



UNIVERSITAT
POLITÈCNICA
DE VALÈNCIA

UNIVERSITAT POLITÈCNICA DE VALÈNCIA

Dpto. de Ciencia Animal

Correlación genética entre las variables morfológicas y los caracteres de interés económico en la población Rubia Gallega.

Trabajo Fin de Máster

Máster Universitario en Mejora Genética Animal y Biotecnología de la Reproducción

AUTOR/A: Mnassri, Oussema

Tutor/a: Blasco Mateu, Agustín

Cotutor/a externo: Varona Aguado, Luis

CURSO ACADÉMICO: 2023/2024



UNIVERSITAT
POLITÈCNICA
DE VALÈNCIA



Facultad de Veterinaria
Universidad Zaragoza



MÁSTER EN MEJORA GENÉTICA ANIMAL Y BIOTECNOLOGÍA DE LA REPRODUCCIÓN

FACULTAD DE VETERINARIA DE ZARAGOZA

Departamento de Anatomía, Embriología y Genética Animal

Proyecto Final de Máster

“Correlación genética entre las variables morfológicas y los
Caracteres de interés económico en la población Rubia Gallega.”

Autor:
Oussema Mnassri

Director:
Dr. Luis Varona Aguado

Tutor:
Dr. Agustín Blasco Mateu

Valencia, Julio 2024

AGRADECIMIENTOS

Quisiera expresar mi más sincero agradecimiento a mi madre Najoi y a mi padre Hasni, quienes han sido mi pilar fundamental en este camino, por su amor incondicional, su apoyo constante y por creer en mí en todo momento.

A mis hermanas Hadyl y Acyl, y a mi hermano Wacym, por ser mis mayores fuentes de inspiración y por recordarme siempre la importancia de la perseverancia y el esfuerzo.

A mi profesor y director de tesis, Dr. Luis Varona Aguado, por su guía experta, sus valiosas sugerencias y su paciencia a lo largo de este proceso.

A David, por su ayuda en los momentos difíciles, su orientación y sus consejos. A Housseem y Carlos, por su apoyo.

Un agradecimiento especial a mis queridos amigos franceses Lily y Joris.

ABSTRACT

In beef cattle, the morphological assessment characters are recorded in live animals, and can provide relevant information for the prediction of the genetic merit of the characters of economic interest recorded at advanced ages or after slaughter. In the Galician Blonde breed, characteristics of Muscular Development (Chest Width, Width of the Withers, Width of the Back, Thickness of the Loin, Depth of the Buttock, Width of the Buttock and Roundness of the Buttock), Skeletal Development (Height), Depth of Thorax, Length, Pelvis Length, Coxofemoral Width, Thoracic Perimeter and Shaft Thickness) and Functional Aptitude (Back Straightness, Pelvis Inclination, Front and Rear Legs). Currently, there are 13,687 phenotypic data available for each of these characters. In this work, two-character models have been implemented between them and the characters of economic interest included in the composite selection indices. Specifically, 356,479 Pesos have been used at Birth, 116,720 Pesos at 210 days, 113,269 Pesos Weights at sacrifice, 113,205 Conformation data (SEUROP), 113,122 assessments for Fattening, 70,232 Ages at First Calving, 260,810 Calving Ease data, 264,296 Calving Intervals and 57,852 Longevity data. Additionally, a genealogy of 504,233 individual-father-mother entries was used. Two-character models have been implemented through a Bayesian analysis with Gibbs sampling. Estimates of posterior means of heritability for Morphological characters were very low with a mean of 0.08 and ranged between 0.02 for Back Straightness and 0.11 for Height. On the other hand, the most notable genetic correlations were between Birth Weight and Rump Width (0.53), Carcass Weight and Back Width (0.65), Wither Width (0.58), Rump Width (0.65), Thigh Depth (0.69), Roundness of the Buttock (0.67), Depth of the Chest (0.56) and Perimeter of the Chest (0.52), Between Conformation and Width of the Back (0.65), Width of the Withers (0.68), Width of the Back (0.52), Width of the Buttock (0.71), Thigh Depth (0.78), Buttock Roundness (0.69) and Pelvis Length (0.69), between Longevity and Back Straightness (0.59). The results of this work showed that some morphological assessments have a sufficiently high genetic correlation with the characters of economic interest.

Keywords: *Beef Cattle, Genetic Correlation, Heritability, Galician Blonde Breed, Morphological Traits.*

RESUMEN:

En vacuno de carne, los caracteres de la valoración morfológica se registran en animales vivos, y pueden proporcionar información relevante para la predicción del mérito genético de los caracteres de interés económico registrados a edades avanzadas o después del sacrificio. En la raza Rubia Gallega se registran caracteres de Desarrollo Muscular (Anchura de Pecho, Anchura de la Cruz, Anchura del Dorso, Espesor de Lomo, Profundidad de la Nalga, Anchura de la Nalga y Redondez de la Nalga), de Desarrollo Esquelético (Alzada, Profundidad del Torax, Longitud, Longitud de la Pelvis, Anchura Coxofemoral, Perímetro Torácico y Grosor de la Caña) y de Aptitud Funcional (Rectitud del Dorso, Inclinación de la Pelvis, Aplomos Delanteros y Traseros). En la actualidad se dispone de 13,687 datos fenotípicos para cada uno de estos caracteres. En este trabajo se han implementado modelos bicarácter entre ellos y los caracteres de interés económico incluidos en los índices compuestos de selección. En concreto se han utilizado 356,479 Pesos al Nacimiento, 116,720 Pesos a los 210 días, 113,269 Pesos de la Canal Fría, 113,205 datos de Conformación (SEUROP), 113,122 valoraciones para Engrasamiento, 70,232 Edades al Primer Parto, 260,810 datos de Facilidad al Parto, 264,296 de Intervalos entre Partos y 57,852 de Longevidad. Además, se utilizó una genealogía de 504,233 entradas individuo-padre-madre. Se han implementado modelos bicarácter mediante un análisis bayesiano con muestreo de gibbs. Las estimaciones de las medias posteriores de la heredabilidad para los caracteres morfológicos fueron muy bajas con una media de 0.08 y oscilaron entre 0.02 para Rectitud del Dorso y 0.11 para Alzada. Por otra parte, las correlaciones genéticas más destacables fueron entre Peso al Nacimiento y Anchura de la Grupa (0.53), entre Peso de la Canal y Anchura de la Espalda (0.65), Anchura de la Cruz (0.58), Anchura de la Grupa (0.65), Profundidad del Muslo (0.69), Redondez de la Nalga (0.67), Profundidad del Torax (0.56) y Perímetro del Torax (0.52), entre Conformación y Anchura de la Espalda (0.65), Anchura de la Cruz (0.68), Anchura del Dorso (0.52), Anchura de la Nalga (0.71), Profundidad del Muslo (0.78), Redondez de la Nalga (0.69) y Longitud de la Pelvis (0.69), entre Longevidad y Rectitud del Dorso (0.59). Los resultados de este trabajo mostraron que algunas valoraciones morfológicas tienen una correlación genética suficientemente alta con los caracteres de interés económico.

Palabras clave: *Bovino de carne, Correlación genética, Heredabilidad, Rubia Gallega, Rasgos morfológicos.*

RESUM:

En boví de carn, els caràcters de la valoració morfològica es registren en animals vius, i poden proporcionar informació rellevant per a la predicció del mèrit genètic dels caràcters d'interés econòmic registrats a edats avançades o després del sacrifici. En la raça Rossa Gallega es registren caràcters de Desenvolupament Muscular (Amplària de Pit, Amplària de la Creu, Amplària del Dors, Grossària de Llom, Profunditat de la Natja, Amplària de la Natja i Redonesa de la Natja), de Desenvolupament Esquelètic (Alçada, Profunditat del *Torax, Longitud, Longitud de la Pelvis, Amplària Coxofemoral, Perímetre Toràcic i Gruix de la Canya) i d'Aptitud Funcional (Rectitud del Dors, Inclinació de la Pelvis, Aploms Davaners i Darreres). En l'actualitat es disposa de 13,687 dades fenotípiques per a cadascun d'estos caràcters. En este treball s'han implementat models bicaràcter entre ells i els caràcters d'interés econòmic inclosos en els índexs compostos de selecció. En concret s'han utilitzat 356,479 Pesos al Naixement, 116,720 Pesos als 210 dies, 113,269 Pesos de la Canal Fria, 113,205 dades de Conformació (SEUROP), 113,122 valoracions per a Engrasamiento, 70,232 Edats al Primer Part, 260,810 dades de Facilitat al Part, 264,296 d'Intervals entre Parts i 57,852 de Longevitat. A més, es va utilitzar una genealogia de 504,233 entrades individu-pare-mare. S'han implementat models *bicaràcter mitjançant una anàlisi bayesiana amb mostreig de gibbs. Les estimacions de les mitjanes posteriors de la heredabilitat per als caràcters morfològics van ser molt baixes amb una mitjana de 0.08 i van oscil·lar entre 0.02 per a Rectitud del Dors i 0.11 per a Alçada. D'altra banda, les correlacions genètiques més destacables van ser entre Pes al Naixement i Amplària de la Gropa (0.53), entre Pes de la Canal i Amplària de l'Esquena (0.65), Amplària de la Creu (0.58), Amplària de la Gropa (0.65), Profunditat de la Cuixa (0.69), Redonesa de la Natja (0.67), Profunditat del Torax (0.56) i Perímetre del Torax (0.52), entre Conformació i Amplària de l'Esquena (0.65), Amplària de la Creu (0.68), Amplària del Dors (0.52), Amplària de la Natja (0.71), Profunditat de la Cuixa (0.78), Redonesa de la Natja (0.69) i Longitud de la Pelvis (0.69), entre Longevitat i Rectitud del Dors (0.59). Els resultats d'este treball van mostrar que algunes valoracions morfològiques tenen una correlació genètica prou alta amb els caràcters d'interés econòmic.

Paraules clau: *Boví de carn, Correlació genètica, Heredabilitat, Rossa Gallega, Trets morfològics.*

ÍNDICE GENERAL

AGRADECIMIENTOS.....	1
ABSTRACT	2
RESUMEN:.....	3
RESUM:	4
ÍNDICE GENERAL.....	5
LISTAS DE CUADROS	7
LISTA DE FIGURAS	8
1. INTRODUCCIÓN:	9
1.1. Origen y evolución histórica de la raza:	9
1.2. Descripción morfológica de la raza:	10
1.3. Censo de animales, explotaciones y su distribución geográfica:.....	12
1.4. Sistema de Producción y Rendimientos:	12
1.5. El Programa de mejora genética:.....	14
1.5.1. Objetivo global:	14
1.5.2. Objetivos particulares:	15
1.5.3. Criterios de selección:.....	15
1.5.4. Importancia de los caracteres morfológicos:	20
2. OBJETIVOS:	22
3. MATERIAL Y MÉTODOS:	23
3.1. MATERIAL:	23
3.2. METODOS:.....	28
3.2.1. Análisis Unicarácter:	28
3.2.2. Análisis Bi-carácter:	31
4. RESULTADOS Y DISCUSION:.....	36
4.1. Heredabilidades:	36
4.1.1. Caracteres productivos:	36
4.1.2. Caracteres reproductivos y de longevidad:.....	37
4.1.3. Caracteres de desarrollo muscular:.....	38
4.1.4. Caracteres de desarrollo esquelético:	39
4.1.5. Caracteres de aptitud funcional.	40
4.2. Correlaciones genéticas:	41

4.2.1. Correlaciones genéticas entre los caracteres productivos, reproductivos y de longevidad.	41
4.2.2. Correlaciones genéticas entre los caracteres productivos y los caracteres morfológicos:.....	43
4.2.3. Correlaciones genéticas entre los caracteres reproductivos y de longevidad y los caracteres morfológicos:.....	45
4.2.4. Correlaciones genéticas entre los caracteres morfológicos:	46
CONCLUSIONES.....	49
BIBLIOGRAFÍA	50
ANEXO I.....	55
ANEXO II	57
ANEXO III	58
ANEXO IV	61
ANEXO V	49
ANEXO VI.....	51

LISTAS DE CUADROS

Tabla 1. Número de datos (N), media, desviación típica (DT) y coeficiente de variación (CV) de los caracteres incluidos en los índices compuestos de selección.....	24
Tabla 2. Número de datos (N), media, desviación típica (DT) y coeficiente de variación (CV) de los caracteres proporcionados por la calificación morfológica.	26
Tabla 3. Efectos sistemáticos incluidos (X) y niveles de los mismos (entre paréntesis) de los caracteres productivos, reproductivos y de longevidad y morfológicos.....	29
Tabla I. 1. Media y Desviación Típica Posterior (entre paréntesis) de la varianza aditiva (σ_u^2), la varianza entre rebaños(σ_s^2), la varianza residual (σ_e^2) y la heredabilidad (h^2) de los caracteres analizados (\pm desviación típica posterior).	55
Tabla II 1. Media posterior de la correlaciones genéticas (la parte superior) y las correlaciones residuales (la parte inferior) entre los caracteres productivos, los caracteres reproductivos y longevidad (\pm desviación típica posterior).	57
Tabla II 2. Correlaciones entre rebaños entre los caracteres productivos, los caracteres reproductivos y longevidad (\pm desviación típica posterior).	57
Tabla III 1. Correlaciones genéticas entre los caracteres productivos y los morfológicos (\pm desviación típica posterior).	58
Tabla III 2. Correlaciones residuales entre los caracteres productivos y los morfológicos (\pm desviación típica posterior).	59
Tabla III 3. Correlaciones entre rebaños entre los caracteres productivos y los morfológicos (\pm desviación típica posterior).	60
Tabla IV. 1. Correlaciones genéticas entre los caracteres reproductivos, longevidad y los morfológicos (\pm desviación típica posterior).	61
Tabla IV. 2. Correlaciones residuales entre los caracteres reproductivos, longevidad y los morfológicos (\pm desviación típica posterior).	62
Tabla IV. 3. Correlaciones entre rebaños entre los caracteres reproductivos, longevidad y los morfológicos (\pm desviación típica posterior).	63
Tabla V. 1. Correlaciones genéticas entre los caracteres morfológicos (\pm desviación típica posterior).	49
Tabla V. 2. Las correlaciones residuales (la parte superior) y las correlaciones entre rebaños (la parte inferior) entre los caracteres morfológicos (\pm desviación típica posterior).	50

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. La raza bovina Rubia Gallega.....	10
Figura 2. Clases de conformación (S: superior, E: excelente, U: muy buena, R: buena, O: menos buena, P: mediocre)	17
Figura 3. Esquema de las heredabilidades (dentro de los cuadros) y correlaciones genéticas (fuera de los cuadros) usadas en la evaluación genética de esquema de mejora genética de la raza Rubia Gallega	18
Figura 4. Índice Compuesto para Reproducción (ICR).....	19
Figura 5. Índice Compuesto para Vida (ICV)	19
Figura 6. Índice Compuesto para Carne	20
Figura 7. Correlaciones de Pearson entre los caracteres estudiados obtenidas a partir de fenotipos de los individuos de los que se dispone cada pareja de caracteres.	27
Figura 8. Boxplot de las muestras MCMC de las heredabilidades de los caracteres productivos.	36
Figura 9. Boxplot de las muestras MCMC de la heredabiliades de los caracteres reproductivos y de longevidad.	37
Figura 10. Boxplot de las muestras MCMC de las heredabilidades de los caracteres de desarrollo muscular.	38
Figura 11. Boxplot de las muestras MCMC de las heredabilidades de los caracteres de desarrollo esquelético.	39
Figura 12. Boxplot de las muestras MCMC de las heredabilidades de los caracteres de aptitud funcional.....	40
Figura 13. Correlaciones genéticas entre los caracteres productivos, reproductivos y de longevidad.	41
Figura 14. Correlaciones genéticas entre los caracteres productivos y los caracteres morfológicos.	43
Figura 15. Correlaciones genéticas entre los caracteres productivos y los caracteres morfológicos.	45
Figura 16. Correlaciones genéticas entre los caracteres morfológicos.	47
Figura VI 1. Ficha de Calificación Lineal de la Raza Rubia Gallega.	51

1. INTRODUCCIÓN:

La raza bovina Rubia Gallega es una de las poblaciones autóctonas española con mayor implantación. Su nombre se debe al color de su capa y al origen geográfico de la raza, ya que se localiza principalmente en la comunidad autónoma gallega.

1.1. Origen y evolución histórica de la raza:

Las distintas razas de ganado bovino en Europa tienen su origen en la migración de ganado desde el Cercano Oriente, según lo indicado por Ruiz (1998). Cuando este movimiento se extendió hacia la Península Ibérica, se llevaron a cabo cruces adicionales con animales africanos, como señala Decker et al. (2014). Aunque los orígenes de las razas bovinas domésticas en España aún no están completamente esclarecidos, Tuñón González et al., (1986) sugieren que las razas bovinas españolas tienen una procedencia mixta, derivadas de las dos poblaciones ancestrales *Bos taurus primigenius* y *Bos taurus brachyceros*. Posteriormente, tuvieron lugar procesos de aislamiento, deriva genética, selección y adaptación a las características específicas y los límites geográficos de cada región dieron lugar a las razas históricas (Feliús et al., 2014).

El biotipo racial de la raza Rubia Gallega puede tener su origen en la llegada de una comunidad celta procedente de Francia a Galicia alrededor del siglo VI a.C. Esta comunidad trajo consigo su ganado y se cruzaron con los bovinos autóctonos en la región (Insausti et al., 1999). Se piensa que esta fusión dio lugar a la población de la especie bovina en Galicia desde la Edad Media. Estos individuos son, probablemente, algunos de los ancestros de la actual población de Rubia Gallega. Inicialmente, como en gran parte de las poblaciones de vacuno, la principal aptitud de los animales fue el trabajo, para ir evolucionado posteriormente hacia un enfoque de triple propósito, que incluía el trabajo en el arado, la producción lechera y la producción de la carne. Esta transformación generó la necesidad de perfeccionar las características de las vacas rústicas y realizar una cuidadosa selección de sementales (ACRUGA, 2024). Con este objetivo, la población de ganado vacuno de Galicia se cruzó con otras razas, como Durhan, Angus y Hereford, con la intención de mejorarla. Además, durante los siglos XIX y principios del XX, se importaron sementales de diversas razas, como Schwytz y Simmental. Estos cruces han

llevado a que la Rubia Gallega presente una gran variabilidad fenotípica (ACRUGA, 2024).

En el caso de la Rubia Gallega, hay evidencia de su presencia y denominación actual desde principios del siglo XX (Sanz et al., 2011). La raza Rubia Gallega ha mantenido un equilibrio socioeconómico, cultural y ambiental con su territorio original a lo largo de los tiempos. De hecho, los criadores locales han desempeñado un papel fundamental en el desarrollo y perfeccionamiento de la Rubia Gallega, adaptándola al clima y las características del terreno gallego. Su capacidad para resistir y prosperar en pastizales de montaña y climas húmedos la ha convertido en una raza altamente valorada en la región. En la actualidad, la Rubia Gallega se destaca como una raza de ganado dedicada a la producción de carne de calidad, con destacadas cualidades maternas (Varela et al., 2004).

1.2. Descripción morfológica de la raza:

La raza bovina Rubia Gallega agrupa a animales de perfil recto, o ligeramente subconvexilíneo, de aspecto general equilibrado, dotado de longitud, profundidad y cierta ampulosidad y anchura (ACRUGA, 2024). El formato debe tender a un tipo medio y proporcionado, sin despreciar las variantes positivas. El peso medio es de 700 kg para las hembras y de 1.000 kg para los machos y la alzada media a la cruz es de 135 cm para las hembras y de 145 cm para los machos.



Figura 1. La raza bovina Rubia Gallega (ACRUGA, 2024).

Cabeza: Alargada en las hembras y más corta en los machos. La coloración de los cuernos es de tonalidad rosada, blanquecina en su base, sin pigmentación, salvo en algunas ocasiones en que presentan oscurecimiento hacia las puntas. Las mucosas son de coloración sonrosadas.

Cuello: Fuerte, relativamente corto, bien musculado y potente en los machos y fino y delgado en las hembras. El borde superior es recto en las hembras y convexo en los machos. Papada reducida.

Tronco: Cruz poco destacada, redondeada, llena y cubierta hacia los lados. La grupa es amplia, musculada y tendente a la horizontalidad. Cola bien insertada, larga y con abundante borlón terminal. Pecho ancho y musculado en los machos. Vientre Con flancos alargados, profundo, ancho y bien proporcionado.

Extremidades: Muslos muy musculados y convexos, más, en los machos. Nalgas rectas o convexas en las hembras; muy musculadas, largas, con tendencia a la ampulosidad y fuertemente convexas en los machos. Órganos sexuales: Testículos normalmente desarrollados; ubre globosa, de forma regular, bien proporcionada e implantada; pezones de tamaño medio, simétricamente colocados; venas amplias y bien ramificadas destacadas al exterior.

Capa: Su color es fundamentalmente el rubio, trigueño o canela (capa teixa), admitiéndose oscilaciones que van desde el claro (marelo) hasta el oscuro (bermello). El color debe ser uniforme, admitiéndose algunas degradaciones centrífugas de tonalidad en las bragadas, axilas, cara interna de los muslos, cara posterior de las nalgas, partes distales de las extremidades, punta de la cola, morro y alrededor del ojo.

Los animales de la raza Rubia Gallega son dóciles y de fácil manejo, con gran rusticidad y capacidad de adaptación a medios adversos, que permite el aprovechamiento de medios difíciles y áreas infrutilizadas, como pueden ser las zonas de montaña. Esta facilidad de adaptación y las excepcionales cualidades maternas son la causa de expansión de la población. Son animales de madurez tardía con una elevada tasa de crecimiento y un bajo desarrollo del tejido adiposo (Bispo et al., 2010), gran rusticidad y capacidad de adaptación a medios adversos (Oliete et al., 2006). Su color es fundamentalmente rubio, trigueño o canela, con una conformación generalmente larga y profunda, propia de los animales especializados en la producción cárnica (ACRUGA, 2024).

1.3. Censo de animales, explotaciones y su distribución geográfica:

El censo actual de esta raza es de 32.415 cabezas (3.615 machos y 28.800 hembras), distribuidos en 1.336 explotaciones, lo que supone una media de 25 cabezas de ganado registrado por explotación (ACRUGA, 2024). En cuanto a la distribución geográfica, la raza se encuentra ubicada principalmente en Galicia, con un 96,83% del censo total, con una pequeña representación en otras comunidades autónomas: 0,12 % Aragón (Teruel), 1,68 % Castilla-León (Ávila, León, Palencia, Salamanca y Segovia), 0,28 % Extremadura (Cáceres), 0,90% Madrid, Castilla la Mancha 0.02 % y Andalucía 0.13 % (ACRUGA, 2024).

Además, actualmente se exporta material genético de manera regular a otros territorios, como Venezuela o Brasil, donde se exportan unas 120.000 dosis al año, además de países como Italia, Polonia, Portugal, Australia, Indonesia, Méjico, Nicaragua, Uruguay o Turquía. El semen exportado de los sementales de Rubia Gallega se utiliza en mayor medida para el cruce con razas cebuínas.

