

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS DE CRECIMIENTO DE LA POBLACIÓN BRANGUS ROJO MEXICANA DE REGISTRO

ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS OF GROWTH TRAITS OF THE REGISTERED MEXICAN RED BRANGUS POPULATION

Ríos UA*¹, Vega MVE¹, Montaña BM¹, Martínez VG¹

¹ Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP)
rios.angel@inifap.gob.mx

INTRODUCCIÓN

El conocimiento de parámetros genéticos como la heredabilidad (directa y materna), así como de la correlación entre efectos genéticos directos y maternos, es necesario para mejorar la producción de carne a través de selección. Algunos autores han reportado estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento de diversas poblaciones bovinas mexicanas de registro, como la Limousin, Charolais, Simmental, Angus y Salers. Sin embargo, hasta ahora no se han reportado estimadores de parámetros genéticos para la población Brangus Rojo mexicana de registro. El objetivo fue estimar componentes de varianza y parámetros genéticos de características de crecimiento de bovinos Brangus Rojo.

MATERIALES Y MÉTODOS

Datos: Registros productivos y genealógicos fueron proporcionados por la Asociación Brangus Rojo de México, A.C. Las variables de crecimiento analizadas fueron peso al nacimiento, peso al destete y peso al año. Los registros de peso al destete y peso al año se ajustaron a 205 y 365 días de edad, respectivamente, conforme a los *Lineamientos para Programas de Mejoramiento Uniformes de Bovinos Productores de Carne* (BIF, 2002). El Cuadro 1 muestra las estadísticas descriptivas y la estructura de la información analizada.

Cuadro 1. Estadísticas descriptivas y estructura de los datos para peso al nacimiento (PN), peso al destete ajustado a 205 días de edad (PD) y peso al año ajustado a 365 días de edad (PA).

	PN, kg	PD, kg	PA, kg
Estadísticas descriptivas			
Media	31.7	216.2	321.9
Valor mínimo	20	108.7	146.6
Valor máximo	45	340.1	536.8
Desviación estándar	3.5	30.1	48.7
Coefficiente de variación, %	10.95	13.94	15.13
Estructura de la información			
Beceros	7,373	6,638	4,116
Grupos contemporáneos	477	458	282
Animales en el pedigrí	10,975	10,975	10,975

Análisis estadísticos: Peso al nacimiento y peso al destete se analizaron con un mismo modelo que incluyó sexo del becerro, grupo contemporáneo (hato-año-estación), edad de la madre al parto (en días, como covariable), efecto genético aditivo directo, efecto genético aditivo materno y ambiente permanente de la madre del becerro. El modelo para analizar peso al año incluyó sexo del becerro, grupo contemporáneo, edad de la madre al parto y efecto genético aditivo directo. En notación matricial, el modelo animal para peso al nacimiento y peso al destete se representa de la siguiente manera: $y = Xb + Z_1a + Z_2m + Z_3c + e$. Para peso al año, se asumió el siguiente modelo animal: $y = Xb + Z_1a + e$, donde y es un vector de observaciones para cada una de las diferentes características, b es un vector de efectos fijos, a es un vector aleatorio desconocido de efectos genéticos aditivos directos, m es un vector aleatorio desconocido de efectos genéticos aditivos maternos, c es un vector aleatorio desconocido de efectos ambientales maternos permanentes, e es un vector aleatorio desconocido de efectos ambientales temporales, y X , Z_1 , Z_2 , y Z_3 son matrices conocidas de incidencia que relacionan los registros con b , a , m , y c , respectivamente. Se asumió que los efectos

genético aditivo directo, genético aditivo materno, ambiental permanente de la madre y residual se distribuyeron normalmente con media 0. En el caso de peso al nacimiento y peso al destete se asumió la siguiente estructura de varianzas y covarianzas:

$$V \begin{bmatrix} a \\ m \\ c \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_c\sigma_c^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_n\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

donde A es la matriz de relaciones aditivas de Wright entre todos los animales en el pedigrí, σ_a^2 es la varianza genética aditiva directa, σ_m^2 es la varianza genética aditiva materna, σ_{am} es la covarianza entre efectos directos y maternos, σ_c^2 es la varianza del ambiente materno permanente, σ_e^2 es la varianza del ambiente temporal, e I_c e I_n son matrices identidad de dimensión igual al número de madres y número de observaciones, respectivamente.

