal Sci.* 87: 1620-1627.
- Zang, B., Larsson B, Lundeheim N, Haard M.G.y Rodriguez-Martinez H (1999). Prediction of bull fertility by combined in vitro assessments of frozen-thawed semen from young dairy bulls entering an AI-program, *Int. J.Androl.* 22: 253-260 .