1.4. Sistema de Producción y Rendimientos:

Esta población vacuna gallega se desenvuelve sobre un suelo de origen granítico y pizarroso, y en un clima templado y húmedo. La temperatura media anual es de 12-14°C, las lluvias son abundantes (150 días al año), con precipitaciones anuales de 900 litros, siendo la humedad ambiente media de un 75%. El área de distribución de la raza se sitúa sobre una zona de montaña media y valles fértiles del interior de Galicia, comprendida entre los 300 y 600 metros de altitud.

El sistema de explotación es familiar, y está basado en el pastoreo, dada su facilidad de manejo y rusticidad. La cría se hace mediante lactancia natural, el destete a los 7-8 meses de edad.

El sistema de producción de este ganado determina sobre los animales unas características cuantitativas y cualitativas de gran importancia económica (Quintela et al., 2012), como son:

- ⇒ Capacidad de Crecimiento, con ganancias medias diarias post destete de 1.885 g. en machos y 1.375 g. en hembras e índices de conversión de 4,65 y 4,71 respectivamente.
- ⇒ Calidad de la Canal, por el elevado rendimiento de la canal (62,07%) y de piezas comerciales de categoría Extra + Primera (46,26%) y su composición muy favorable en carne (78,21%), hueso (11,37%) y grasa (7,69%).
- ⇒ Calidad de la Carne, con un color rosado, jugosa, tierna y con un extraordinario aroma y sabor como consecuencia del equilibrado perfil de ácidos grasos de los lípidos intramusculares.
- ⇒ Potencial paternal, proporcionando terneros en cruzamiento industrial con el 98% de partos fáciles, precoces hasta la pubertad (1.331g de GMD), con el 4.170 de IC, época en la que alcanzan pesos para el sacrificio 533 kg. a los 12 meses. Se considera pues que es una raza idónea para utilizar en cruzamiento industrial.
- ⇒ La raza Rubia Gallega es ampliamente utilizada con el colectivo lechero y con el conjunto mestizo, siendo en la actualidad la raza de especialización cárnica más utilizada en España por inseminación artificial.
- ⇒ La facilidad de parto, longevidad, cualidades maternas y producción lechera, completan el bagaje de aspectos positivos que la señalan como una raza de gran porvenir. A todo ello, añadir la rusticidad y facilidad de adaptación a medios adversos. Dentro de las cualidades maternas habrá que destacar longevidad (21años), intervalo entre partos (409 días), edad al primer parto (26 meses), aptitud para el parto (98% de partos fáciles), capacidad de cría (producción lechera media de las madres en la 3ª lactación = 2.239 kg. de leche en 296 días, con el 4,4% de grasa).

Los datos productivos medios obtenidos son los siguientes (ACRUGA, 2024)

- ✓ Peso al nacimiento: 40-43 Kg (hembras y machos respectivamente).
- ✓ Peso al destete (210 días): 270-300 Kg (hembras y machos respectivamente).
- ✓ Velocidad de crecimiento en lactación: 1,150 Kg/día (1,100 Kg/d. en hembras, 1,200 Kg/d. en machos).
- ✓ Edad al sacrificio: 8-10 meses.

- ✓ Peso vivo al sacrificio: 300-400 Kg.

En cuanto a los datos reproductivos medios, se registrar los siguientes valores (ACRUGA, 2024):

- ✓ Edad al primer parto: 27 meses.
- ✓ Intervalo entre partos: 409 días.
- ✓ Intervalo parto – 1ª cubrición: 78 días.
- ✓ Intervalo parto – concepción (días abiertos): 118 días.
- ✓ Duración de la gestación: 291 días.
- ✓ Facilidad de parto (% de hembras que paren solas): 85 %.

El control de rendimientos de la raza Rubia Gallega obedece al esquema de la Decisión 2006/427, de 20 de junio de 2006 (DOCE 22/6/2006) y tiene como misión la recogida de todos aquellos datos productivos (tanto del individuo, como de sus ascendientes, descendientes y colaterales) necesarios para la evaluación genética de reproductores.

1.5. El Programa de mejora genética:

Los programas de mejora genética en las razas bovinas de carne suelen utilizar criterios de selección basados en caracteres productivos y reproductivos (Phocas et al., 1998). Por este motivo, el programa de mejora de la raza Rubia Gallega se enfocan primordialmente hacia el mantenimiento y potenciación de los parámetros que la caracterizan como son la rusticidad, la adaptabilidad a medio adversos, la longevidad, la facilidad de parto, su aceptable producción lechera, así como excelentes rendimientos productivos (ganancia media diaria, índice de conversión de los alimentos, rendimiento y calidad de la canal y de la carne).

1.5.1. Objetivo global:

El objetivo principal de selección en la raza Rubia Gallega consiste en mejorar su eficacia productiva, centrándose en obtener carne de calidad a partir de terneros sacrificados antes de los 10 meses y criados en un sistema específico con una lactancia natural de aproximadamente 7 meses. Para alcanzar este objetivo, es crucial disponer de

información acerca del crecimiento del animal, incluyendo el peso al nacer y al destete, así como las características reproductivas, de la canal y de la carne. Los datos recopilados en el entorno de producción real son herramientas eficientes para ajustar la estructura genética hacia una mayor productividad y adaptación al mercado.

1.5.2. Objetivos particulares:

En la búsqueda del objetivo general, se establecen los siguientes objetivos parciales:

- ✓ Aumentar el rendimiento reproductivo de las hembras y la facilidad de parto.
- ✓ Aumentar la capacidad maternal de las madres, manteniendo la rusticidad de las mismas.
- ✓ Mejorar el crecimiento medio diario durante el periodo predestete en explotación.
- ✓ Mejorar el rendimiento cárnico y las características de la canal y de la carne.

La implementación de este programa resultará en la obtención de los reproductores óptimos (tanto machos como hembras) desde las perspectivas genealógica, morfológica, reproductiva y productiva.

1.5.3. Criterios de selección:

Los caracteres incorporados en los diferentes criterios de selección se registran en la explotación y en el matadero.

⇒ Caracteres en vivo (en explotación):

- *Peso al nacimiento (kg.) –PNAC-*: Peso del ternero al momento del nacimiento. Este carácter se registra debido a su asociación con la dificultad o facilidad del parto.
- *Peso al destete (Kg.) –P210-*: En esta población, la edad de referencia es los 7 meses, y se registra como predictor del peso al sacrificio de los animales. Se utiliza su valoración para el efecto genético directo (P210D) y el efecto genético materno (P210M)
- *Facilidad de parto –FAC-*: El interés de este carácter reside en la relación que muestra con los partos problemáticos, con

importantes gastos en la explotación y con una gran incidencia negativa sobre la viabilidad de la madre y de la cría.

- *Edad al primer parto (Días) -EPP-*: La edad al primer parto se calcula a partir del registro de nacimientos y se realiza un filtrado para eliminar datos incorrectos manteniendo exclusivamente las edades entre los 600 y los 1500 días.
- *Intervalo entre partos (Días) -INT-*: Se registra como medida de la fertilidad de las hembras y se calcula a partir de la información recogida en el registro de nacimientos. Además, se realiza un filtrado para eliminar datos incorrectos que mantiene exclusivamente los datos entre los 320 y los 600 días.
- *Longevidad (Número de Partos) -LONG-*: La longevidad se calcula a partir del mayor orden de parto registrado antes de la fecha de baja de las hembras reproductora.
- *Calificación lineal de los reproductores en explotación*: se realiza según los criterios descritos en el Anexo VI.

⇒ Caracteres de la canal (en el matadero):

- *Peso de la canal fría (Kg.) -PSAC-*: Se trata del peso proporcionado con el matadero. Se utiliza su valoración para el efecto genético directo (PSACD) y el efecto genético materno (PSACM)
- *Conformación de la canal -CONF-*: Se trata de la valoración oficial de conformación en la escala SEURO. La información categórica original se transforma a una escala cuantitativa, según los siguientes criterios: P = 1, O = 2, R = 3, U = 4, E = 5 y S = 6, con incrementos positivos/negativos de 0,333 puntos para las valoraciones +/- (Figura 2).
- *Engrasamiento de la canal -FAT-*: Se mantiene la escala original de 1 a 5, con incrementos positivos/negativos de 0,333 puntos para +/-.

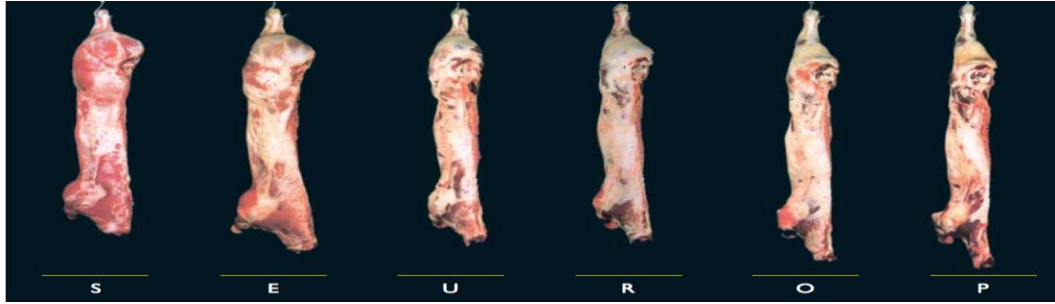


Figura 2. Clases de conformación de la canal (S: superior, E: excelente, U: muy buena, R: buena, O: menos buena, P: mediocre) (Ministerio de Agricultura, 2022).

La valoración genética se realiza mediante ssGBLUP (Legarra et al., 2014) multicarácter para los caracteres incluidos en la figura 3.

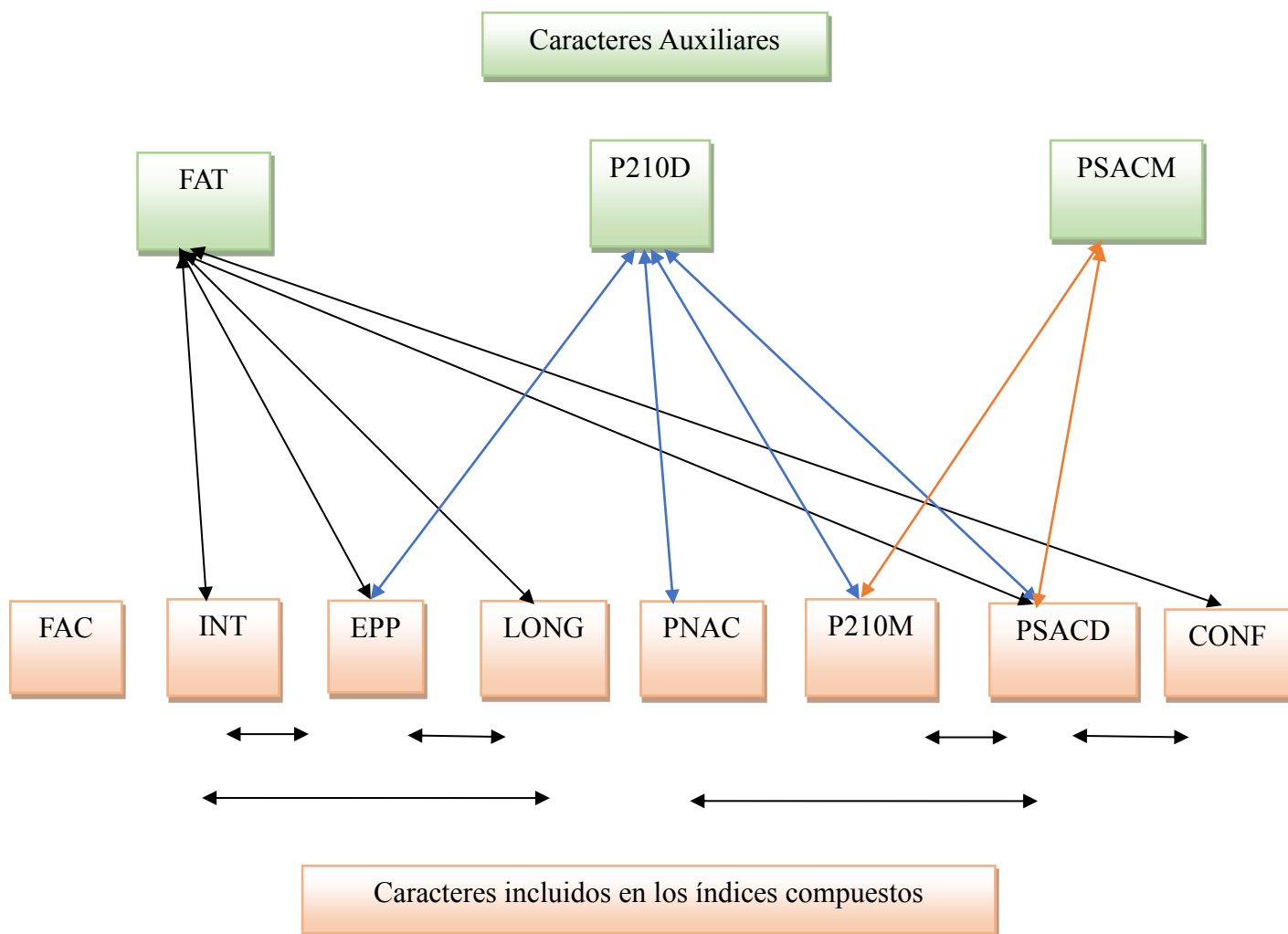


Figura 3. Esquema de los caracteres utilizados en la evaluación genética del esquema de mejora genética de la raza Rubia Gallega (ACRUGA, 2024). Las flechas indican la posible correlación genética entre ellos.

La implementación de este esquema de selección se basa en la elaboración de índices compuestos de selección (ICO). El ICO se establece teniendo en cuenta: la influencia de cada carácter en la rentabilidad, la respuesta genética que se puede obtener de ellos y los criterios de los ganaderos (Hazel y Lush, 1942). En la raza Rubia Gallega se elaboran 3 índices compuestos, a partir de las soluciones del ssGBLUP estandarizadas. El primer ICO que se elabora es el Índice Reproductivo que incluye la edad al primero parto (EPP), el intervalo entre partos (INT), la facilidad al parto (FAC) y la longevidad (LONG) (Figura 4).

Índice reproductivo

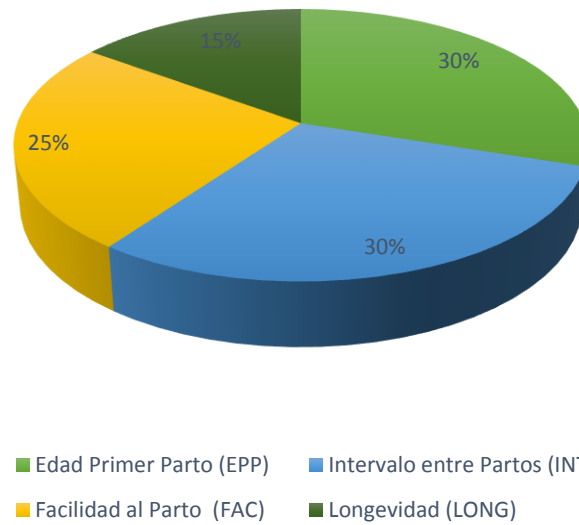


Figura 4. Índice Compuesto para Reproducción (ICR) (ACRUGA, 2024).

El resultado de este ICR forma parte el ICO vida -IVC- que proporcionar obtener una evaluación integral de características relacionadas con el desempeño reproductivo y la capacidad productiva de los animales y se calcula a partir del ICR, el efecto directo para el peso de la canal fría (PSACD). Las ponderaciones de cada uno de los caracteres se presentan en la figura 5.

Índice de vida

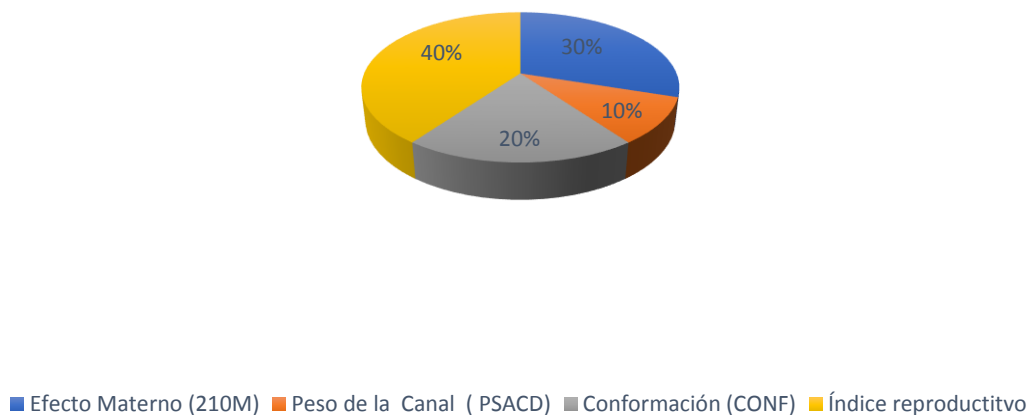


Figura 5. Índice Compuesto para Vida (ICV) (ACRUGA, 2024).

Finalmente, el ICC, o índice compuesto para la carne, tiene como objetivo seleccionar sementales para la producción de carne y su utilización en cruzamiento con otras poblaciones. Este índice se calcula a partir de las valoraciones genéticas para peso al nacimiento (PNAC), el efecto directo del peso de la canal (PSACD) y conformación (CONF). El peso al nacimiento se introduce con sentido negativo para evitar la presencia de partos distócicos en la hembra receptora.

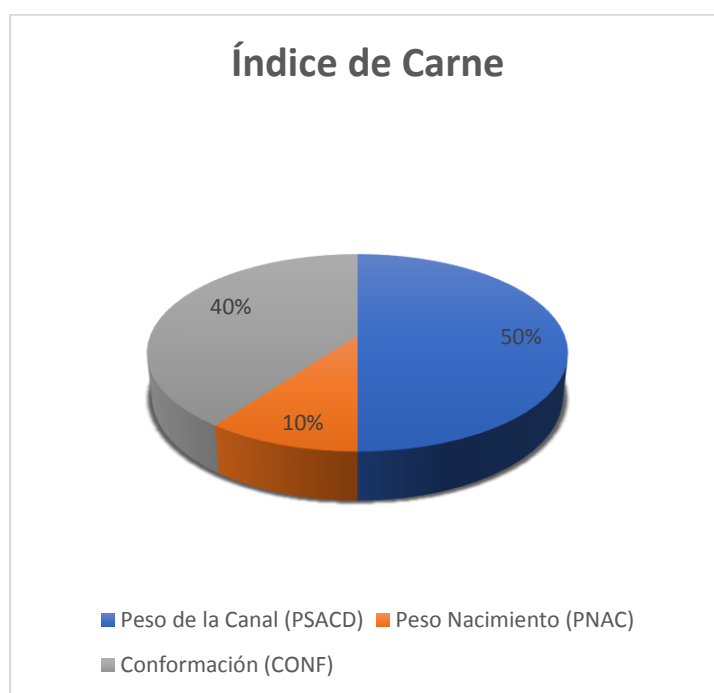


Figura 6. Índice Compuesto para Carne (ACRUGA, 2024).

1.5.4. Importancia de los caracteres morfológicos:

El programa de mejora genética de la raza Rubia Gallega incide tanto en los caracteres reproductivos como en los caracteres productivos. Lamentablemente, muchos de los caracteres incluidos en los índices compuestos anteriormente mencionados expresan su fenotipo en etapas avanzadas de la vida del animal y únicamente en hembras (LONG, EPP, INT, FAC) o después del sacrificio (PSAC, CONF, FAT). Por lo tanto, el registro fenotípico individual no estará disponible en los candidatos a la selección. La precisión en la valoración genética de estos caracteres puede verse sustancialmente incrementada si se dispone de registros de caracteres auxiliares que se pueden registrar en animales jóvenes, siempre que presenten una heredabilidad media o alta y que tengan una correlación genética elevada con los caracteres de interés (Hill y Mackay, 2004).

Los procedimientos de valoración morfológica lineal (Doyle et al., 2018) pueden convertirse en unos candidatos idóneos para alcanzar este objetivo, ya que pueden ser registrados tanto en machos como en hembras y en edades anteriores a la toma de decisiones de selección. En concreto, la valoración morfológica lineal de la raza Rubia Gallega proporciona información para caracteres de Desarrollo Muscular (Anchura de Pecho, Anchura de la Cruz, Anchura del Dorso, Espesor de Lomo, Profundidad de la Nalga, Anchura de la Nalga y Redondez de la Nalga), de Desarrollo Esquelético (Alzada, Profundidad del Tórax, Longitud de la Pelvis, Anchura Coxofemoral, Perímetro Torácico y Grosor de la Cana) y de Aptitud Funcional (Rectitud del Dorso, Inclinação de la Pelvis, Aplomos Delanteros y Traseros).

2. OBJETIVOS:

El objetivo principal de este trabajo consiste en analizar la viabilidad de la utilización de los caracteres procedentes de la valoración morfológica lineal como caracteres auxiliares en la predicción del mérito genético aditivo de los caracteres incluidos en los índices compuestos de selección en la Raza Rubia Gallega. De este objetivo principal se desprenden los siguientes objetivos secundarios:

- La estimación de los componentes de varianza y heredabilidades de los caracteres incluidos en la valoración morfológica lineal.
- La estimación de las correlaciones genéticas de los caracteres de la valoración morfológica lineal con los caracteres de interés económico.
- La estimación de las correlaciones genéticas entre los caracteres morfológicos.

3. MATERIAL Y MÉTODOS:

3.1. MATERIAL:

La información fenotípica y genealógica utilizada en el desarrollo de esta tesis de máster ha sido proporcionada por AGRUGA (Asociación Nacional de Criadores de Ganado Vacuno Selecto de Raza Rubia Gallega). La genealogía consistió en 504,233 entradas individuo-padre-madre. En total de la genealogía, el padre fue registrado en 368,846 (73,14%) y la madre en 422,227 (87,70%). Sin embargo, estos porcentajes mejoran considerablemente si se analizan aquellos individuos de los que se dispone información fenotípica para los caracteres morfológicos, alcanzado 88,56% de los padres y 90,73% de las madres.

Por otra parte, se dispuso de información fenotípica para los siguientes caracteres incluidos en los índices compuestos de selección:

- PNAC: Peso al nacimiento.
- P210: Peso al destete.
- PCAN: Peso de la Canal.
- CONF: Conformación.
- FAT: Engrasamiento de la canal.
- EPP: Edad al Primer Parto.
- INT: Intervalo entre partos.
- FAC: Facilidad al parto.
- LONG: Longevidad.

El número de datos disponibles, la media, desviación típica y coeficiente de variación se presentan en la Tabla 1.

Tabla 1. Número de datos (N), media, desviación típica (DT) y coeficiente de variación (CV) de los caracteres incluidos en los índices compuestos de selección.

<i>Carácter</i>	<i>N</i>	<i>Media</i>	<i>DT</i>	<i>CV</i>
Peso al nacimiento –PNAC- (Kg.)	356479	42.53	7.58	17.83
Peso a los 210 días – P210- (Kg.)	116720	266.64	87.15	32.68
Peso de la canal –PSAC- (Kg.)	113269	199.27	80.42	40.35
Conformación –CONF- (Puntuación)	113205	9.70	3.91	40.31
Engrasamiento –FAT- (Puntuación)	113122	5.13	2.20	42.88
Edad al primer parto –EPP-(Días)	70232	932.80	226.05	24.23
Facilidad al parto – FAC- (Puntuación)	260810	1.27	0.68	53.94
Intervalo entre partos – INT-(Días)	264296	401.53	61.76	15.38
Longevidad –LONG- (Partos)	57852	4.95	3.43	69.33

Los caracteres PNAC, P210 Y PCAN se expresan en Kg, los caracteres EPP e INT se cuantifican en días y LONG en número de partos. Los caracteres CONF y FAT se obtuvieron del Sistema Integral de Trazabilidad Animal (SITRAN) y midieron en las escalas de valoración SEUROP, como se representan en la figura 2 (Ministerio de Agricultura, 2022) y que fueron transformadas en 18 y 15 categorías (Altarriba et al., 2009), respectivamente. Finalmente, FAC se expresa en 4 categorías que representan 1 (parto sin ayuda), 2 (parto asistido), 3 (parto con asistencia veterinaria) y 4 (cesárea). Por otra parte, se dispone de los siguientes fenotipos proporcionados por la hoja de calificación morfológica de la Raza Rubia Gallega. Estos caracteres los clasificaron en 4 grupos:

- *Desarrollo muscular*: Anchura de la Espalda, Anchura de la Cruz, Anchura del Dorso, Anchura de la Grupa, Anchura de la Nalga, Espesor del Lomo, Profundidad del Muslo y Redondez de la Nalga.
- *Desarrollo esquelético*: Alzada, Profundidad del Tórax, Longitud, Grosor de la Caña, Perímetro del Tórax, Longitud de la Pelvis.
- *Aptitud Funcional*: Rectitud del Dorso, Inclinación de la Pelvis, Aplomos Delanteros (vista lateral y vista delantera) y Aplomos Traseros (vista lateral y vista trasera).

La calificación se ha realizado mediante medidas con cinta métrica (anchura grupa, alzada, profundidad de tórax, longitud, perímetro tórax, longitud de pelvis), o mediante por apreciación visual del animal en una escala hasta 9 puntos:

- Excelente....9 puntos.
- Muy Bueno...8 puntos.
- Bueno7 puntos.
- Regular.....6 puntos.
- Suficiente5 puntos.
- Elimidable...< 5 puntos.

Los caracteres registrados con este criterio fueron: anchura de la espalda, anchura de la cruz, anchura del dorso, anchura de la nalga, espesor del lomo, profundidad del muslo, grosos de la caña, rectitud del dorso, inclinación de la pelvis, aplomos anteriores (vista lateral y vista anterior), aplomos posteriores (vista lateral y vista posterior).

La cantidad de datos disponibles, así como su media, desviación típica y coeficiente de variación se presentan en la Tabla 2.

Tabla 2. Número de datos (N), media, desviación típica (DT) y coeficiente de variación (CV) de los caracteres proporcionados por la calificación morfológica.

<i>Carácter</i>	<i>Número de Datos</i>	<i>Media</i>	<i>Desv. Típ.</i>	<i>CV</i>
Anchura de la Espalda (puntos)	12588	7.02	0.81	11.55
Anchura de la Cruz (puntos)	12588	6.88	0.96	13.96
Anchura del Dorso (puntos)	12588	6.69	0.79	11.94
Anchura de la Grupa (cm)	12588	52.01	6.46	12.43
Anchura de la Nalga (puntos)	12588	7.05	0.80	11.40
Espesor del Lomo (puntos)	12588	6.98	0.82	11.82
Profundidad del Muslo (puntos)	12588	6.99	0.79	11.43
Redondez de la Nalga	12588	7.11	0.82	11.66
Alzada (cm)	12588	135.87	5.80	4.26
Profundidad del Tórax (cm)	12588	76.04	6.14	8.07
Longitud (cm)	12588	163.91	10.88	6.64
Grosor de la Caña (puntos)	12587	6.87	0.96	14.10
Perímetro del Tórax (cm)	12587	196.27	12.22	6.22
Longitud de la Pelvis (cm)	12587	53.30	6.03	11.32
Rectitud del Dorso (puntos)	12587	6.98	0.89	12.87
Inclinación de la Pelvis (puntos)	12587	6.75	0.95	14.12
Aplomos Delanteros Vista Anterior (puntos)	12588	6.39	1.24	19.51
Aplomos Delanteros Vista Lateral (puntos)	12587	6.67	1.16	17.46
Aplomos Traseros Vista Posterior (puntos)	12587	6.76	0.93	13.87
Aplomos Traseros Vista Lateral (puntos)	12587	6.63	0.97	14.64

Estos caracteres se encuentran relacionados fenotípicamente entre sí, como se muestra en la figura 7, que presenta las correlaciones de Pearson calculadas a partir de los individuos que presentan fenotipo registrado para cada pareja de caracteres.

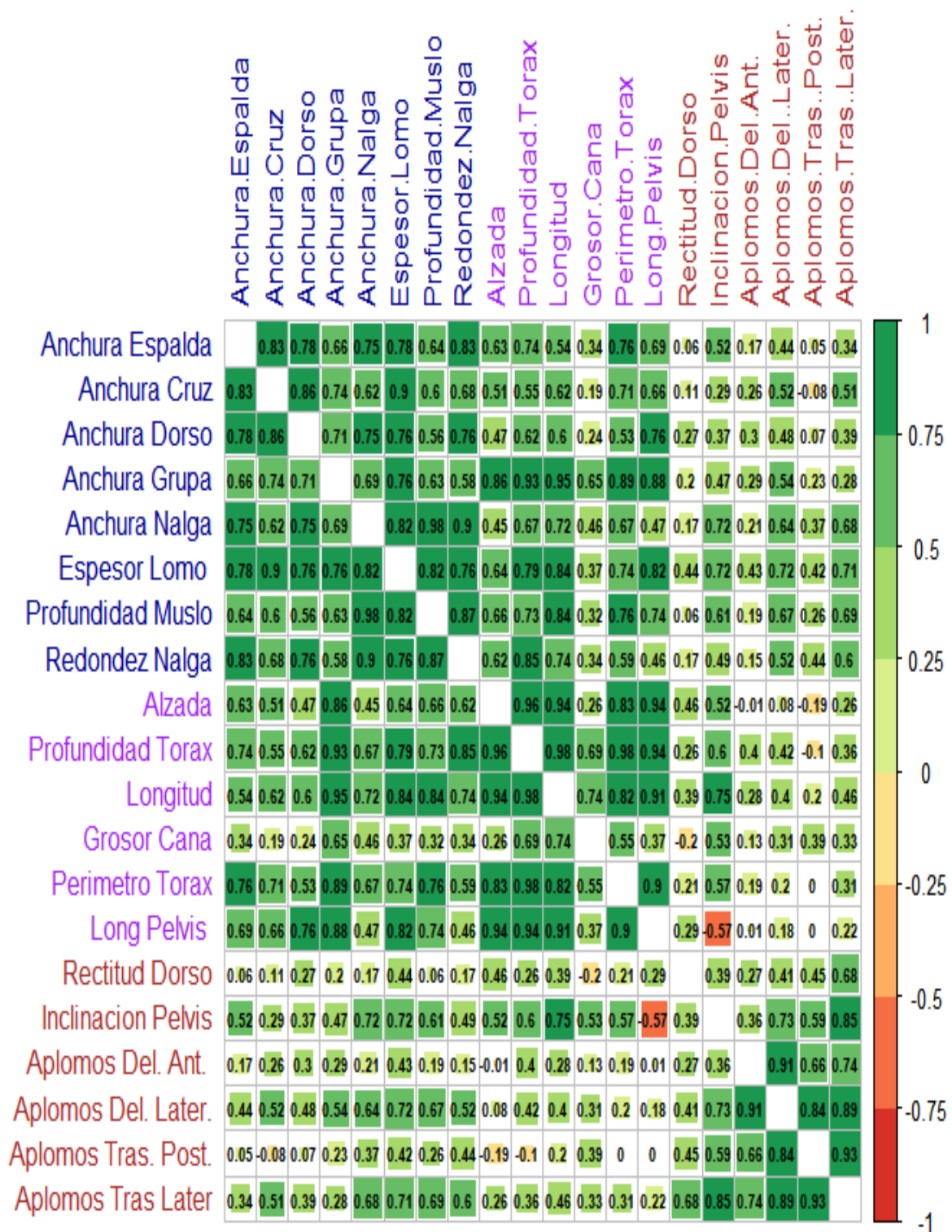


Figura 7. Correlaciones de Pearson entre los caracteres morfológicos obtenidas a partir de fenotipos de los individuos de los que se dispone cada pareja de caracteres.

3.2. METODOS:

Los datos se han analizado con Inferencia Bayesiana (Blasco, 2017) mediante MCMC utilizando Gibbs Sampling (Gelfand y Smith, 1990). En primer lugar, se ha realizado un análisis unicaracter para la estimación de componentes de la varianza y de las heredabilidades y, en segundo lugar, se ha procedido a realizar análisis bi-carácter para cada pareja de caracteres con el objetivo de estimar las correlaciones genéticas y residuales.

3.2.1. Análisis Unicarácter:

Para cada uno de los caracteres se realizó un filtrado de la genealogía mediante el programa renumf90 (Misztal et al., 2014), que permitió identificar a los individuos relacionados genéticamente con los individuos registrados.

El modelo de análisis utilizado para los caracteres expresados una sola vez a lo largo de la vida del animal fue:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{W}\mathbf{h} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e}$$

Donde \mathbf{y} es el vector de datos fenotípicos, \mathbf{b} es el vector de efectos sistemáticos, \mathbf{h} es el vector de efectos aleatorios asociados al rebaño, \mathbf{u} es el vector de efectos genéticos aditivos y \mathbf{e} es el vector de residuos. Además, \mathbf{X} , \mathbf{W} y \mathbf{Z} son las correspondientes matrices de incidencia. El modelo de análisis para los caracteres INT y FAC incluyó adicionalmente un efecto ambiental permanente (\mathbf{p}), ya se expresan en varias ocasiones a lo largo de la vida del individuo.

La verosimilitud bayesiana o distribución condicional de los datos dados todos los parámetros del modelo fue la siguiente distribución normal multivariante (MVN):

$$f(\mathbf{y}|\mathbf{b}, \mathbf{h}, \mathbf{u}) \sim MVN(\mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{W}\mathbf{h} + \mathbf{Z}\mathbf{u}, \mathbf{I}\sigma_e^2)$$

siendo σ_e^2 la varianza residual. Las distribuciones a priori de los efectos aleatorios fueron:

$$\mathbf{h} \sim MVN(\mathbf{0}, \mathbf{I}\sigma_s^2)$$

$$\mathbf{u} \sim MVN(\mathbf{0}, \mathbf{A}\sigma_u^2)$$

donde σ_s^2 y σ_u^2 son la varianza de los efectos rebaño y de los efectos genéticos aditivos, respectivamente. Además, \mathbf{A} es la matriz de parentesco numerador. En los caracteres INT

y FAC, el efecto ambiental permanente se distribuyó también mediante una distribución normal multivariante.

$$p \sim MVN(\mathbf{0}, I\sigma_p^2)$$

Finalmente, las distribuciones a priori de los componentes de la varianza ($\sigma_s^2, \sigma_u^2, \sigma_p^2$ y σ_e^2) y de los efectos sistemáticos (\mathbf{b}) se asumieron uniformes y acotadas dentro del espacio paramétrico de las variables. Los efectos sistemáticos y los niveles incluidos para todos los caracteres analizados se presentan en la Tabla 2.

Tabla 3. Efectos sistemáticos incluidos (X) y niveles de los mismos (entre paréntesis) de los caracteres productivos, reproductivos y de longevidad y morfológicos.

Grupo	Carácter	Sexo	Edad de la madre	Edad a los 210 días	Edad calificación	Edad al sacrificio	Calificador	Matadero	Estación
Productivos	PNAC	X (2)	X (13)						X (205)
	P210	X (2)	X (13)	X (*)					X (129)
	PSAC	X (2)				X (*)		X (36)	X (82)
	CONF	X (2)				X (*)		X (36)	X (82)
	FAT	X (2)				X (*)		X (36)	X (82)
Reproductivos y de Longevidad	EPP		X (13)						X (205)
	FAC		X (13)						X (205)
	INT		X (13)						X (199)
	LONG		X (13)						X (206)
Calificación morfológica		X (2)			X (10)		X (10)		X (80)

PNAC: Peso al Nacimiento, P210: Peso a los 210 días, PSAC: Peso al sacrificio, CONF: Conformación, FAT: Engrasamiento, EPP: Edad al primer parto, FAC: Facilidad al parto, INT: Intervalo entre Partos, LONG: Longevidad.

*: Efectos incluidos como covariadas.

La Inferencia Bayesiana busca calcular las distribuciones posteriores de todos los parámetros desconocidos del modelo dados los datos. Estos parámetros son los elementos de los vectores \mathbf{b} , \mathbf{s} , \mathbf{u} y de las de varianzas (σ_s^2 , σ_u^2 y σ_e^2).

La implementación de este modelo mediante Gibbs Sampling exige el muestreo secuencial de las distribuciones condicionales de cada uno de los parámetros desconocidos. Las distribuciones condicionales de \mathbf{b} , \mathbf{s} , \mathbf{u} son normales univariantes que obtienen a partir de las ecuaciones del modelo mixto de la siguiente manera:

$$l_i | \mathbf{l}_{-i}, \sigma_s^2, \sigma_u^2, \sigma_e^2 \sim N \left(\frac{RHS_i - \mathbf{C}_{i(-i)} \mathbf{l}_{-i}}{C_{ii}}, \frac{1}{C_{ii}} \right)$$

Donde l_i es *iesimo* elemento del vector $\mathbf{l} = \{\mathbf{b}, \mathbf{s}, \mathbf{u}\}$, \mathbf{l}_{-i} corresponde al vector \mathbf{l} menos el *iesimo* elemento, C_{ii} es el elemento *iesimo* de la diagonal de la matriz de coeficientes \mathbf{C} , $\mathbf{C}_{i(-i)}$ es la *iesima* fila de la matriz de coeficientes menos el *iesimo* elemento, RHS_i es el *iesimo* elemento del vector del lado derecho (RHS). En el modelo utilizado la matriz de coeficientes \mathbf{C} es:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{W} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} \\ \mathbf{W}'\mathbf{X} & \mathbf{W}'\mathbf{W} + \mathbf{I} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_s^2} & \mathbf{W}'\mathbf{Z} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{W} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{A}^{-1} \frac{\sigma_e^2}{\sigma_u^2} \end{bmatrix}$$

, y el vector del lado derecho (**RHS**) es:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{W}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{y} \end{bmatrix}$$

Las distribuciones condicionales de las varianzas (σ_s^2 , σ_u^2 y σ_e^2) fueron las siguientes distribuciones chi-cuadrado invertidas (Wang et al., 1993) :

$$\sigma_s^2 | \mathbf{h} \sim inv - \chi^2(\mathbf{s}_0, nh - 2)$$

$$\sigma_u^2 | \mathbf{u} \sim inv - \chi^2(\mathbf{g}_0, na - 2)$$

$$\sigma_e^2 | \mathbf{y}, \mathbf{s}, \mathbf{u} \sim inv - \chi^2(\mathbf{r}_0, nd - 2)$$

Donde n_h es el número de rebaños, n_a es el número de animales en la genealogía y n_d es el número de individuos con dato fenotípico. Además,

$$\mathbf{s}_0 = \mathbf{h}'\mathbf{h}$$

$$\mathbf{g}_0 = \mathbf{u}'\mathbf{A}^{-1}\mathbf{u}$$

$$\mathbf{r}_0 = \mathbf{e}'\mathbf{e}$$

El procedimiento de Gibbs Sampling se implementó mediante el programa gibbsf90+ (Miszta et al., 2014) y se usaron los siguientes parámetros de muestreo:

- ✓ Número de cadenas: En nuestro análisis utilizamos una única cadena de muestreo.
- ✓ Longitud de las cadenas: 25.000 iteraciones (*nit*).
- ✓ Burn-in: 5.000 iteraciones (*nb*)

El programa gibbsf90+ proporciona para cada iteración los componentes de varianza (σ_s^2 , σ_u^2 y σ_e^2). A partir de ellos, se ha calculado para cada iteración la heredabilidad del carácter mediante.

$$h^2 = \frac{\sigma_u^2}{\sigma_u^2 + \sigma_s^2 + \sigma_e^2}$$

Finalmente, las secuencias $\{h^2(nb + 1), h^2(nb + 2), \dots, h^2(nit)\}$ se utilizaron para aproximar las distribuciones marginales posteriores de la heredabilidad y para estimar la media y la desviación típica de las mismas.

3.2.2. Análisis Bi-carácter:

El estudio de las correlaciones genéticas entre cada pareja de caracteres se realizó mediante el siguiente modelo animal bicaracter:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbf{X}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{b}_1 \\ \mathbf{b}_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \mathbf{W}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{W}_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{h}_1 \\ \mathbf{h}_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{u}_1 \\ \mathbf{u}_2 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{pmatrix}$$

donde $\mathbf{y}_1 = \{\mathbf{y}_1^o, \mathbf{y}_1^f\}$ es el vector de fenotipos para el primer carácter, que se compone de los fenotipos disponibles (\mathbf{y}_1^o) y los faltantes (\mathbf{y}_1^f); $\mathbf{y}_2 = \{\mathbf{y}_2^o, \mathbf{y}_2^f\}$ es el vector de fenotipos para el segundo. En este análisis se requiere definir fenotipos faltantes ya que el número de observaciones no es el mismo para todos los caracteres (Tablas 1 y 2). Además, \mathbf{b}_1 y

\mathbf{b}_2 son los vectores de efectos sistemáticos definidos para cada carácter, \mathbf{h}_1 y \mathbf{h}_2 son los vectores de efectos aleatorios atribuibles al rebaño, \mathbf{u}_1 y \mathbf{u}_2 son los vectores de efectos genéticos aditivos de todos los individuos relacionados genéticamente con los fenotipos disponibles en alguno de los caracteres y \mathbf{e}_1 y \mathbf{e}_2 son los vectores de residuos. Finalmente, $\mathbf{X}_1, \mathbf{X}_2, \mathbf{W}_1, \mathbf{W}_2, \mathbf{Z}_1, \mathbf{Z}_2$ son las correspondientes matrices de incidencia. Como en los análisis univariantes, los modelos que analizaron los caracteres INT y FAC incluyeron un efecto aleatorio adicional correspondiente al efecto ambiental permanente (\mathbf{p}).

El modelo se analizó mediante un procedimiento de muestreo de gibbs con un paso de aumento de datos (Tanner y Wong, 1987) que, en cada iteración muestrean los datos faltantes ($\mathbf{y}_1^f, \mathbf{y}_2^f$) a partir de distribuciones normales univariantes. Una vez aumentados los datos, la distribución condicional de los fenotipos ($\mathbf{y}_1, \mathbf{y}_2$) dados todos los parámetros del modelo fue la siguiente distribución normal multivariante:

$$f(\mathbf{y}_1, \mathbf{y}_2 | \mathbf{b}_1, \mathbf{b}_2, \mathbf{h}_1, \mathbf{h}_2, \mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2) \sim MVN \left(\begin{matrix} \mathbf{X}_1 \mathbf{b}_1 + \mathbf{W}_1 \mathbf{h}_1 + \mathbf{Z}_1 \mathbf{u}_1 \\ \mathbf{X}_2 \mathbf{b}_2 + \mathbf{W}_2 \mathbf{h}_2 + \mathbf{Z}_2 \mathbf{u}_2 \end{matrix}, \mathbf{I} \otimes \mathbf{R} \right)$$

donde \mathbf{I} es la matriz identidad, $\mathbf{R} = \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 & \sigma_{e12} \\ \sigma_{e12} & \sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$, σ_{e1}^2 es la varianza residual del primer carácter, σ_{e2}^2 es la varianza residual del segundo carácter y σ_{e12} es la covarianza residual entre el primer y el segundo carácter.

La distribución a priori de los efectos explotación y genéticos aditivos fueron las siguientes distribuciones normales multivariantes:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{h}_1 \\ \mathbf{h}_2 \end{pmatrix} \sim MVN \left(\begin{matrix} \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{matrix}, \mathbf{I} \otimes \mathbf{S} \right)$$

$$\begin{pmatrix} \mathbf{u}_1 \\ \mathbf{u}_2 \end{pmatrix} \sim MVN \left(\begin{matrix} \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{matrix}, \mathbf{A} \otimes \mathbf{G} \right)$$

Donde \mathbf{A} es la matriz de parentesco numerados, $\mathbf{S} = \begin{bmatrix} \sigma_{s1}^2 & \sigma_{s12} \\ \sigma_{s12} & \sigma_{s2}^2 \end{bmatrix}$ y $\mathbf{G} = \begin{bmatrix} \sigma_{u1}^2 & \sigma_{u12} \\ \sigma_{u12} & \sigma_{u2}^2 \end{bmatrix}$.

σ_{s1}^2 y σ_{s2}^2 son las varianzas del efecto explotación del primer y segundo carácter y σ_{s12} es la covarianza entre ellos. Además, σ_{u1}^2 y σ_{u2}^2 son las varianzas genéticas aditivas del primer y segundo carácter y σ_{u12} es su covarianza genética. Las distribuciones a priori de los efectos sistemáticos ($\mathbf{b}_1, \mathbf{b}_2$) y de los componentes de varianza se asumieron uniformes dentro de su espacio paramétrico.

La Inferencia Bayesiana busca calcular las distribuciones posteriores de todos los parámetros desconocidos del modelo dados los datos. Estos parámetros son los elementos de los vectores $\mathbf{b}_1, \mathbf{b}_2, \mathbf{s}_1, \mathbf{s}_2, \mathbf{u}_1$ y \mathbf{u}_2 y de las matrices de varianzas y covarianzas \mathbf{S}, \mathbf{G} y \mathbf{R} .

La implementación de este modelo mediante gibbs sampling exige el muestreo secuencial de las distribuciones condicionales de cada uno de los parámetros desconocidos. Las distribuciones condicionales de los elementos de los vectores $\mathbf{b}_1, \mathbf{b}_2, \mathbf{s}_1, \mathbf{s}_2, \mathbf{u}_1$ y \mathbf{u}_2 se son normales univariantes obtienen a partir de las ecuaciones del modelo mixto de la siguiente manera:

$$l_i | \mathbf{l}_{-i}, \mathbf{R}, \mathbf{S}, \mathbf{G} \sim N \left(\frac{RHS_i - \mathbf{C}_{i(-i)} \mathbf{l}_{-i}}{C_{ii}}, \frac{1}{C_{ii}} \right)$$

Donde l_i es *iesimo* elemento del vector $\mathbf{l} = \{\mathbf{b}_1, \mathbf{b}_2, \mathbf{s}_1, \mathbf{s}_2, \mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2\}$, \mathbf{l}_{-i} corresponde al vector \mathbf{l} menos el *iesimo* elemento, C_{ii} es el elemento *iesimo* de la diagonal de la matriz de coeficientes \mathbf{C} , $\mathbf{C}_{i(-i)}$ es la *iesima* fila de la matriz de coeficientes menos el *iesimo* elemento, RHS_i es el *iesimo* elemento del vector del lado derecho (RHS). En el modelo utilizado la matriz de coeficientes \mathbf{C} es:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}_1' \mathbf{r}_{11} \mathbf{X}_1 & \mathbf{X}_1' \mathbf{r}_{12} \mathbf{X}_2 & \mathbf{X}_1' \mathbf{r}_{11} \mathbf{W}_1 & \mathbf{X}_1' \mathbf{r}_{12} \mathbf{W}_2 & \mathbf{X}_1' \mathbf{r}_{11} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{X}_1' \mathbf{r}_{12} \mathbf{Z}_2 \\ \mathbf{X}_2' \mathbf{r}_{21} \mathbf{X}_1 & \mathbf{X}_2' \mathbf{r}_{22} \mathbf{X}_2 & \mathbf{X}_2' \mathbf{r}_{21} \mathbf{W}_1 & \mathbf{X}_2' \mathbf{r}_{22} \mathbf{W}_2 & \mathbf{X}_2' \mathbf{r}_{21} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{X}_2' \mathbf{r}_{22} \mathbf{Z}_2 \\ \mathbf{W}_1' \mathbf{r}_{11} \mathbf{X}_1 & \mathbf{W}_1' \mathbf{r}_{12} \mathbf{X}_2 & \mathbf{W}_1' \mathbf{r}_{11} \mathbf{W}_1 + \mathbf{I} s_{11} & \mathbf{W}_1' \mathbf{r}_{12} \mathbf{W}_2 + \mathbf{I} s_{12} & \mathbf{W}_1' \mathbf{r}_{11} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{W}_1' \mathbf{r}_{12} \mathbf{Z}_2 \\ \mathbf{W}_2' \mathbf{r}_{21} \mathbf{X}_1 & \mathbf{W}_2' \mathbf{r}_{22} \mathbf{X}_2 & \mathbf{W}_2' \mathbf{r}_{21} \mathbf{W}_1 + \mathbf{I} s_{21} & \mathbf{W}_2' \mathbf{r}_{22} \mathbf{W}_2 + \mathbf{I} s_{22} & \mathbf{W}_2' \mathbf{r}_{21} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{W}_2' \mathbf{r}_{22} \mathbf{Z}_2 \\ \mathbf{Z}_1' \mathbf{r}_{11} \mathbf{X}_1 & \mathbf{Z}_1' \mathbf{r}_{12} \mathbf{X}_2 & \mathbf{Z}_1' \mathbf{r}_{11} \mathbf{W}_1 & \mathbf{Z}_1' \mathbf{r}_{12} \mathbf{W}_2 & \mathbf{Z}_1' \mathbf{r}_{11} \mathbf{Z}_1 + \mathbf{A}^{-1} \mathbf{g}_{11} & \mathbf{Z}_1' \mathbf{r}_{11} \mathbf{Z}_2 + \mathbf{A}^{-1} \mathbf{g}_{12} \\ \mathbf{Z}_2' \mathbf{r}_{21} \mathbf{X}_1 & \mathbf{Z}_2' \mathbf{r}_{22} \mathbf{X}_2 & \mathbf{Z}_2' \mathbf{r}_{21} \mathbf{W}_1 & \mathbf{Z}_2' \mathbf{r}_{22} \mathbf{W}_2 & \mathbf{Z}_2' \mathbf{r}_{21} \mathbf{Z}_1 + \mathbf{A}^{-1} \mathbf{g}_{21} & \mathbf{Z}_2' \mathbf{r}_{22} \mathbf{Z}_2 + \mathbf{A}^{-1} \mathbf{g}_{22} \end{bmatrix}$$

Donde $\mathbf{R}^{-1} = \begin{pmatrix} r_{11} & r_{12} \\ r_{21} & r_{22} \end{pmatrix}$, $\mathbf{G}^{-1} = \begin{pmatrix} g_{11} & g_{12} \\ g_{21} & g_{22} \end{pmatrix}$ y $\mathbf{S}^{-1} = \begin{pmatrix} s_{11} & s_{12} \\ s_{21} & s_{22} \end{pmatrix}$, y el vector del lado derecho (**RHS**) es:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{X}_1' \mathbf{r}_{11} \mathbf{y}_1 + \mathbf{X}_1' \mathbf{r}_{12} \mathbf{y}_2 \\ \mathbf{X}_2' \mathbf{r}_{21} \mathbf{y}_1 + \mathbf{X}_2' \mathbf{r}_{22} \mathbf{y}_2 \\ \mathbf{W}_1' \mathbf{r}_{11} \mathbf{y}_1 + \mathbf{W}_1' \mathbf{r}_{12} \mathbf{y}_2 \\ \mathbf{W}_2' \mathbf{r}_{21} \mathbf{y}_1 + \mathbf{W}_2' \mathbf{r}_{22} \mathbf{y}_2 \\ \mathbf{Z}_1' \mathbf{r}_{11} \mathbf{y}_1 + \mathbf{Z}_1' \mathbf{r}_{12} \mathbf{y}_2 \\ \mathbf{Z}_2' \mathbf{r}_{21} \mathbf{y}_1 + \mathbf{Z}_2' \mathbf{r}_{22} \mathbf{y}_2 \end{bmatrix}$$

Las distribuciones condicionales de las matrices de varianzas y covarianzas (\mathbf{S}, \mathbf{G} y \mathbf{R}) fueron las distribuciones wishart invertidas (IW) (Tassell y Vleck, 1996):

$$\mathbf{S} | \mathbf{h}_1, \mathbf{h}_2 \sim IW(\mathbf{S}_0, nh - 3)$$

$$\mathbf{G}|\mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2 \sim IW(\mathbf{G}_0, na - 3)$$

$$\mathbf{R}|\mathbf{y}_1, \mathbf{y}_2, \mathbf{h}_1, \mathbf{h}_2, \mathbf{u}_1, \mathbf{u}_2 \sim IW(\mathbf{R}_0, nd - 3)$$

Donde nh es el número de rebaños, na es el número de animales en la genealogía y nd es el número de individuos con dato fenotípico. Además,

$$\mathbf{S}_0 = \begin{pmatrix} \mathbf{h}'_1 \mathbf{h}_1 & \mathbf{h}'_1 \mathbf{h}_2 \\ \mathbf{h}'_2 \mathbf{h}_1 & \mathbf{h}'_2 \mathbf{h}_2 \end{pmatrix}$$

$$\mathbf{G}_0 = \begin{pmatrix} \mathbf{a}'_1 \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_1 & \mathbf{a}'_1 \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_2 \\ \mathbf{a}'_2 \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_1 & \mathbf{a}'_2 \mathbf{A}^{-1} \mathbf{a}_2 \end{pmatrix}$$

$$\mathbf{R}_0 = \begin{pmatrix} \mathbf{e}'_1 \mathbf{e}_1 & \mathbf{e}'_1 \mathbf{e}_2 \\ \mathbf{e}'_2 \mathbf{e}_1 & \mathbf{e}'_2 \mathbf{e}_2 \end{pmatrix}$$

El procedimiento de Gibbs Sampling se implementó mediante el programa gibbsf90+ (Misztal et al., 2014) y se usaron los siguientes parámetros de muestreo:

- ✓ Número de cadenas: En nuestro análisis utilizamos una única cadena de muestreo.
- ✓ Longitud de las cadenas: 125.000 iteraciones (*niter*).
- ✓ Burn-in: 25.000 iteraciones (*nb*)

El programa gibbsf90+ proporciona para cada iteración los componentes de varianza incluidos en las matrices \mathbf{S} , \mathbf{G} y \mathbf{R} . A partir de ellos, se ha calculado para cada iteración las heredabilidades y correlaciones entre rebaños, genéticas y residuales.

Las heredabilidades para el carácter 1 y 2 en la i ésima iteración $h_1^2(i)$ y $h_2^2(i)$ se calcularon a partir de las siguientes expresiones:

$$h_1^2(i) = \frac{\sigma_{u1}^2(i)}{\sigma_{u1}^2(i) + \sigma_{s1}^2(i) + \sigma_{e1}^2(i)}$$

$$h_2^2(i) = \frac{\sigma_{u2}^2(i)}{\sigma_{u2}^2(i) + \sigma_{s2}^2(i) + \sigma_{e2}^2(i)}$$

Las correlaciones entre rebaños, genéticas y residuales entre los caracteres 1 y 2 para la i ésima iteración se calcularon mediante:

$$r_u(i) = \frac{\sigma_{u12}(i)}{\sqrt{\sigma_{u1}^2(i) \times \sigma_{u2}^2(i)}}$$

$$r_s(i) = \frac{\sigma_{s12}(i)}{\sqrt{\sigma_{s1}^2(i) \times \sigma_{s2}^2(i)}}$$

$$r_e(i) = \frac{\sigma_{e12}(i)}{\sqrt{\sigma_{e1}^2(i) \times \sigma_{e2}^2(i)}}$$

Finalmente, las secuencias

$$\{h_1^2(1), h_1^2(2), h_1^2(3), \dots, h_1^2(Niter)\}$$

$$\{h_2^2(1), h_2^2(2), h_2^2(3), \dots, h_2^2(Niter)\}$$

$$\{r_u(1), r_u(2), r_u(3), \dots, r_u(Niter)\}$$

$$\{r_s(1), r_s(2), r_s(3), \dots, r_s(Niter)\}$$

$$\{r_e(1), r_e(2), r_e(3), \dots, r_e(Niter)\}$$

se utilizaron para aproximar las distribuciones marginales posteriores de h_1^2 , h_2^2 , r_u , r_s y r_e y para estimar la media y la desviación típica de las mismas.

4. RESULTADOS Y DISCUSION:

4.1. Heredabilidades:

Los resultados del análisis unicarácter se utilizaron para la estimación de la heredabilidad y de los componentes de varianza asociada al rebaño, aditivos y residuales, así como ambientales permanente para INT y FAC. Las medias posteriores de los componentes de varianza se presentan en el ANEXO I, para centrar la discusión en la estimación de la heredabilidad, como parámetro clave para valorar la potencial utilización de los caracteres en el esquema de mejora genética de la raza Rubia Gallega. Los resultados de heredabilidad se presentan por grupos de caracteres.

4.1.1. Caracteres productivos:

La figura 8 presenta el boxplot de las muestras MCMC de las heredabilidades de los caracteres productivos, representando la media y la variabilidad posterior.

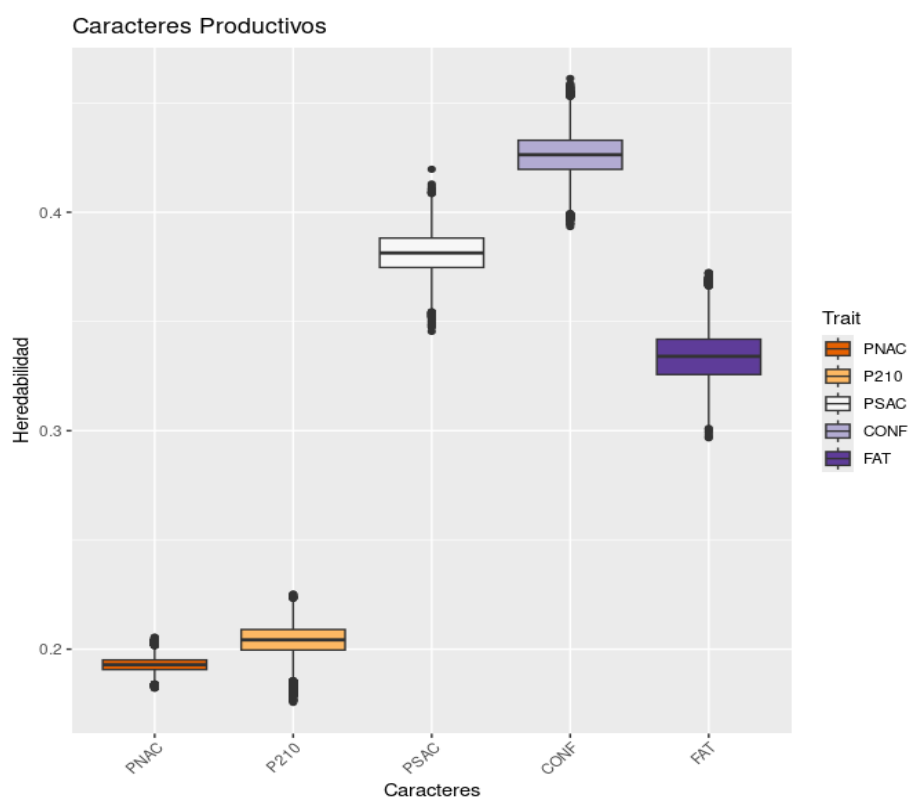


Figura 8. Boxplot de las muestras MCMC de las heredabilidades de Peso al Nacimiento (PNAC), Peso a los 210 días (P210), Peso al Sacrificio (PSAC), Conformación (CONF) y Engrasamiento de la canal (FAT).

En la figura se puede observar que las medias posteriores heredabilidades de los caracteres medidos en el matadero (PSAC, CONF y FAT) tomaron valores en torno a 0.40, y fueron más elevadas que las de los caracteres registrados en la explotación que fueron 0.193 y 0.225 para PNAC y P210, respectivamente. Los valores de heredabilidad para los caracteres de matadero estuvieron en rango de otros valores de la literatura obtenidos en poblaciones españolas (Altarriba et al., 2009; Lopez-Carbonell et al., 2023) e internacionales (Kause et al., 2014; Pires et al., 2017). Sin embargo, las estimaciones de PNAC y P210 son inferiores a los presentados por otros autores (Eriksson et al., 2004; Phocas y Laloë, 2004).

4.1.2. Caracteres reproductivos y de longevidad:

Los resultados de la estimación de las heredabilidades de los caracteres reproductivos (INT, EPP y FAC) y de longevidad (LONG) se presentan en la figura 9.

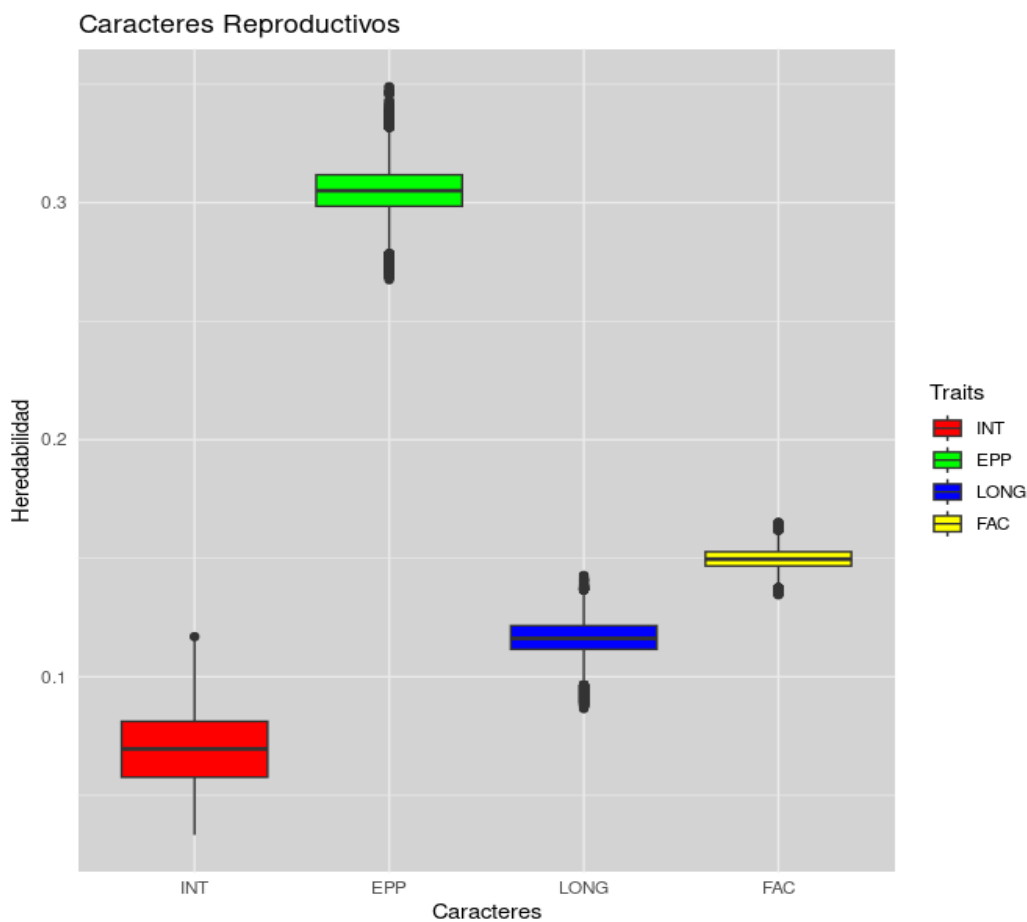


Figura 9. Boxplot de las muestras MCMC de la heredabilidades de Intervalo entre Partos (INT), Edad al Primer Parto (EPP), Longevidad (LONG) y Facilidad al Parto (FAC).

En general, las medias posteriores de la heredabilidad de estos caracteres fueron reducidas, con la excepción de EPP, donde se obtuvo una media posterior de 0.305, similar a la obtenida por Bormann y Wilson (2010) en Angus y ligeramente superior a la obtenida por Ali et al., (2019) en poblaciones compuestas. Para el resto de los caracteres la media posterior de la heredabilidad osciló entre 0.052 para INT y 0.144 para FAC. Estos valores son similares a los obtenidos en la misma población (Yagüe et al., 2009) y en otras poblaciones de vacuno de carne (Gutiérrez et al., 2002; Mujibi y Crews, 2009; Schmidt et al., 2019).

4.1.3. Caracteres de desarrollo muscular:

Los resultados de estimación de las heredabilidades de los caracteres de desarrollo muscular se presentan en la figura 10.

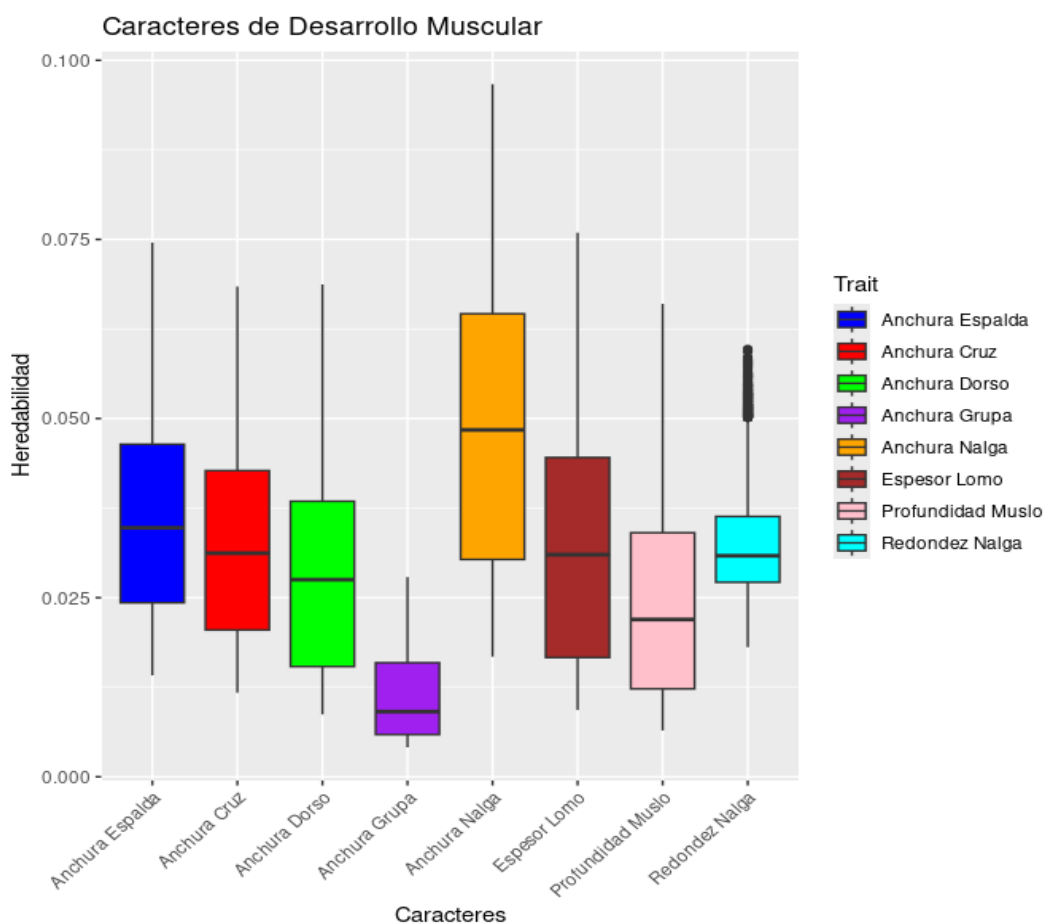


Figura 10. Boxplot de las muestras MCMC de las heredabilidades de los caracteres de desarrollo muscular.

En todos los caracteres estudiados, las medias posteriores de la heredabilidad fueron muy bajas y oscilaron entre 0.011 para Anchura de la Grupa y 0.047 para Anchura de la Nalga. Estas estimaciones son mucho menores que las reportadas en otras poblaciones de vacuno compuesto (Doyle et al., 2018), Chianina (Forabosco et al., 2005), o la raza Pirenaica dentro de España (López-Carbonell et al., 2023), donde los estimadores de la heredabilidad para estos caracteres se encuentran en el rango entre 0.15 y 0.25, aproximadamente. Probablemente, estos valores tan reducidos se deben a la baja calidad de los registros fenotípicos obtenidos en la explotación.

4.1.4. Caracteres de desarrollo esquelético:

La figura 11 presenta los resultados de estimación de las heredabilidades de los caracteres de desarrollo esquelético.

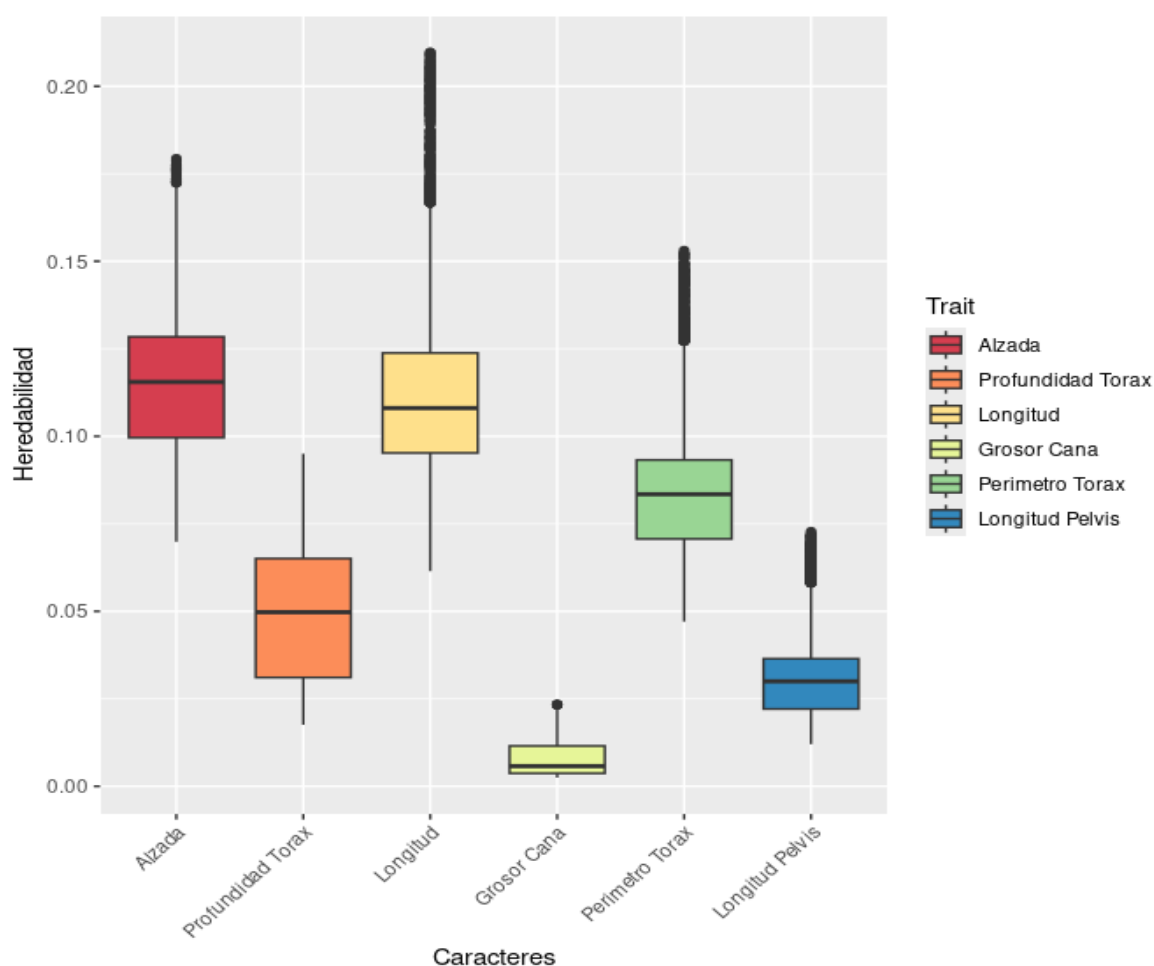


Figura 11. Boxplot de las muestras MCMC de las heredabilidades de los caracteres de desarrollo esquelético.

En la figura, se puede observar, que las medias posteriores de la heredabilidad oscilaron en 0.017 para Grosor de la Caña y 0.114 para Alzada. Estas estimaciones son claramente inferiores a las obtenidas por otros autores en caracteres similares. Por ejemplo, Mazza et al. (2014) obtiene estimadores entre 0.18 y 0.52, (Doyle et al., 2018) entre 0.13 y 0.43 y Vesela y Safus (2005) entre 0.26 y 0.35. Por otra parte, en la raza Pirenaica (Lopez-Carbonell et al., 2023) se obtuvieron estimadores entre 0.18 y 0.23. Como en el grupo de caracteres de desarrollo muscular, la explicación más plausible es la baja calidad en el registro de los caracteres fenotípicos.

4.1.5. Caracteres de aptitud funcional.

Finalmente, la figura 12 presenta las distribuciones posteriores de la heredabilidad de los caracteres de aptitud funcional.

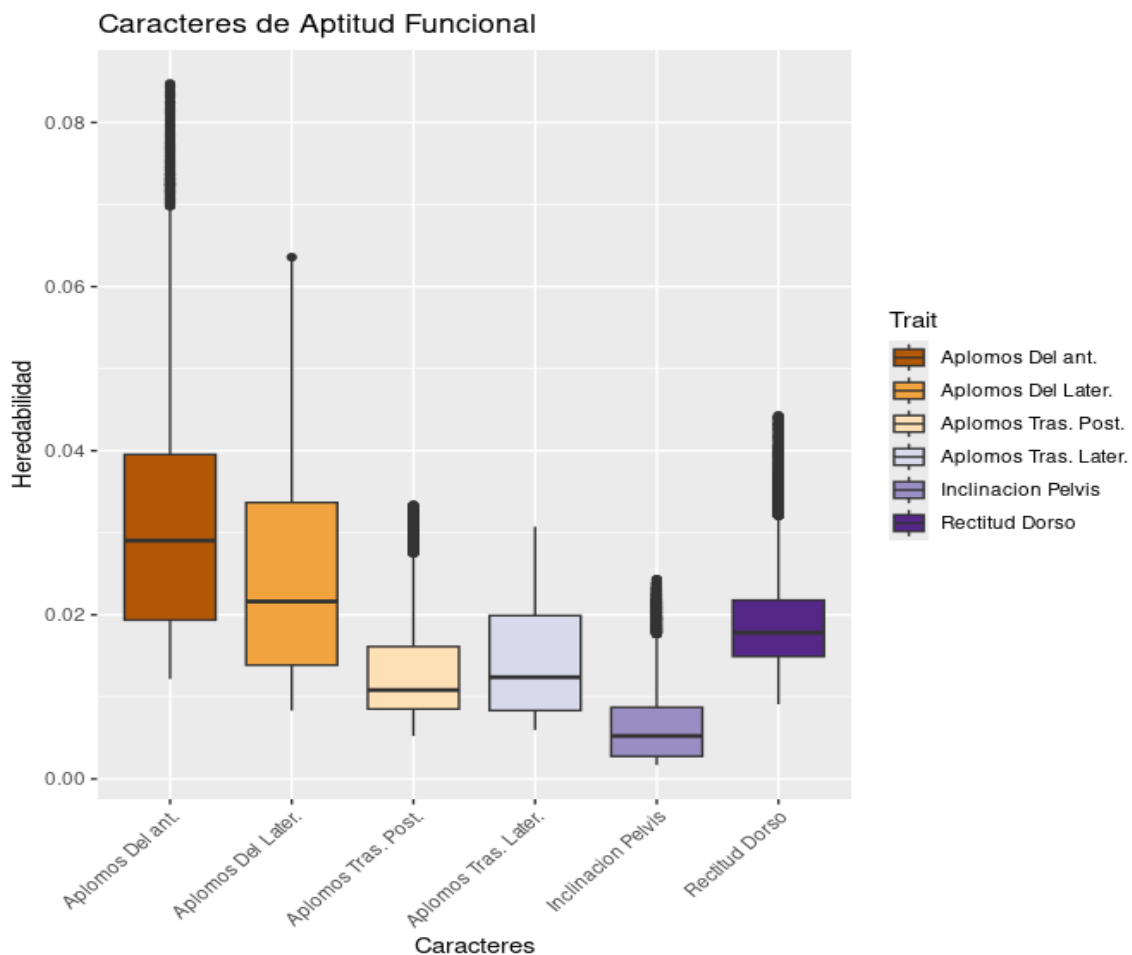


Figura 12. Boxplot de las muestras MCMC de las heredabilidades de los caracteres de aptitud funcional.

En todos los caracteres incluidos en la categoría de aptitud funcional, las medias posteriores fueron excepcionalmente bajas. En particular, fueron inferiores a las obtenidas por Lopez-Carbonell et al., (2023) en la Raza Pirenaica, y ligeramente inferiores a las reportadas por otros autores en vacas Holstein (Haggman et al., 2013), vaca roja noruega (Odegard et al., 2014) y en poblaciones sintéticas de vacuno (Vallée et al., 2015).

4.2. Correlaciones genéticas:

En este apartado, se presentan las medias posteriores de las correlaciones genéticas entre los caracteres analizados. Los resultados de las correlaciones residuales, las correlaciones entre los efectos rebaño-año-estación y las desviaciones típicas posteriores de todas las correlaciones se presentan en Los ANEXOS II, III, IV y V. En primer lugar, se presentarán las correlaciones entre los caracteres productivos, reproductivos y de longevidad incluidos en los índices compuestos de selección. Posteriormente, se presentarán las correlaciones de estos caracteres con las variables morfológicas y, finalmente, las correlaciones genéticas entre las variables morfológicas.

4.2.1. Correlaciones genéticas entre los caracteres productivos, reproductivos y de longevidad.

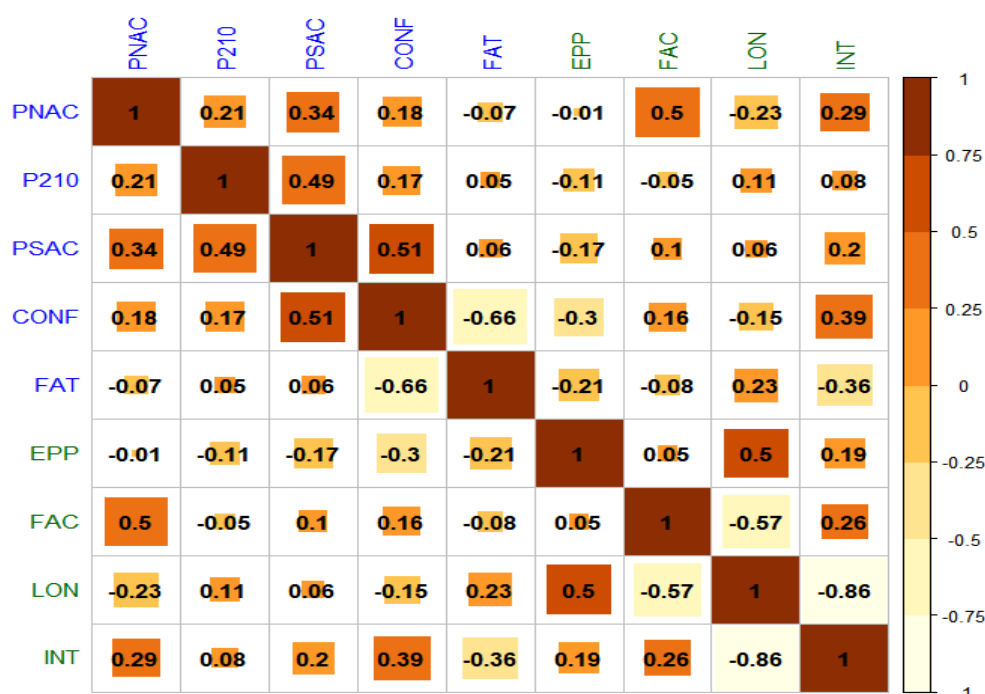


Figura 13. Medias posteriores de las correlaciones genéticas entre los caracteres productivos, reproductivos y de longevidad.

Las medias posteriores de las correlaciones genéticas entre los caracteres productivos, reproductivos y de longevidad en la población de Rubia Gallega presentaron valores tanto positivos como negativos (Figura 13). El PNAC está correlacionado positivamente con P210 (0.21), PSAC (0.34), CONF (0.18) e intervalo entre partos (0.29), pero destaca su correlación con FAC (0.50), indicando que un mayor peso al nacer está asociado genéticamente con una mayor facilidad al parto cuando los animales son adultos, seguramente porque implica tener terneros de mayor tamaño.

El P210 muestra una fuerte correlación positiva con el peso al sacrificio (PSAC) (0.49) y una correlación positiva moderada con la conformación (CONF) (0.17), confirmando los resultados obtenidos por Altarriba et al. (2009). Estos resultados sugieren que el peso a esta edad es un buen indicador del rendimiento final del animal en términos de peso y conformación corporal. El PCAN está positivamente correlacionado genéticamente con la CONF (0.51), como ha sido reportada en por varios autores en otras poblaciones (Altarriba et al., 2009; Kause et al., 2015).

La CONF muestra una fuerte correlación negativa con FAT (-0.66), lo que indica que animales con mejor conformación tienden a tener menor engrasamiento de la canal. Esta correlación ha sido ampliamente reportada en la literatura (Varona et al., 2009; kause et al., 2015; Englishby et al., 2016). Este resultado puede ser relevante para la selección de animales de mayor conformación puede reducir el nivel de engrasamiento y afectar al nivel de marmóreo y la calidad de la carne (Schumacher et al., 2022), aunque generalmente la industria cárnica prefiere canales poco engrasadas (Eriksson et al., 2004).

Además, FAT está correlacionado positivamente con LONG (0.23) y negativamente, y, por lo tanto, de manera favorable con EPP (-0.21) e INT (-0.36), confirmando los resultados de Varona et al., (2012), indicando que los animales con mayor habilidad para acumular grasa tienen son capaces de quedar gestantes con antelación y sobrevivir durante más gestaciones. De hecho, las correlaciones genéticas de LONG con EPP (0.50), FAC (-0.57) e INT (-0.86) son muy elevadas y favorables, confirmando que los caracteres reproductivos son los principales determinantes de la longevidad a nivel genético.

4.2.2. Correlaciones genéticas entre los caracteres productivos y los caracteres morfológicos:

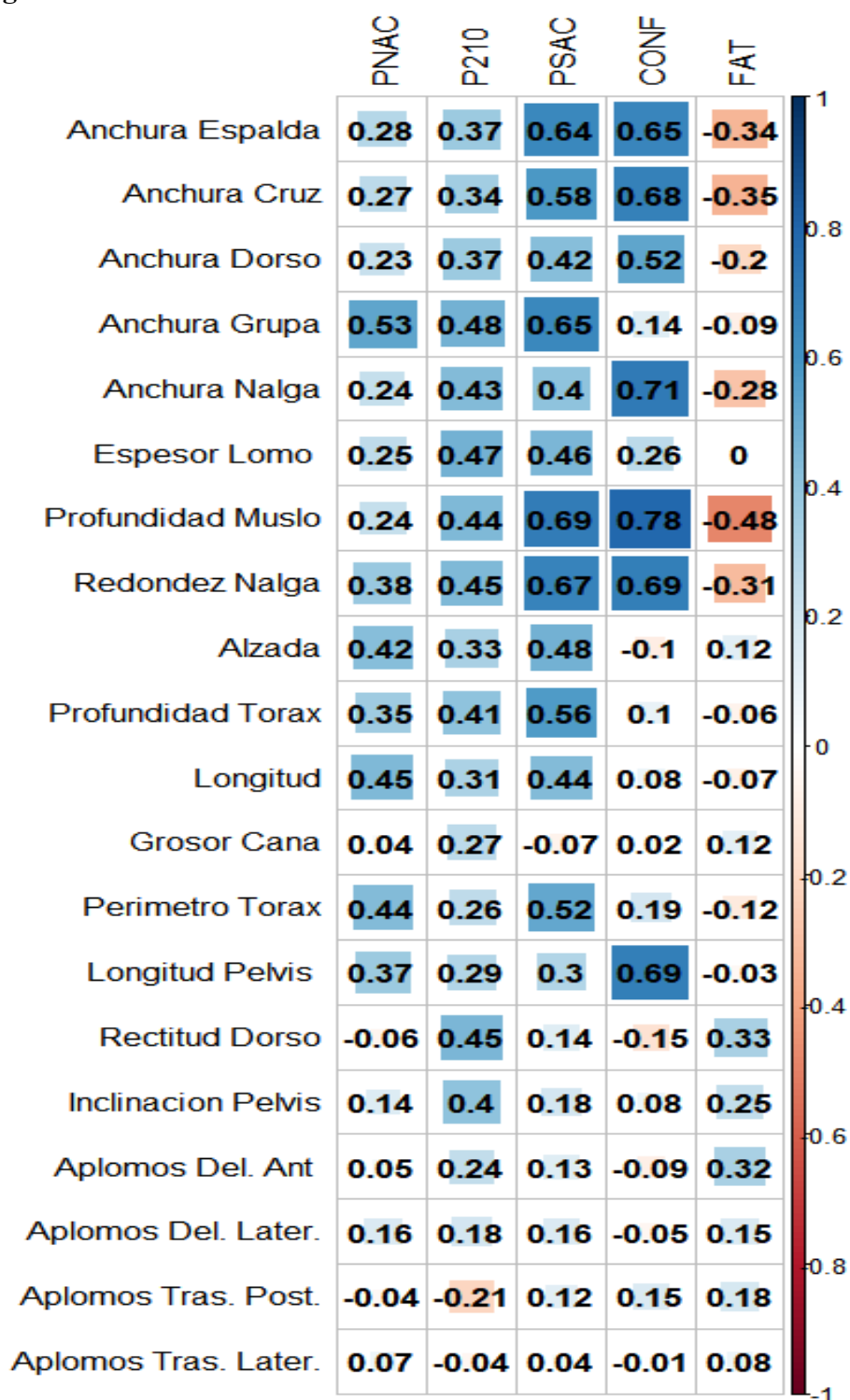


Figura 14. Medias posteriores de las correlaciones genéticas entre los caracteres productivos y los caracteres morfológicos.

Las medias posteriores de las correlaciones genéticas entre los caracteres productivos (PNAC, P210, PSAC, CONF y FAT) con los caracteres morfológicos de desarrollo muscular, desarrollo esquelético y aptitud funcional se presentan en la Figura 14.

Los caracteres de desarrollo muscular (Anchura de la Espalda, Anchura de la Cruz, Anchura del Dorso, Anchura de la Grupa, Anchura de la Nalga, Espesor del Lomo, Profundidad del Muslo y Redondez de la Nalga) presentan correlaciones positivas y elevadas con PNAC, P210 y especialmente con PSAC y CONF donde alcanzan valores de 0.78 (CONF y Profundidad del Muslo) y 0.71 (CONF y Anchura de la Nalga). Sin embargo, presentan correlaciones negativas, aunque más moderadas con FAT. Estas estimaciones son similares a las obtenidas por otros autores (Lopez-Carbonell et al., 2023; ; Forabosco et al., 2005; Gutiérrez et al., 2002). A la vista de estos resultados, estos caracteres podrían considerarse como buenos predictores “in vivo” del rendimiento de caracteres registrados después del sacrificio como PSAC y CONF, que, además, tienen una importancia crucial en el valor de la canal. Sin embargo, su aplicabilidad práctica se ve limitada por su reducida heredabilidad (Figura 10 y Anexo I).

Las medias posteriores de las correlaciones genéticas de los caracteres productivos con los caracteres de desarrollo esquelético (Alzada, Profundidad del Torax, Longitud, Grosor de la Caña, Perimetro del Torax y Longitud de la Pelvis) también fueron en general positivas, aunque de magnitud ligeramente inferior a los caracteres de desarrollo muscular, de acuerdo con los resultados obtenidos en otras poblaciones (Lopez-Carbonell et al., 2023; Doyle et al., 2020; Vesela y Safus, 2005). Entre estos estimadores merece la pena destacar la correlación genética entre CONF y Longitud de Pelvis que fue de 0.68. Al contrario que los caracteres de desarrollos muscular, los caracteres de desarrollo esquelético obtuvieron estimaciones de su correlación genética con FAT cercanas a cero. Pese a la identificación de correlaciones genéticas interesantes, y como en el caso anterior, su reducida heredabilidad impide su utilización de manera regular como predictores de los caracteres productivos.

Finalmente, los caracteres de aptitud funcional (Rectitud del Dorso, Inclinación de la Pelvis, Aplomos Delanteros Vista Anterior, Aplomos Delanteros Vista Lateral, Aplomos Traseros Vista Posterior y Aplomos Traseros Vista Lateral) tuvieron correlaciones con los caracteres productivos mucho más cercanas a cero, de manera similar a las encontradas en otros estudios (Ødegård et al., 2014; Häggman y Juga, 2013; Doyle et al., 2020). Entre

ellas, únicamente merecen ser destacadas la estimación de la correlación genética entre Rectitud del Dorso y P210 (0.45), entre Inclinación de la Pelvis y P210 (0.40), entre Rectitud del Dorso y FAT (0.33) y entre Aplomos Delanteros Vista Anterior y FAT (0.32).

4.2.3. Correlaciones genéticas entre los caracteres reproductivos y de longevidad y los caracteres morfológicos:

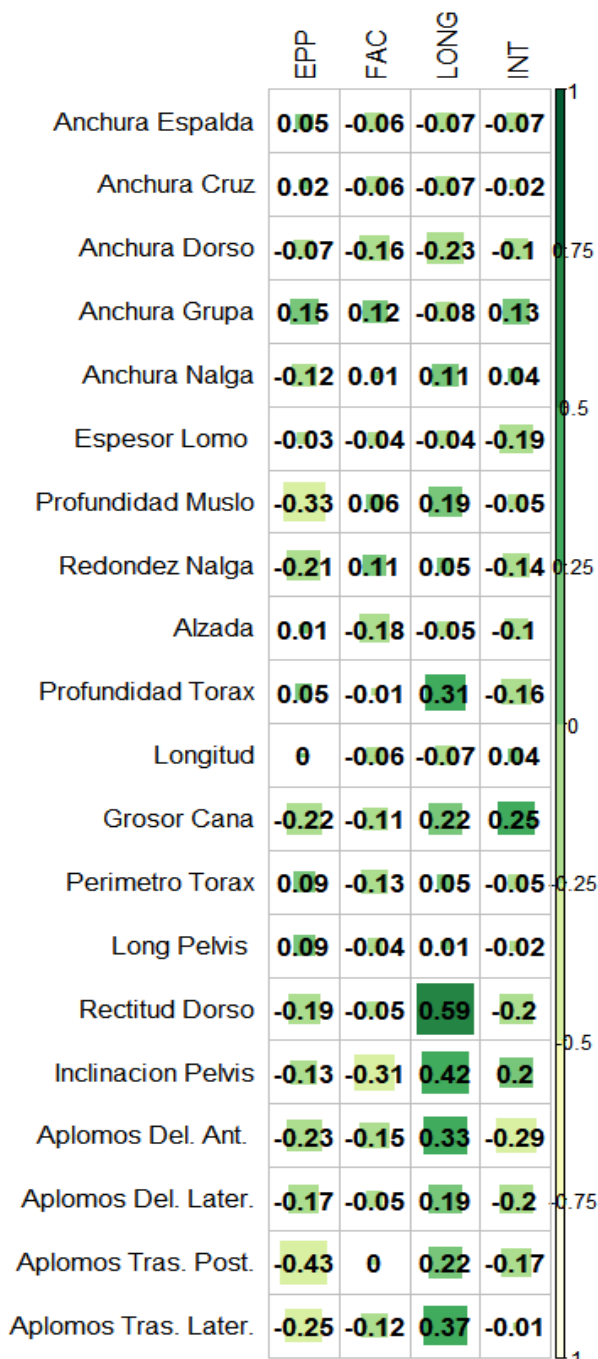


Figura 15. Medias posteriores de las correlaciones genéticas entre los caracteres reproductivos, de longevidad y los caracteres morfológicos.

En la Figura 15 y Anexo IV, se presentan las estimaciones posteriores de las correlaciones genéticas entre los caracteres morfológicos y los caracteres reproductivos y de longevidad. En general, la mayor parte de las correlaciones genéticas estimadas son cercanas a cero, y solo merece la pena destacar algunas de ellas. Para EPP, se estimaron correlaciones genéticas negativas con Profundidad del Muslo (-0.33) y con Aplomos Traseros Vista Posterior (-0.43). Se trata de correlaciones genéticas de difícil interpretación, aunque el carácter EPP tiene un componente de manejo por parte del ganadero muy importante, y, es posible, que unos buenos aplomos predispongan a iniciar el proceso reproductivo con antelación.

En el caso de FAC, únicamente se identificó una correlación genética destacable con Inclinación de la Pelvis (-0.31), que indica que una mayor inclinación de la pelvis puede ser un buen indicador para la reducción de incidencia de partos distócicos.

Por el contrario, sí que se obtuvieron estimadores relevantes con LONG. En concreto, la longevidad funcional tuvo una correlación estimada positiva con Rectitud del Dorso (0.59), Inclinación de la Pelvis (0.42), Aplomos Delanteros Vista Anterior (0.33), Aplomos Traseros Vista Lateral (0.37) y Profundidad del Torax (0.31). La relación con la supervivencia de la morfología de los aplomos traseros ha sido reportada previamente en vacuno de leche (Zavadilová et al., 2011; Khansefid et al., 2021) y se atribuye a la tendencia a desarrollar laminitis en este mismo tipo de ganado (Boettcher et al., 1998).

Finalmente, el carácter INT, relacionado con la fertilidad de las vacas, no presentó ninguna correlación genética estimada que merezca ser destacada, confirmando los resultados obtenidos por Gutiérrez et al. (2002) en la raza Asturiana de los Valles y por Lopez-Carbonell et al. (2023) en la raza Pirenaica.

4.2.4. Correlaciones genéticas entre los caracteres morfológicos:

Finalmente, en la figura 16 y en el anexo V se presentan los estimadores posteriores de las correlaciones genéticas entre los caracteres morfológicos.

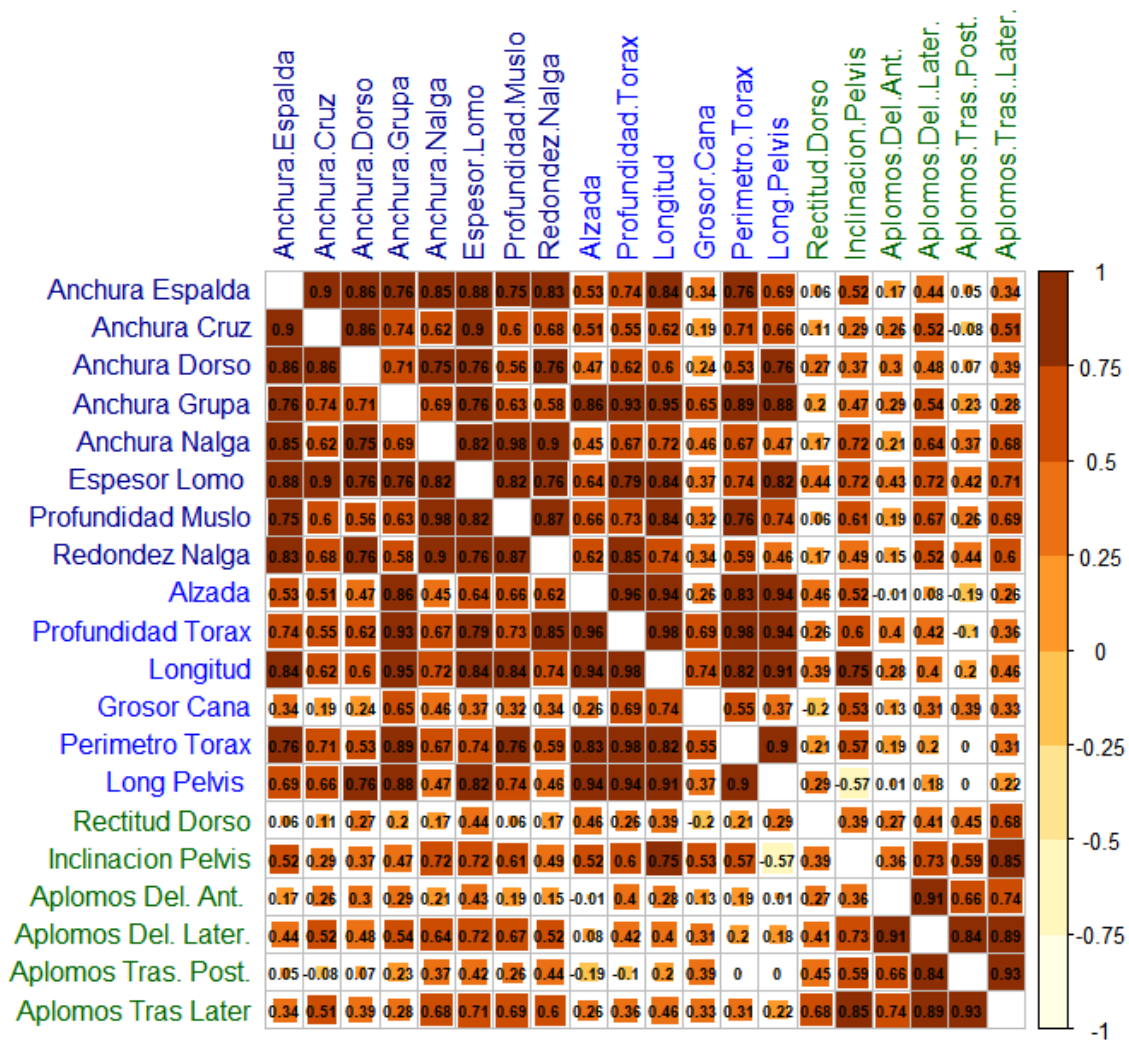


Figura 16. Medias posteriores de las correlaciones genéticas entre los caracteres morfológicos.

En la figura, se observa como las medias posteriores de las correlaciones genéticas entre los caracteres de cada grupo son, en general, muy elevadas y cercanas a 1. En el grupo de desarrollo muscular (anchura de la espalda, anchura de la cruz, anchura del dorso, anchura de la grupa, anchura de la nalga, espesor del lomo, profundidad del muslo y redondez de la nalga) oscilan entre 0.56 (Anchura del dorso y Profundidad del muslo) y 0.98 (Anchura de la nalga y Profundidad del muslo), tomando valores similares a los obtenidos por otros autores (Guzzo et al., 2019; Berry et al., 2019). De la misma manera, las medias posteriores de las correlaciones genéticas entre algunos de los caracteres de desarrollo esquelético (alzada, profundidad del torax, longitud, perímetro del torax y longitud de la pelvis) fueron también muy elevadas y oscilaron entre 0.82 (Perímetro del torax y alzada)

y 0.98 (Perímetro del torax y Profundidad del torax). Dentro de este grupo, la única excepción fue Grosor de la Caña que presentó correlaciones genéticas más moderadas con el resto de los caracteres del grupo, con un rango entre 0.26 con Alzada y 0.74 con Longitud. Como en el caso anterior, estas correlaciones elevadas son coherentes con estimaciones previas en otras poblaciones (Berry et al., 2019).

Los caracteres de aptitud funcional presentaron un patrón más heterogéneo. Como era esperable, se detectó una altísima correlación entre los caracteres asociados a los aplomos, junto con la Inclinación de la Pelvis. El único carácter que mostró correlaciones más moderadas fue la Rectitud del Dorso con el resto de los caracteres con un rango entre 0.27 con Vista Delantera de Aplomos Anteriores y 0.68 con Vista Trasera de Aplomos Posteriores.

Finalmente, las medias posteriores de las correlaciones genéticas entre los caracteres de grupos distintos también fueron en su mayor parte positivas, con la excepción de Vista Trasera de Aplomos Posteriores con Alzada (-0.19), Vista Trasera de Aplomos Posteriores con Profundidad del Torax (-0.10), Rectitud del Dorso con el Grosor de la Caña (-0.20) y, sobre todo, entre Inclinación de la Pelvis y Longitud de la Pelvis (-0.57). Esta tendencia a la correlación genética positiva entre los caracteres, que ya se observó a nivel fenotípico (Figura 7) sugieren que la valoración morfológica está probablemente sesgada por la visión general positiva o negativa global del individuo, circunstancia que limita su potencial utilización como predictores del rendimiento después del sacrificio.

CONCLUSIONES

Las conclusiones de este trabajo fueron las siguientes:

- Los caracteres incluidos en los índices compuestos de selección de la Raza Vacuna Rubia Gallega mostraron heredabilidad intermedia o alta y, por lo tanto, su inclusión en estos índices compuestos es pertinente ya que puede obtenerse respuesta a la selección.
- Las correlaciones genéticas entre los caracteres morfológicos y los caracteres de interés productivos fueron elevadas en numerosas ocasiones, aunque su aplicabilidad en el esquema de mejora genética es limitada dada su baja heredabilidad.
- La baja heredabilidad de los caracteres morfológicos puede deberse a la escasa calidad de estos registros, hecho que se confirma por la alta correlación fenotípica y genética entre ellos. Estos resultados sugieren que la valoración lineal se encuentra sesgada por la impresión general del animal.

BIBLIOGRAFÍA

- ACRUGA. (2024, December 6). <https://acruga.com/caracteristicas.asp>.
- Ali, I., Muhammad Suhail, S., & Shafiq, M. (2019). Heritability estimates and genetic correlations of various production and reproductive traits of different grades of dairy cattle reared under subtropical condition. *Reproduction in Domestic Animals*, *54*(7), 1026–1033. <https://doi.org/10.1111/rda.13458>
- Altarriba, J., Yagüe, G., Moreno, C., & Varona, L. (2009). Exploring the possibilities of genetic improvement from traceability data. *Livestock Science*, *125*(2–3), 115–120. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2009.03.013>
- Berry, D. P., Pabiou, T., Fanning, R., Evans, R. D., & Judge, M. M. (2019). Linear classification scores in beef cattle as predictors of genetic merit for individual carcass primal cut yields1. *Journal of Animal Science*, *97*(6), 2329–2341. <https://doi.org/10.1093/jas/skz138>
- Bispo, E., Monserrat, L., González, L., Franco, D., & Moreno, T. (2010). Effect of weaning status on animal performance and meat quality of Rubia Gallega calves. *Meat Science*, *86*(3), 832–838. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2010.07.005>
- Blasco, A. (2017). *Bayesian Data Analysis for Animal Scientists*. Springer International Publishing. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-54274-4>
- Boettcher, P. J., Dekkers, J. C. M., Warnick, L. D., & Wells, S. J. (1998). Genetic Analysis of Clinical Lameness in Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science*, *81*(4), 1148–1156. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(98\)75677-2](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(98)75677-2)
- Bormann, J., & Wilson, D. E. (2010). Calving day and age at first calving in Angus heifers1. *Journal of Animal Science*, *88*(6), 1947–1956. <https://doi.org/10.2527/jas.2009-2249>
- Decker, J. E., McKay, S. D., Rolf, M. M., Kim, J. W., Molina Alcalá, A., Sonstegard, T. S., Hanotte, O., Götherström, A., Seabury, C. M., Praharani, L., Babar, M. E., Correia de Almeida Regitano, L., Yildiz, M. A., Heaton, M. P., Liu, W. S., Lei, C. Z., Reecy, J. M., Saif-Ur-Rehman, M., Schnabel, R. D., & Taylor, J. F. (2014). Worldwide Patterns of Ancestry, Divergence, and Admixture in Domesticated Cattle. *PLoS Genetics*, *10*(3). <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1004254>
- Doyle, J. L., Berry, D. P., Veerkamp, R. F., Carthy, T. R., Walsh, S. W., Evans, R. D., & Purfield, D. C. (2020). Genomic Regions Associated With Skeletal Type Traits in Beef and Dairy Cattle Are Common to Regions Associated With Carcass Traits, Feed Intake and Calving Difficulty. *Frontiers in Genetics*, *11*. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00020>
- Doyle, J. L., Berry, D. P., Walsh, S. W., Veerkamp, R. F., Evans, R. D., & Carthy, T. R. (2018). Genetic covariance components within and among linear type traits differ among contrasting beef cattle breeds. *Journal of Animal Science*, *96*(5), 1628–1639. <https://doi.org/10.1093/jas/sky076>
- Englishby, T. M., Banos, G., Moore, K. L., Coffey, M. P., Evans, R. D., & Berry, D. P. (2016). Genetic analysis of carcass traits in beef cattle using random regression models1. *Journal of Animal Science*, *94*(4), 1354–1364. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-0246>

- Eriksson, S., Näsholm, A., Johansson, K., & Philipsson, J. (2004). Genetic parameters for calving difficulty, stillbirth, and birth weight for Hereford and Charolais at first and later parities. *Journal of Animal Science*, *82*(2), 375–383. <https://doi.org/10.2527/2004.822375x>
- Felius, M., Beerling, M.-L., Buchanan, D., Theunissen, B., Koolmees, P., & Lenstra, J. (2014). On the History of Cattle Genetic Resources. *Diversity*, *6*(4), 705–750. <https://doi.org/10.3390/d6040705>
- Forabosco, F., Bozzi, R., Boettcher, P., Filippini, F., Bijma, P., & Van Arendonk, J. A. M. (2005). Relationship between profitability and type traits and derivation of economic values for reproduction and survival traits in Chianina beef cows. *Journal of Animal Science*, *83*(9), 2043–2051. <https://doi.org/10.2527/2005.8392043x>
- Gelfand, A. E., & Smith, A. F. M. (1990). Sampling-Based Approaches to Calculating Marginal Densities. *Journal of the American Statistical Association*, *85*(410), 398–409. <https://doi.org/10.1080/01621459.1990.10476213>
- Gutiérrez, J. P., Alvarez, I., Fernández, I., Royo, L. J., Díez, J., & Goyache, F. (2002). Genetic relationships between calving date, calving interval, age at first calving and type traits in beef cattle. *Livestock Production Science*, *78*(3), 215–222. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(02\)00100-8](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(02)00100-8)
- Guzzo, N., Sartori, C., & Mantovani, R. (2019). Analysis of genetic correlations between beef traits in young bulls and primiparous cows belonging to the dual-purpose Rendena breed. *Animal*, *13*(4), 694–701. <https://doi.org/10.1017/S1751731118001969>
- Häggman, J., & Juga, J. (2013). Genetic parameters for hoof disorders and feet and leg conformation traits in Finnish Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, *96*(5), 3319–3325. <https://doi.org/10.3168/jds.2012-6334>
- HAZEL, L. N., & LUSH, J. L. (1942). THE EFFICIENCY OF THREE METHODS OF SELECTION*. *Journal of Heredity*, *33*(11), 393–399. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a105102>
- Hill, W. G., & Mackay, T. F. C. (2004). D. S. Falconer and Introduction to Quantitative Genetics. *Genetics*, *167*(4), 1529–1536. <https://doi.org/10.1093/genetics/167.4.1529>
- Insausti, K., Beriain, M. J., Purroy, A., Alberti, P., Lizaso, L., & Hernandez, B. (1999). Colour stability of beef from different Spanish native cattle breeds stored under vacuum and modified atmosphere. *Meat Science*, *53*(4), 241–249. [https://doi.org/10.1016/S0309-1740\(99\)00063-7](https://doi.org/10.1016/S0309-1740(99)00063-7)
- Kause, A., Mikkola, L., Strandén, I., & Sirkko, K. (2014). Genetic parameters for carcass weight, conformation and fat in five beef cattle breeds. *Animal*, *9*(1), 35–42. <https://doi.org/10.1017/S1751731114001992>
- Kause, A., Mikkola, L., Strandén, I., & Sirkko, K. (2015). Genetic parameters for carcass weight, conformation and fat in five beef cattle breeds. *Animal*, *9*(1), 35–42. <https://doi.org/10.1017/S1751731114001992>
- Khansefid, M., Haile-Mariam, M., & Pryce, J. E. (2021). Improving the accuracy of predictions for cow survival by multivariate evaluation model. *Animal Production Science*, *61*(18), 1828–1836. <https://doi.org/10.1071/AN21128>

- Legarra, A., Christensen, O. F., Aguilar, I., & Misztal, I. (2014). Single Step, a general approach for genomic selection. *Livestock Science*, *166*(1), 54–65. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.04.029>
- Lopez-Carbonell, D., Altarriba, J., Ramírez, M. A., Srihi, H., & Varona, L. (2023). Correlaciones genéticas entre caracteres morfológicos y caracteres reproductivos, de crecimiento y calidad de la canal en la raza bovina Pirenaica. *Informacion Tecnica Economica Agraria*. <https://doi.org/10.12706/itea.2023.002>
- López-Carbonell, D., Altarriba, J., Ramírez, M. A., Srihi, H., & Varona, L. (2023). Genetic correlations between morphological and reproductive, growth and carcass quality traits in the Pirenaica beef cattle breed. *ITEA Informacion Tecnica Economica Agraria*, *119*(3), 225–243. <https://doi.org/10.12706/itea.2023.002>
- Lorenzo Ruiz, J. (1998). *Conocimiento y conservación de las razas autóctonas: “El Asno Zamorano-Leonés” : estudio del estado actual de la raza en la Provincia de Zamora ; valoración general : aspectos biopatológicos y funcionales* [Universidad de León]. <https://doi.org/10.18002/10612/17048>
- Mazza, S., Guzzo, N., Sartori, C., Berry, D. P., & Mantovani, R. (2014). Genetic parameters for linear type traits in the Rendena dual-purpose breed. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, *131*(1), 27–35. <https://doi.org/10.1111/jbg.12049>
- Ministerio de Agricultura, P. y A. (2022). *El sistema de clasificación de canales de bovino*.
- Misztal, I., Legarra, A., & Aguilar, I. (2014). Using recursion to compute the inverse of the genomic relationship matrix. *Journal of Dairy Science*, *97*(6), 3943–3952. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7752>
- Mujibi, F. D. N., & Crews, D. H. (2009). Genetic parameters for calving ease, gestation length, and birth weight in Charolais cattle¹. *Journal of Animal Science*, *87*(9), 2759–2766. <https://doi.org/10.2527/jas.2008-1141>
- Ødegård, C., Svendsen, M., & Heringstad, B. (2014). Genetic correlations between claw health and feet and leg conformation in Norwegian Red cows. *Journal of Dairy Science*, *97*(7), 4522–4529. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7837>
- Oliete, B., Carballo, J. A., Varela, A., Moreno, T., Monserrat, L., & Sánchez, L. (2006). Effect of weaning status and storage time under vacuum upon physical characteristics of meat of the Rubia Gallega breed. *Meat Science*, *73*(1), 102–108. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2005.11.004>
- Phocas, F., Bloch, C., Chapelle, P., Bécherel, F., Renand, G., & Ménissier, F. (1998). Developing a breeding objective for a French purebred beef cattle selection programme. *Livestock Production Science*, *57*(1), 49–65. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(98\)00157-2](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(98)00157-2)
- Phocas, F., & Laloë, D. (2004). Genetic parameters for birth and weaning traits in French specialized beef cattle breeds. *Livestock Production Science*, *89*(2–3), 121–128. <https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.02.007>
- Pires, B. C., Tholon, P., Buzanskas, M. E., Sbardella, A. P., Rosa, J. O., Campos da Silva, L. O., Torres, R. A. de A., Munari, D. P., & Mello de Alencar, M. (2017). Genetic analyses on

- bodyweight, reproductive, and carcass traits in composite beef cattle. *Animal Production Science*, 57(3), 415. <https://doi.org/10.1071/AN15458>
- Quintela, L. A., Becerra, J. J., Rey, C., Díaz, C., Cainzos, J., Rivas, F., Huanca, W., Prieto, A., & Herradón, P. G. (2012). Perfiles metabólicos en preparto, parto y postparto en vacas de raza rubia gallega: estudio preliminar. *Recursos Rurais*, 7. <https://doi.org/10.15304/rr.id88>
- Sanz, A., Rodellar, C., Martín-Burriel, I., Sanz, A., Cons, C., Abril, F., Azor, P. J., Piedrafita, J., Vijil, E., & Zaragoza, P. (2011). Estructura y relaciones genéticas de la raza bovina Serrana de Teruel con razas explotadas en España. *Archivos de Zootecnia*, 60(231), 369–372. <https://doi.org/10.4321/S0004-05922011000300013>
- Schmidt, P. I., Campos, G. S., Roso, V. M., Souza, F. R. P., & Boligon, A. A. (2019). Genetic analysis of female reproductive efficiency, scrotal circumference and growth traits in Nelore cattle. *Theriogenology*, 128, 47–53. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2019.01.032>
- Schumacher, M., DelCurto-Wyffels, H., Thomson, J., & Boles, J. (2022). Fat Deposition and Fat Effects on Meat Quality—A Review. *Animals*, 12(12), 1550. <https://doi.org/10.3390/ani12121550>
- Tanner, M. A., & Wong, W. H. (1987). The Calculation of Posterior Distributions by Data Augmentation. *Journal of the American Statistical Association*, 82(398), 528–540. <https://doi.org/10.1080/01621459.1987.10478458>
- Tassell, C. P., & Vleck, L. D. (1996). Multiple-trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for Bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. *Journal of Animal Science*, 74(11), 2586. <https://doi.org/10.2527/1996.74112586x>
- Tuñón González, M. J., González Sevilla, M. F., & Vallejo Vicente, M. (1986). Variedad genética en siete razas bovinas autóctonas españolas. *Anales de La Facultad de Veterinaria de León*, 32, 367–373. <https://doi.org/10.18002/analesdeveterinaria.v32.7972>
- Varela, A., Oliete, B., Moreno, T., Portela, C., Monserrat, L., Carballo, J. A., & Sánchez, L. (2004). Effect of pasture finishing on the meat characteristics and intramuscular fatty acid profile of steers of the Rubia Gallega breed. *Meat Science*, 67(3), 515–522. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2003.12.005>
- Varona, L., Moreno, C., & Altarriba, J. (2009). A model with heterogeneous thresholds for subjective traits: Fat cover and conformation score in the Pirenaica beef cattle. *Journal of Animal Science*, 87(4), 1210–1217. <https://doi.org/10.2527/jas.2008-1361>
- Varona, L., Moreno, C., & Altarriba, J. (2012). Genetic correlation of longevity with growth, post-mortem, docility and some morphological traits in the Pirenaica beef cattle breed. *Animal*, 6(6), 873–879. <https://doi.org/10.1017/S1751731111002072>
- Vesela, Z., & Safus, P. (2005). Breeding value for type traits in beef cattle in the Czech Republic. *CZECH JOURNAL OF ANIMAL SCIENCE*, 50(9), 385–430.
- Wang, C., Rutledge, J., & Gianola, D. (1993). Marginal inferences about variance components in a mixed linear model using Gibbs sampling. *Genetics Selection Evolution*, 25(1), 41. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-25-1-41>
- Yagüe, G., Goyache, F., Becerra, J., Moreno, C., Sánchez, L., & Altarriba, J. (2009). Bayesian estimates of genetic parameters for pre-conception traits, gestation length and calving

interval in beef cattle. *Animal Reproduction Science*, 114(1–3), 72–80.
<https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2008.09.015>

Zavdilová, L., Němcová, E., & Štípková, M. (2011). Effect of type traits on functional longevity of Czech Holstein cows estimated from a Cox proportional hazards model. *Journal of Dairy Science*, 94(8), 4090–4099. <https://doi.org/10.3168/jds.2010-3684>

ANEXO I

Tabla I. 1. Media y Desviación Típica Posterior (entre paréntesis La varianza aditiva (σ_u^2), la varianza entre rebaños (σ_s^2), la varianza residual (σ_e^2) y la heredabilidad (h^2) de los caracteres analizados (\pm desviación típica posterior).

Carácter	σ_u^2	σ_e^2	σ_r^2	σ_p^2	h^2
PNAC	9.0906 (0.16517)	7.9726 (0.24320)	30.088 (0.12610)		0.193 (0.003)
P210	378.58 (14.679)	255.97 (10.150)	1041.4 (11.188)		0.225 (0.008)
PSAC	469.49 (12.313)	299.37 (11.923)	462.36 (8.4671)		0.381 (0.0101)
CONF	1.4026 (0.03634)	0.27202 (0.01383)	1.6196 (0.02572)		0.425 (0.011)
FAT	0.55699 (0.02190)	0.10184 (0.005656)	1.0094 (0.01569)		0.334 (0.013)
EPP	14561 (487.97)	4773.9 (234.77)	28386 (368.91)		0.305 (0.010)
FAC	0.048408 (0.00072)	0.052961 (0.00175)	0.22185 (0.00080)	0.01085 (0.0007)	0.144 (0.002)
LONG	1.1067 (0.0722)	2.1635 (0.0907)	6.2495 (0.0672)		0.116 (0.008)
INT	198.83 (12.128)	296 (11.231)	3078.3 (9.7300)	212.19 (10.662)	0.052 (0.003)
Anchura	0.016673 (0.00542)	0.064427 (0.00473)	0.33401 (0.00606)		0.040 (0.013)
Anchura Cruz	0.018908 (0.00697)	0.095958 (0.00684)	0.43316 (0.00788)		0.034 (0.012)
Anchura Dorso	0.013465 (0.00585)	0.072273 (0.00520)	0.35068 (0.00647)		0.031 (0.013)
Anchura	0.25904 (0.12710)	3.0646 (0.2408)	19.142 (0.2772)		0.011 (0.005)
Grupa					
Anchura Nalga	0.020541 (0.00837)	0.054152 (0.00450)	0.35662 (0.3571)		0.047 (0.019)

Espesor Lomo	0.014989 (0.007035)	0.071066 (0.00516)	0.36694 (0.00734)	0.033 (0.015)
Profundidad Muslo	0.010600 (0.00568)	0.047544 (0.00408)	0.36812 (0.00660)	0.024 (0.013)
Redondez Nalga	0.014763 (0.00333)	0.052448 (0.00432)	0.38042 (0.00578)	0.032 (0.007)
Alzada	2.8968 (0.50507)	3.3321 (0.26615)	19.012 (0.4484)	0.114 (0.020)
Profundidad Tórax	1.2682 (0.4889)	2.6220 (0.2283)	21.958 (0.4732)	0.049 (0.019)
Longitud	8.2708 (1.7238)	8.8144 (0.7390)	57.685 (1.4764)	0.112 (0.023)
Grosor Caña	0.005683 (0.00282)	0.016264 (0.00217)	0.32432 (0.00457)	0.016 (0.008)
Perímetro Tórax	8.4696 (1.6966)	18.422 (1.2696)	70.388 (1.5844)	0.087 (0.017)
Rectitud Dorso	0.009678 (0.00312)	0.054343 (0.00458)	0.43657 (0.00632)	0.019 (0.006)
Inclinación Pelvis	0.005304 (0.00273)	0.053507 (0.00468)	0.42807 (0.00615)	0.010 (0.005)
Aplomos Del. Ant.	0.022445 (0.00719)	0.066294 (0.00610)	0.56051 (0.00946)	0.035 (0.011)
Aplomos del later.	0.014823 (0.00609)	0.061963 (0.00554)	0.48681 (0.00811)	0.027 (0.010)
Aplomos Tras. Post.	0.0084717 (0.00329)	0.063980 (0.00530)	0.45397 (0.00661)	0.016 (0.006)
Aplomos Tras. Later.	0.0091320 (0.00343)	0.048919 (0.00449)	0.42581 (0.00632)	0.018 (0.006)
Long Pelvis	0.74694 (0.24707)	2.5185 (0.21216)	19.923 (0.32824)	0.032 (0.010)

PNAC: Peso al Nacimiento, P210: Peso a los 210 días, PSAC: Peso al sacrificio, CONF: Conformación, FAT: Engrasamiento, EPP: Edad al primer parto, FAC: Facilidad al parto, INT: Intervalo entre Partos, LONG: Longevidad.

ANEXO II

Tabla II 1. Las correlaciones genéticas (la parte superior) y las correlaciones residuales (la parte inferior) entre los caracteres productivos, los caracteres reproductivos y longevidad (\pm desviación típica posterior).

	PNAC	P210	PSAC	CONF	FAT	EPP	FAC	LONG	INT
PNAC	1	0.209 (0.019)	0.337 (0.020)	0.18 (0.020)	-0.072 (0.021)	-0.010 (0.017)	0.497 (0.018)	-0.234 (0.027)	0.292 (0.020)
P210	0.090 (0.005)	1	0.49 (0.027)	0.171 (0.027)	0.046 (0.030)	-0.107 (0.028)	-0.046 (0.024)	0.112 (0.038)	0.078 (0.033)
PSAC	0.012 (0.010)	0.226 (0.013)	1	0.506 (0.022)	0.065 (0.023)	0.175 (0.025)	0.095 (0.022)	0.059 (0.041)	0.204 (0.027)
CONF	0.014 (0.008)	0.134 (0.011)	0.391 (0.014)	1	-0.655 (0.024)	0.298 (0.022)	0.164 (0.024)	-0.149 (0.043)	0.387 (0.025)
FAT	-0.013 (0.009)	0.012 (0.011)	0.046 (0.012)	-0.235 (0.094)	1	-0.206 (0.027)	-0.077 (0.023)	0.227 (0.043)	-0.362 (0.032)
EPP	-0.006 (0.004)	-0.073 (0.014)	0.086 (0.015)	0.078 (0.012)	-0.136 (0.017)	1	0.046 (0.035)	0.500 (0.043)	0.193 (0.022)
FAC	-	-	-	-	-	-	1	-0.57 (0.038)	0.255 (0.020)
LONG	-0.012 (0.006)	0.039 (0.010)	0.019 (0.001)	-0.069 (0.023)	0.077 (0.013)	0.030 (0.005)	-0.140 (0.064)	1	-0.861 (0.020)
INT	-	-	-	-	-	-	-	-	1

Tabla II 2. Las correlaciones entre rebaños entre los caracteres productivos, los caracteres reproductivos y longevidad (\pm desviación típica posterior).

	PNAC	P210	PSAC	CONF	FAT	EPP	FAC	LONG	INT
PNAC	1	0.041 (0.026)	0.011 (0.050)	0.14 (0.023)	0.012 (0.016)	-0.029 (0.017)	0.250 (0.025)	-0.234 (0.027)	0.292 (0.020)
P210		1	0.602 (0.032)	0.463 (0.035)	0.409 (0.038)	-0.291 (0.033)	-0.046 (0.024)	0.232 (0.038)	-0.325 (0.033)
PSAC			1	0.326 (0.012)	0.123 (0.043)	0.245 (0.015)	0.075 (0.034)	0.087 (0.011)	0.244 (0.037)
CONF				1	-0.535 (0.014)	0.323 (0.012)	0.243 (0.074)	-0.307 (0.013)	0.475 (0.045)
FAT					1	-0.274 (0.037)	-0.094 (0.013)	0.345 (0.023)	-0.324 (0.022)
EPP						1	0.088 (0.015)	0.421 (0.013)	0.203 (0.032)
FAC							1	-0.524 (0.018)	0.276 (0.020)
LONG								1	-0.789 (0.010)
INT									1

PNAC: Peso al Nacimiento, P210: Peso a los 210 días, PSAC: Peso al sacrificio, CONF: Conformación, FAT: Engrasamiento, EPP: Edad al primer parto, FAC: Facilidad al parto, INT: Intervalo entre Partos, LONG: Longevidad.

ANEXO III

Tabla III 1. Las correlaciones genéticas entre los caracteres productivos y los morfológicos (\pm desviación típica posterior).

	PNAC	P210	PSAC	CONF	FAT
Anchura Espalda	0.283 (0.061)	0.367 (0.105)	0.645 (0.143)	0.651 (0.106)	-0.336 (0.102)
Anchura Grupa	0.527 (0.116)	0.479 (0.162)	0.649 (0.125)	0.138 (0.119)	-0.090 (0.165)
Anchura Nalga	0.236 (0.057)	0.430 (0.095)	0.402 (0.144)	0.708 (0.106)	-0.285 (0.097)
Anchura Cruz	0.267 (0.061)	0.341 (0.114)	0.578 (0.144)	0.677 (0.100)	-0.350 (0.093)
Espesor Lomo	0.250 (0.059)	0.471 (0.102)	0.455 (0.132)	0.260 (0.128)	0.003 (0.105)
Profundidad Muslo	0.238 (0.062)	0.443 (0.117)	0.690 (0.182)	0.780 (0.120)	-0.483 (0.093)
Redondez Nalga	0.378 (0.112)	0.448 (0.104)	0.668 (0.110)	0.685 (0.138)	-0.311 (0.177)
Alzada	0.421 (0.046)	0.326 (0.039)	0.478 (0.062)	-0.097 (0.076)	0.124 (0.065)
Anchura Dorso	0.226 (0.061)	0.369 (0.109)	0.425 (0.011)	0.523 (0.114)	-0.202 (0.109)
Profundidad Torax	0.354 (0.060)	0.258 (0.097)	0.516 (0.102)	0.187 (0.116)	-0.120 (0.090)
Longitud	0.448 (0.059)	0.313 (0.073)	0.436 (0.066)	0.076 (0.078)	-0.075 (0.083)
Aplomos Delanteros Vista Ant.	0.046 (0.098)	0.240 (0.123)	0.131 (0.105)	-0.088 (0.100)	0.324 (0.140)
Aplomos Delanteras Vista Lat.	0.157 (0.103)	0.184 (0.136)	0.159 (0.121)	-0.050 (0.110)	0.152 (0.155)
Aplomos Traseros Vista Post.	-0.037 (0.171)	-0.214 (0.149)	0.120 (0.136)	0.152 (0.171)	0.178 (0.143)
Aplomos Traseros Vista Lat.	0.070 (0.123)	-0.045 (0.160)	0.036 (0.128)	-0.010 (0.110)	0.076 (0.151)
Longitud Pelvis	0.367 (0.104)	0.294 (0.141)	0.298 (0.110)	0.685 (0.138)	-0.034 (0.140)
Inclinación Pelvis	0.140 (0.122)	0.403 (0.169)	0.180 (0.126)	0.078 (0.115)	0.247
Rectitud Dorso	-0.057 (0.127)	0.450 (0.141)	0.139 (0.155)	-0.154 (0.136)	0.328 (0.153)
Perímetro Torax	0.435 (0.064)	0.258 (0.097)	0.516 (0.074)	0.187 (0.086)	-0.120 (0.063)
Grosor de la Caña.	0.038 (0.012)	0.268 (0.164)	-0.068 (0.154)	0.018 (0.113)	0.117 (0.152)

PNAC: Peso al Nacimiento, P210: Peso a los 210 días, PSAC: Peso al sacrificio, CONF: Conformación, FAT: Engrasamiento.

Tabla III 2. Las correlaciones residuales entre los caracteres productivos y los morfológicos (\pm desviación típica posterior).

	PNAC	P210	PSAC	CONF	FAT
Anchura Espalda	0.032 (0.014)	0.047 (0.015)	0.145 (0.046)	0.149 (0.076)	-0.086 (0.051)
Anchura Grupa	0.067 (0.026)	0.079 (0.012)	0.049 (0.025)	0.038 (0.019)	-0.007 (0.005)
Anchura Nalga	0.048 (0.017)	0.030 (0.045)	0.082 (0.024)	0.128 (0.066)	-0.055 (0.017)
Anchura Cruz	0.087 (0.041)	0.048 (0.014)	0.118 (0.044)	0.207 (0.020)	-0.050 (0.093)
Espesor Lomo	0.053 (0.019)	0.111 (0.026)	0.155 (0.032)	0.060 (0.028)	0.0002 (0.015)
Profundidad Muslo	0.063 (0.022)	0.043 (0.017)	0.190 (0.082)	0.220 (0.022)	-0.083 (0.013)
Redondez Nalga	0.074 (0.012)	0.118 (0.024)	0.238 (0.010)	0.285 (0.038)	-0.041 (0.017)
Alzada	0.027 (0.016)	0.096 (0.039)	0.138 (0.062)	-0.003 (0.016)	0.024 (0.015)
Anchura Dorso	0.036 (0.011)	0.069 (0.029)	0.025 (0.011)	0.523 (0.114)	-0.202 (0.109)
Profundidad Torax	0.064 (0.010)	0.258 (0.097)	0.516 (0.102)	0.087 (0.016)	-0.020 (0.002)
Longitud	0.078 (0.029)	0.053 (0.041)	0.036 (0.006)	0.008 (0.018)	-0.005 (0.010)
Aplomos Delanteros Vista Ant.	0.003 (0.014)	0.040 (0.023)	0.011 (0.005)	-0.010 (0.014)	0.024 (0.004)
Aplomos Delanteras Vista Lat.	0.027 (0.023)	0.064 (0.036)	0.019 (0.011)	-0.0007 (0.010)	0.012 (0.005)
Aplomos Traseros Vista Post.	-0.004 (0.010)	-0.014 (0.009)	0.020 (0.013)	0.012 (0.011)	0.018 (0.013)
Aplomos Traseros Vista Lat.	0.006 (0.013)	-0.004 (0.016)	0.0002 (0.008)	-0.0003 (0.010)	0.006 (0.011)
Longitud Pelvis	0.067 (0.014)	0.094 (0.011)	0.098 (0.010)	0.155 (0.038)	-0.007 (0.014)
Inclinación Pelvis	0.024 (0.012)	0.106 (0.019)	0.018 (0.012)	0.013 (0.015)	0.048 (0.002)
Rectitud Dorso	-0.002 (0.007)	0.050 (0.011)	0.039 (0.015)	-0.054 (0.017)	0.028 (0.012)
Perimetro Torax	0.035 (0.014)	0.028 (0.007)	0.216 (0.074)	0.077 (0.056)	-0.020 (0.013)
Grosor de la Caña.	0.008 (0.002)	0.078 (0.014)	-0.018 (0.004)	0.002 (0.013)	0.067 (0.022)

PNAC: Peso al Nacimiento, P210: Peso a los 210 días, PSAC: Peso al sacrificio, CONF: Conformación, FAT: Engrasamiento.

Tabla III 3. Las correlaciones entre rebaños entre los caracteres productivos y los morfológicos (\pm desviación típica posterior).

	PNAC	P210	PSAC	CONF	FAT
Anchura Espalda	0.227 (0.052)	0.417 (0.055)	0.575 (0.047)	0.647 (0.066)	-0.266 (0.012)
Anchura Grupa	0.424 (0.026)	0.324 (0.062)	0.628 (0.025)	0.245 (0.019)	-0.050 (0.065)
Anchura Nalga	0.256 (0.042)	0.415 (0.064)	0.512 (0.044)	0.732 (0.056)	-0.255 (0.077)
Anchura Cruz	0.188 (0.031)	0.278 (0.014)	0.523 (0.034)	0.537 (0.010)	-0.324 (0.033)
Espesor Lomo	0.230 (0.058)	0.347 (0.012)	0.312 (0.032)	0.360 (0.028)	0.025 (0.005)
Profundidad Muslo	0.265 (0.022)	0.343 (0.017)	0.647 (0.082)	0.720 (0.020)	-0.454 (0.013)
Redondez Nalga	0.395 (0.012)	0.248 (0.104)	0.589 (0.011)	0.535 (0.038)	-0.328 (0.027)
Alzada	0.436 (0.058)	0.455 (0.039)	0.489 (0.062)	-0.047 (0.016)	0.234 (0.065)
Anchura Dorso	0.274 (0.011)	0.378 (0.019)	0.436 (0.011)	0.483 (0.014)	-0.324 (0.019)
Profundidad Torax	0.334 (0.030)	0.278 (0.017)	0.578 (0.012)	0.245 (0.016)	-0.027 (0.090)
Longitud	0.445 (0.039)	0.343 (0.073)	0.436 (0.066)	0.096 (0.078)	-0.078 (0.013)
Aplomos Delanteros Vista Ant.	0.145 (0.098)	0.247 (0.023)	0.231 (0.015)	-0.088 (0.007)	0.214 (0.040)
Aplomos Delanteras Vista Lat.	0.247 (0.033)	0.263 (0.036)	0.239 (0.021)	-0.078 (0.010)	0.239 (0.055)
Aplomos Traseros Vista Post.	-0.104 (0.011)	-0.321 (0.049)	0.224 (0.035)	0.364 (0.071)	0.361 (0.043)
Aplomos Traseros Vista Lat.	0.124 (0.022)	-0.165 (0.060)	0.089 (0.012)	-0.102 (0.010)	0.045 (0.051)
Longitud Pelvis	0.332 (0.035)	0.324 (0.041)	0.295 (0.010)	0.585 (0.018)	-0.061 (0.030)
Inclinación Pelvis	0.150 (0.022)	0.017 (0.069)	0.214 (0.026)	0.068 (0.015)	0.247 (0.012)
Rectitud Dorso	0.234 (0.027)	0.323 (0.041)	0.278 (0.055)	-0.084 (0.036)	0.334 (0.053)
Perimetro Torax	0.425 (0.044)	0.228 (0.097)	0.626 (0.084)	0.277 (0.016)	-0.078 (0.013)
Grosor de la Caña.	0.128 (0.010)	0.248 (0.034)	-0.145 (0.054)	0.089 (0.013)	0.183 (0.052)

PNAC: Peso al Nacimiento, P210: Peso a los 210 días, PSAC: Peso al sacrificio, CONF: Conformación, FAT: Engrasamiento.

ANEXO IV

Tabla IV. 1. Las correlaciones genéticas entre los caracteres reproductivos, longevidad y los morfológicos (\pm desviación típica posterior).

	EPP	FAC	LONG	INT
Anchura Espalda	0.052 (0.125)	0.079 (0.114)	-0.071 (0.204)	-0.073 (0.133)
Anchura Grupa	0.153 (0.217)	0.115 (0.107)	-0.079 (0.337)	0.141 (0.204)
Anchura Nalga	-0.115 (0.130)	0.009 (0.092)	0.114 (0.114)	0.074 (0.127)
Anchura Cruz	0.017 (0.135)	-0.058 (0.109)	-0.071 (0.210)	-0.022 (0.140)
Espesor Lomo	-0.030 (0.145)	0.139 (0.117)	-0.045 (0.209)	-0.115 (0.133)
Profundidad Muslo	-0.333 (0.167)	0.093 (0.128)	0.189 (0.198)	0.110 (0.169)
Redondez Nalga	-0.208 (0.146)	0.106 (0.101)	0.047 (0.225)	0.098 (0.203)
Alzada	0.012 (0.085)	-0.178 (0.065)	-0.047 (0.133)	-0.112 (0.080)
Anchura Dorso	-0.071 (0.141)	0.176 (0.116)	-0.235 (0.226)	-0.100 (0.139)
Profundidad Torax	0.049 (0.116)	-0.007 (0.093)	0.308 (0.172)	-0.068 (0.126)
Longitud	0.004 (0.082)	-0.057 (0.068)	-0.070 (0.163)	0.026 (0.095)
Aplomos Delanteros Vista Ant.	-0.230 (0.155)	-0.152 (0.101)	0.332 (0.216)	-0.212 (0.139)
Aplomos Delanteras Vista Lat.	-0.172 (0.161)	-0.049 (0.100)	0.190 (0.251)	-0.156 (0.149)
Aplomos Traseros Vista Post.	-0.427 (0.142)	-0.005 (0.099)	0.225 (0.300)	-0.180 (0.178)
Aplomos Traseros Vista Lat.	-0.254 (0.180)	-0.122 (0.114)	0.369 (0.278)	-0.058 (0.183)
Longitud Pelvis	0.086 (0.137)	-0.039 (0.099)	0.015 (0.230)	-0.020 (0.101)
Inclinación Pelvis	-0.130 (0.214)	-0.309 (0.118)	0.419 (0.301)	0.060 (0.207)
Rectitud Dorso	-0.187 (0.194)	-0.047 (0.117)	0.592 (0.174)	-0.110 (0.175)
Perimetro Torax	0.090 (0.092)	-0.127 (0.073)	0.046 (0.098)	-0.001 (0.103)
Grosor de la Caña.	-0.225 (0.161)	-0.113 (0.112)	0.225 (0.340)	-0.111 (0.204)

EPP: Edad al primer parto, FAC: Facilidad al parto, INT: Intervalo entre Partos, LONG: Longevidad.

Tabla IV. 2. Las correlaciones residuales entre los caracteres reproductivos, longevidad y los morfológicos (\pm desviación típica posterior).

	EPP	FAC	LONG	INT
Anchura Espalda	0.021 (0.019)	-	-0.031 (0.024)	-
Anchura Grupa	0.043 (0.027)	-	-0.031 (0.007)	-
Anchura Nalga	-0.025 (0.002)	-	0.064 (0.011)	-
Anchura Cruz	0.0003 (0.013)	-	-0.027 (0.010)	-
Espesor Lomo	-0.010 (0.045)	-	-0.005 (0.019)	-
Profundidad Muslo	-0.106 (0.067)	-	0.059 (0.098)	-
Redondez Nalga	-0.058 (0.046)	-	0.017 (0.025)	-
Alzada	0.003 (0.015)	-	-0.017 (0.033)	-
Anchura Dorso	-0.041 (0.011)	-	-0.025 (0.016)	-
Profundidad Torax	0.029 (0.006)	-	0.018 (0.072)	-
Longitud	0.004 (0.082)	-	-0.040 (0.013)	-
Aplomos Delanteros Vista Ant.	-0.030 (0.055)	-	0.112 (0.056)	-
Aplomos Delanteras Vista Lat.	-0.082 (0.041)	-	0.032 (0.001)	-
Aplomos Traseros Vista Post.	-0.187 (0.012)	-	0.065 (0.003)	-
Aplomos Traseros Vista Lat.	-0.054 (0.083)	-	0.119 (0.28)	-
Longitud Pelvis	0.016 (0.013)	-	0.007 (0.023)	-
Inclinación Pelvis	-0.030 (0.014)	-	0.179 (0.031)	-
Rectitud Dorso	-0.017 (0.064)	-	0.232 (0.084)	-
Perimetro Torax	0.030 (0.012)	-	0.006 (0.028)	-
Grosor de la Caña.	-0.025 (0.011)	-	0.015 (0.024)	-

EPP: Edad al primer parto, FAC: Facilidad al parto, INT: Intervalo entre Partos, LONG: Longevidad.

Tabla IV. 3. Las correlaciones entre rebaños entre los caracteres reproductivos, longevidad y los morfológicos (\pm desviación típica posterior).

	EPP	FAC	LONG	INT
Anchura Espalda	-0.221 (0.052)	-0.044 (0.014)	-0.089 (0.014)	-0.073 (0.133)
Anchura Grupa	-0.232 (0.017)	-0.075 (0.007)	-0.053 (0.037)	-0.151 (0.014)
Anchura Nalga	-0.134 (0.030)	-0.034 (0.012)	-0.014 (0.006)	-0.064 (0.027)
Anchura Cruz	-0.153 (0.015)	-0.088 (0.019)	-0.034 (0.010)	-0.063 (0.014)
Espesor Lomo	-0.075 (0.035)	-0.049 (0.017)	-0.076 (0.019)	-0.134 (0.033)
Profundidad Muslo	-0.356 (0.017)	0.087 (0.028)	0.164 (0.088)	0.136 (0.062)
Redondez Nalga	-0.148 (0.036)	0.126 (0.011)	0.034 (0.025)	0.034 (0.003)
Alzada	0.075 (0.034)	-0.213 (0.065)	-0.034 (0.013)	-0.134 (0.070)
Anchura Dorso	-0.147 (0.011)	-0.036 (0.016)	-0.212 (0.016)	-0.079 (0.039)
Profundidad Torax	0.087 (0.016)	-0.034 (0.013)	0.228 (0.012)	-0.034 (0.026)
Longitud	0.178 (0.082)	-0.057 (0.038)	-0.036 (0.063)	0.063 (0.015)
Aplomos Delanteros Vista Ant.	0.034 (0.015)	-0.052 (0.011)	0.032 (0.016)	-0.113 (0.039)
Aplomos Delanteras Vista Lat.	0.085 (0.011)	-0.049 (0.010)	0.020 (0.051)	-0.156 (0.019)
Aplomos Traseros Vista Post.	0.052 (0.042)	-0.015 (0.019)	0.026 (0.017)	-0.230 (0.074)
Aplomos Traseros Vista Lat.	0.031 (0.010)	-0.022 (0.014)	0.069 (0.038)	-0.058 (0.013)
Longitud Pelvis	0.175 (0.032)	-0.036 (0.039)	0.034 (0.030)	-0.065 (0.011)
Inclinación Pelvis	-0.124 (0.014)	-0.219 (0.018)	0.319 (0.010)	0.058 (0.027)
Rectitud Dorso	-0.205 (0.064)	-0.067 (0.017)	0.412 (0.074)	-0.113 (0.015)
Perimetro Torax	0.168 (0.012)	-0.134 (0.023)	0.034 (0.018)	-0.032 (0.013)
Grosor de la Caña.	-0.234 (0.021)	-0.123 (0.012)	0.025 (0.040)	-0.168 (0.024)

EPP: Edad al primer parto, FAC: Facilidad al parto, INT: Intervalo entre Partos, LONG: Longevidad.

ANEXO V

Tabla V. 1. Las correlaciones genéticas entre los caracteres morfológicos (\pm desviación típica posterior).

	Anchura Espalda	Anchura Cruz	Anchura Dorso	Anchura Grupa	Anchura Nalga	Espesor Lomo	Profundidad Muslo	Redondez Nalga	Alzada	Profundidad Torax	Longitud	Grosor Cana	Perimetro Torax	Long Pelvis	Rectitud Dorso	Inclinacion Pelvis	Aplomos Del. Ant.	Aplomos Del. Later.	Aplomos Tras. Post.	Aplomos Tras. Later.
Anchura Espalda	1	0.9 (0.264)	0.865 (0.270)	0.763 (0.298)	0.851 (0.253)	0.877 (0.269)	0.754 (0.272)	0.833 (0.254)	0.53 (0.164)	0.741 (0.233)	0.835 (0.205)	0.342 (0.321)	0.765 (0.212)	0.694 (0.252)	0.058 (0.025)	0.524 (0.325)	0.168 (0.124)	0.443 (0.266)	0.536 (0.222)	0.335 (0.301)
Anchura Cruz		1	0.858 (0.266)	0.741 (0.296)	0.619 (0.236)	0.905 (0.264)	0.598 (0.246)	0.677 (0.252)	0.509 (0.169)	0.549 (0.224)	0.619 (0.213)	0.186 (0.091)	0.714 (0.219)	0.664 (0.252)	0.112 (0.103)	0.287 (0.213)	0.256 (0.249)	0.522 (0.266)	-0.078 (0.024)	0.514 (0.306)
Anchura Dorso			1	0.712 (0.322)	0.752 (0.262)	0.763 (0.283)	0.562 (0.271)	0.765 (0.264)	0.468 (0.177)	0.621 (0.246)	0.599 (0.223)	0.241 (0.183)	0.526 (0.275)	0.765 (0.272)	0.273 (0.236)	0.374 (0.346)	0.3 (0.270)	0.484 (0.288)	0.067 (0.048)	0.389 (0.329)
Anchura Grupa				1	0.692 (0.280)	0.761 (0.302)	0.633 (0.297)	0.58 (0.284)	0.856 (0.247)	0.931 (0.255)	0.952 (0.194)	0.648 (0.231)	0.887 (0.208)	0.877 (0.229)	0.198 (0.092)	0.473 (0.230)	0.288 (0.202)	0.544 (0.206)	0.229 (0.260)	0.281 (0.222)
Anchura Nalga					1	0.819 (0.258)	0.977 (0.362)	0.902 (0.292)	0.447 (0.198)	0.671 (0.225)	0.724 (0.207)	0.458 (0.325)	0.674 (0.204)	0.474 (0.251)	0.172 (0.274)	0.719 (0.337)	0.213 (0.246)	0.637 (0.263)	0.368 (0.285)	0.68 (0.306)
Espesor Lomo						1	0.816 (0.288)	0.765 (0.262)	0.638 (0.187)	0.794 (0.300)	0.841 (0.209)	0.372 (0.341)	0.736 (0.222)	0.817 (0.261)	0.444 (0.300)	0.725 (0.349)	0.426 (0.279)	0.718 (0.285)	0.421 (0.278)	0.706 (0.324)
Profundidad Muslo							1	0.871 (0.262)	0.657 (0.187)	0.726 (0.300)	0.838 (0.223)	0.316 (0.301)	0.765 (0.229)	0.74 (0.278)	0.063 (0.028)	0.61 (0.412)	0.191 (0.082)	0.668 (0.303)	0.256 (0.302)	0.687 (0.352)
Redondez Nalga								1	0.616 (0.166)	0.85 (0.211)	0.745 (0.191)	0.344 (0.315)	0.593 (0.201)	0.459 (0.231)	0.168 (0.271)	0.491 (0.321)	0.15 (0.262)	0.516 (0.262)	0.441 (0.249)	0.605 (0.273)
Alzada									1	0.961 (0.142)	0.942 (0.125)	0.263 (0.255)	0.827 (0.137)	0.945 (0.146)	0.462 (0.194)	0.524 (0.230)	-0.006 (0.018)	0.077 (0.197)	-0.193 (0.193)	0.259 (0.247)
Profundidad Torax										1	0.978 (0.165)	0.687 (0.278)	0.979 (0.229)	0.943 (0.278)	0.261 (0.252)	0.604 (0.311)	0.399 (0.250)	0.423 (0.264)	-0.105 (0.024)	0.355 (0.306)
Longitud											1	0.739 (0.175)	0.817 (0.142)	0.907 (0.180)	0.386 (0.243)	0.751 (0.192)	0.277 (0.151)	0.403 (0.159)	0.202 (0.205)	0.46 (0.175)
Grosor Cana												1	0.546 (0.184)	0.374 (0.214)	-0.196 (0.105)	0.534 (0.278)	0.129 (0.104)	0.311 (0.237)	0.394 (0.287)	0.332 (0.245)
Perimetro Torax													1	0.899 (0.169)	0.208 (0.123)	0.571 (0.189)	0.188 (0.148)	0.196 (0.154)	0.003 (0.207)	0.306 (0.175)
Long Pelvis														1	0.293 (0.205)	-0.569 (0.210)	0.014 (0.210)	0.176 (0.144)	-0.001 (0.337)	0.219 (0.209)
Rectitud Dorso															1	0.389 (0.355)	0.267 (0.250)	0.405 (0.297)	0.449 (0.353)	0.677 (0.358)
Inclinacion Pelvis																1	0.356 (0.210)	0.734 (0.244)	0.591 (0.337)	0.853 (0.209)
Aplomos Del. Ant.																	1	0.908 (0.283)	0.663 (0.267)	0.739 (0.264)
Aplomos Del. Later.																		1	0.838 (0.300)	0.893 (0.299)
Aplomos Tras. Post.																			1	0.933 (0.369)
Aplomos Tras. Later.																				1

Tabla V. 2. ; Media posterior de las correlaciones residuales (la parte superior) y de las correlaciones entre rebaños (la parte inferior) entre los caracteres morfológicos (\pm desviación típica posterior).

	Anchura Espalda	Anchura Cruz	Anchura Dorso	Anchura Grupa	Anchura Nalga	Espesor Lomo	Profundidad Muslo	Redondez Nalga	Alzada	Profundidad Torax	Longitud	Grosor Cana	Perimetro Torax	Long Pelvis	Rectitud Dorso	Inclinacion Pelvis	Aplomos Del. Ant.	Aplomos Del. Later.	Aplomos Tras. Post.	Aplomos Tras. Later.
Anchura Espalda	1	0.618 (0.015)	0.537 (0.014)	0.189 (0.012)	0.465 (0.014)	0.526 (0.014)	0.440 (0.013)	0.433 (0.018)	0.13 (0.04)	0.341 (0.03)	0.535 (0.05)	0.342 (0.01)	0.265 (0.012)	0.156 (0.052)	0.370 (0.012)	0.164 (0.025)	0.058 (0.024)	0.143 (0.066)	0.186 (0.022)	0.135 (0.001)
Anchura Cruz	0.872 (0.078)	1	0.538 (0.066)	0.381 (0.096)	0.119 (0.036)	0.645 (0.064)	0.258 (0.046)	0.367 (0.052)	0.209 (0.069)	0.279 (0.024)	0.109 (0.013)	0.046 (0.011)	0.354 (0.019)	0.244 (0.052)	0.377 (0.013)	0.087 (0.013)	0.086 (0.049)	0.126 (0.066)	-0.036 (0.004)	0.158 (0.006)
Anchura Dorso	0.788 (0.037)	0.870 (0.089)	1	0.432 (0.022)	0.392 (0.062)	0.366 (0.083)	0.182 (0.071)	0.468 (0.064)	0.128 (0.077)	0.241 (0.046)	0.219 (0.023)	0.101 (0.083)	0.086 (0.075)	0.395 (0.072)	0.113 (0.036)	0.154 (0.046)	0.10 (0.070)	0.206 (0.088)	0.023 (0.002)	0.176 (0.029)
Anchura Grupa	0.745 (0.148)	0.802 (0.066)	0.812 (0.068)	1	0.283 (0.080)	0.457 (0.002)	0.346 (0.097)	0.215 (0.084)	0.502 (0.047)	0.623 (0.05)	0.675 (0.094)	0.408 (0.031)	0.517 (0.008)	0.586 (0.029)	0.045 (0.05)	0.168 (0.030)	0.089 (0.002)	0.214 (0.006)	0.106 (0.060)	0.146 (0.022)
Anchura Nalga	0.815 (0.089)	0.712 (0.036)	0.845 (0.023)	0.751 (0.067)	1	0.503 (0.058)	0.647 (0.062)	0.678 (0.092)	0.247 (0.098)	0.381 (0.025)	0.284 (0.007)	0.321 (0.025)	0.284 (0.034)	0.264 (0.051)	0.012 (0.074)	0.356 (0.037)	0.073 (0.046)	0.137 (0.063)	0.268 (0.085)	0.38 (0.076)
Espesor Lomo	0.766 (0.134)	0.912 (0.078)	0.756 (0.033)	0.768 (0.024)	0.652 (0.023)	1	0.486 (0.088)	0.325 (0.058)	0.238 (0.075)	0.494 (0.023)	0.641 (0.059)	0.172 (0.041)	0.436 (0.022)	0.217 (0.061)	0.144 (0.047)	0.325 (0.069)	0.126 (0.089)	0.418 (0.085)	0.121 (0.078)	0.306 (0.024)
Profundidad Muslo	0.789 (0.113)	0.617 (0.023)	0.758 (0.046)	0.681 (0.038)	0.785 (0.011)	0.824 (0.089)	1	0.571 (0.062)	0.357 (0.087)	0.326 (0.055)	0.438 (0.023)	0.116 (0.011)	0.224 (0.014)	0.34 (0.078)	0.021 (0.028)	0.34 (0.012)	0.089 (0.082)	0.356 (0.043)	0.124 (0.022)	0.386 (0.052)
Redondez Nalga	0.864 (0.179)	0.650 (0.052)	0.799 (0.066)	0.749 (0.012)	0.674 (0.026)	0.614 (0.064)	0.817 (0.261)	1	0.316 (0.066)	0.55 (0.051)	0.445 (0.091)	0.144 (0.015)	0.293 (0.061)	0.259 (0.031)	0.068 (0.071)	0.191 (0.021)	0.04 (0.062)	0.316 (0.082)	0.141 (0.049)	0.205 (0.073)
Alzada	0.476 (0.035)	0.520 (0.068)	0.658 (0.011)	0.812 (0.015)	0.362 (0.021)	0.763 (0.075)	0.789 (0.056)	0.719 (0.337)	1	0.661 (0.042)	0.682 (0.025)	0.063 (0.055)	0.427 (0.037)	0.545 (0.046)	0.262 (0.094)	0.324 (0.030)	-0.008 (0.018)	0.049 (0.097)	-0.073 (0.093)	0.099 (0.047)
Profundidad Torax	0.680 (0.089)	0.428 (0.014)	0.834 (0.066)	0.684 (0.024)	0.548 (0.036)	0.814 (0.068)	0.879 (0.034)	0.778 (0.078)	0.856 (0.027)	1	0.578 (0.065)	0.357 (0.078)	0.699 (0.029)	0.643 (0.078)	0.161 (0.052)	0.324 (0.011)	0.159 (0.050)	0.223 (0.064)	-0.085 (0.024)	0.145 (0.096)
Longitud	0.795 (0.078)	0.687 (0.066)	0.704 (0.052)	0.814 (0.034)	0.824 (0.069)	0.867 (0.034)	0.648 (0.043)	0.578 (0.089)	0.841 (0.068)	0.657 (0.056)	1	0.332 (0.075)	0.534 (0.042)	0.612 (0.080)	0.106 (0.043)	0.389 (0.092)	0.107 (0.051)	0.153 (0.059)	0.092 (0.035)	0.178 (0.075)
Grosor Cana	0.456 (0.012)	0.745 (0.064)	0.786 (0.012)	0.824 (0.037)	0.694 (0.012)	0.841 (0.066)	0.678 (0.017)	0.817 (0.261)	0.891 (0.067)	0.867 (0.012)	0.786 (0.038)	1	0.246 (0.084)	0.164 (0.014)	-0.057 (0.015)	0.264 (0.078)	0.049 (0.064)	0.111 (0.037)	0.154 (0.087)	0.132 (0.045)
Perimetro Torax	0.788 (0.063)	0.512 (0.014)	0.587 (0.046)	0.802 (0.067)	0.734 (0.013)	0.798 (0.063)	0.719 (0.033)	0.868 (0.012)	0.745 (0.011)	0.768 (0.011)	0.817 (0.054)	0.739 (0.073)	1	0.566 (0.069)	0.088 (0.023)	0.191 (0.089)	0.053 (0.048)	0.075 (0.054)	0.008 (0.067)	0.146 (0.075)
Long Pelvis	0.748 (0.033)	0.614 (0.038)	0.836 (0.031)	0.912 (0.079)	0.812 (0.036)	0.325 (0.067)	0.783 (0.067)	0.543 (0.034)	0.621 (0.25)	0.648 (0.012)	0.582 (0.078)	0.819 (0.019)	0.745 (0.064)	1	0.156 (0.095)	-0.289 (0.010)	0.008 (0.010)	0.108 (0.044)	-0.009 (0.037)	0.089 (0.069)
Rectitud Dorso	0.772 (0.066)	0.812 (0.022)	0.742 (0.064)	0.812 (0.048)	0.846 (0.031)	0.689 (0.015)	0.846 (0.012)	0.873 (0.056)	0.578 (0.036)	0.914 (0.067)	0.914 (0.025)	0.798 (0.063)	0.817 (0.015)	0.864 (0.011)	1	0.124 (0.045)	0.087 (0.050)	0.205 (0.097)	0.249 (0.053)	0.377 (0.058)
Inclinacion Pelvis	0.723 (0.089)	0.766 (0.099)	0.692 (0.058)	0.936 (0.033)	0.867 (0.037)	0.845 (0.024)	0.947 (0.076)	0.817 (0.017)	0.847 (0.014)	0.817 (0.034)	0.867 (0.087)	0.897 (0.086)	0.691 (0.024)	0.947 (0.076)	0.428 (0.018)	1	0.156 (0.010)	0.534 (0.044)	0.391 (0.037)	0.553 (0.029)
Aplomos Del. Ant.	0.658 (0.067)	0.413 (0.030)	0.687 (0.067)	0.617 (0.012)	0.812 (0.031)	0.315 (0.066)	0.559 (0.068)	0.752 (0.047)	0.678 (0.037)	0.867 (0.036)	0.627 (0.028)	0.518 (0.036)	0.527 (0.038)	0.673 (0.063)	0.315 (0.066)	0.317 (0.068)	1	0.618 (0.083)	0.463 (0.067)	0.449 (0.064)
Aplomos Del. Later.	0.689 (0.028)	0.652 (0.011)	0.736 (0.048)	0.364 (0.032)	0.542 (0.032)	0.687 (0.076)	0.431 (0.054)	0.683 (0.018)	0.879 (0.014)	0.778 (0.039)	0.836 (0.031)	0.891 (0.061)	0.736 (0.023)	0.791 (0.010)	0.628 (0.027)	0.578 (0.018)	0.819 (0.063)	1	0.538 (0.030)	0.593 (0.099)
Aplomos Tras. Post.	0.772 (0.056)	0.736 (0.023)	0.523 (0.036)	0.487 (0.014)	0.638 (0.011)	0.867 (0.087)	0.673 (0.063)	0.812 (0.019)	0.719 (0.078)	0.643 (0.068)	0.487 (0.014)	0.673 (0.014)	0.723 (0.037)	0.867 (0.087)	0.714 (0.012)	0.437 (0.087)	0.486 (0.067)	0.559 (0.068)	1	0.614 (0.069)
Aplomos Tras. Later.	0.745 (0.042)	0.748 (0.014)	0.578 (0.018)	0.576 (0.014)	0.832 (0.036)	0.364 (0.086)	0.814 (0.047)	0.867 (0.036)	0.758 (0.024)	0.549 (0.019)	0.589 (0.0149)	0.864 (0.179)	0.634 (0.037)	0.567 (0.070)	0.658 (0.067)	0.719 (0.033)	0.745 (0.042)	0.638 (0.011)	0.829 (0.066)	1

ANEXO VI



FICHA DE CALIFICACIÓN LINEAL

REGA: ES _____ / _____ / _____ NOMBRE: _____

DIRECCIÓN: _____ AYUNTAMIENTO: _____

PROVINCIA: _____ TELÉFONO: _____ MÓVIL: _____ CLAVE A.C.R.U.G.A.: _____

ALTA: RD RA RT AB

SEXO: MACHO HEMBRA

NOMBRE: _____

ID ANIMAL: _____

FECHA NACIMIENTO: ____/____/____

CROTAL SANITARIO: ES _____

FECHA CALIFICACIÓN: ____/____/____

Puntuación: _____ puntos

D. M. – DESARROLLO MUSCULAR	D. E. – DESARROLLO ESQUELÉTICO	APTITUD FUNCIONAL
ANCHURA DE PECHO..... <input type="checkbox"/>	ALTURA <input type="checkbox"/>	RECTITUD DEL DORSO <input type="checkbox"/>
ANCHURA DE CRUZ..... <input type="checkbox"/>	PROFUNDIDAD TÓRAX <input type="checkbox"/>	INCLINACIÓN DE LA PELVIS <input type="checkbox"/>
ANCHURA DE DORSO..... <input type="checkbox"/>	LONGITUD <input type="checkbox"/>	APLÓMOS DELANTEROS (V. ANT.) <input type="checkbox"/>
ESPESOR DE LOMO..... <input type="checkbox"/>	LONGITUD DE PÉLVIS <input type="checkbox"/>	APLÓMOS DELANTEROS (V. LAT.) <input type="checkbox"/>
PROFUNDIDAD DE NALGA..... <input type="checkbox"/>	ANCHURA COXOFEMORAL <input type="checkbox"/>	APLÓMOS TRASEROS (V. POST.) <input type="checkbox"/>
ANCHURA DE NALGA..... <input type="checkbox"/>	PERÍMETRO TORÁCICO..... <input type="checkbox"/>	APLÓMOS TRASEROS (V. LAT.) <input type="checkbox"/>
PROFUNDIDAD DE NALGA..... <input type="checkbox"/>	GROSOR DE CAÑA <input type="checkbox"/>	TESTÍCULOS / JORE <input type="checkbox"/>

CAPA:	MANSEDUMBRE:	CONDICIÓN CORPORAL:	TARAS:	ESTADO FISIOLÓGICO DE LA REPRODUCTORA:
VARELA <input type="checkbox"/>	MUY MANSO/A <input type="checkbox"/>	MUY DELGADO/A <input type="checkbox"/>	MANCHAS MUCOSAS <input type="checkbox"/>	EN GESTACIÓN <input type="checkbox"/>
MARELA <input type="checkbox"/>	MANSO/A <input type="checkbox"/>	DELGADO/A <input type="checkbox"/>	PELOS EN LA CAPA <input type="checkbox"/>	EN LACTACIÓN <input type="checkbox"/>
RUBIA <input type="checkbox"/>	MANSO/A <input type="checkbox"/>	INTERMEDIO/A <input type="checkbox"/>	MANCHAS EN LA CAPA <input type="checkbox"/>	SECA <input type="checkbox"/>
TELIXA <input type="checkbox"/>	ARISCO/A <input type="checkbox"/>	GRUESO/A <input type="checkbox"/>	PROGNATISMO MANDIBULAR..... <input type="checkbox"/>	
BERMELLA <input type="checkbox"/>		MUY GRUESO/A <input type="checkbox"/>	MALFORMACIÓN FÍSICA <input type="checkbox"/>	
			LACRIEMES DE MESTIZAJE <input type="checkbox"/>	

MORRO: ANCHO MEDIO ESTRECHO

CUERNOS: LIRA RUEDA BALA OTROS (especificar): _____

PRODUCCIÓN LECHERA: MUY BUENA BUENA REGULAR POCA

CALIFICADOR: _____
(Nombre, apellidos y firma)

Figura VI 1. Ficha de Calificación Lineal de la Raza Rubia Gallega (ACRUGA, 2024).