Estimación de componentes de varianza: Las varianzas y covarianzas se estimaron con Máxima Verosimilitud Restringida Libre de Derivadas, usando el programa MTDFREML. Se asumió que la convergencia se alcanzó cuando la varianza de menos dos veces el logaritmo de la verosimilitud en el simplex fue menor que 10^{-12} . Después de que el programa convergió por primera vez, se realizaron varios reinicios para asegurarse que se había alcanzado un máximo global, en lugar de un máximo local. En cada nuevo análisis, se usaron como valores iniciales los estimadores de los parámetros obtenidos en el análisis previo. Las soluciones de los efectos aleatorios se obtuvieron del último ciclo de iteración donde se alcanzó el máximo global.

Estimadores de parámetros genéticos: Se obtuvieron estimadores para la varianza fenotípica ($\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{am} + \sigma_c^2 + \sigma_e^2$), heredabilidad para efectos genéticos aditivos directos ($h_a^2 = \sigma_a^2 / \sigma_p^2$), heredabilidad para efectos genéticos aditivos maternos ($h_m^2 = \sigma_m^2 / \sigma_p^2$), correlación entre efectos genéticos directos y maternos ($r_{am} = \sigma_{am} / (\sigma_a^2 \sigma_m^2)^{1/2}$), fracción de la varianza fenotípica debida a efectos del ambiente materno permanente ($c^2 = \sigma_c^2 / \sigma_p^2$), y varianza residual como proporción de la varianza fenotípica ($e^2 = \sigma_e^2 / \sigma_p^2$). Los errores estándar para los estimadores de los parámetros genéticos fueron aproximados y se calcularon usando la matriz de información promedio y el Método Delta.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el Cuadro 2 se presentan los estimadores de los componentes de varianza y parámetros genéticos. Los estimadores de la varianza del ambiente materno permanente para peso al nacimiento y peso al destete fueron bajos, muy cercanos a cero. La heredabilidad directa para peso al nacimiento fue baja, para peso al destete alta y para peso al año moderada. Las heredabilidades maternas de peso al nacimiento y peso al destete fueron bajas, menores a 20%. Los efectos genéticos directo y materno para peso al nacimiento y para peso al destete estuvieron negativa y altamente correlacionados, siendo los estimadores de dicha correlación muy similares entre ellos (-0.75 y -0.74, respectivamente). Los estimadores de heredabilidad directa para peso al destete y peso al año obtenidos en el presente estudio, son mayores que los reportados por otros autores (Meyer, 1993; Demeke et al., 2003). Por otro lado, las heredabilidades maternas reportadas en el presente estudio son similares a las reportadas por Swalve (1993).

Cuadro 2. Estimadores de componentes de varianza y parámetros genéticos^a para peso al nacimiento (PN), peso al destete ajustado a 205 días de edad (PD) y peso al año ajustado a 365 días de edad (PA).

	PN	PD	PA
--	----	----	----

Componentes de varianza, kg ²			
σ_a^2	1.99	256.9	395.8
σ_m^2	0.73	73.5	-
σ_{am}	-0.90	-101.3	-
σ_c^2	0.00001	0.0002	-
σ_e^2	5.32	248.7	567.6
σ_p^2	7.13	477.9	963.4
Parámetros genéticos			
h_a^2	0.28 ± 0.053	0.54 ± 0.079	0.41 ± 0.054
h_m^2	0.10 ± 0.064	0.15 ± 0.080	-
r_{am}	-0.75 ± 0.562	-0.74 ± 0.447	-
c^2	0.0 ± 0.037	0.0 ± 0.043	-
e^2	0.75 ± 0.042	0.52 ± 0.059	0.59 ± 0.054

^a σ_a^2 = varianza genética aditiva directa, σ_m^2 = varianza genética aditiva materna, σ_c^2 = varianza del ambiente materno permanente, σ_e^2 = varianza residual, σ_p^2 = varianza fenotípica, h_a^2 = heredabilidad directa, h_m^2 = heredabilidad materna, r_{am} = correlación entre efectos directos y maternos, c^2 = varianza del ambiente materno permanente como proporción de la varianza fenotípica, e^2 = varianza residual como proporción de la varianza fenotípica.

CONCLUSIONES E IMPLICACIONES

Los estimadores de la varianza fenotípica y de la heredabilidad directa para peso al nacimiento, peso al destete y peso al año fueron de magnitud suficiente para mejorar dichas características de crecimiento a través de selección.

Palabras clave: Componentes de varianza, heredabilidad directa, heredabilidad materna.

REFERENCIAS

- BIF. Beef Improvement Federation. 2002. Guidelines for uniform beef improvement programs. 8th ed. The University of Georgia, Athens.
- Demeke S., Naser F.W.C., Schoeman S.J. 2003. Variance components and genetic parameters for early growth traits in a mixed population of purebred *Bos indicus* and crossbred cattle. *Livest. Prod. Sci.* 84:11-21.
- Meyer K., Carrick M.J., Donnelly B.J.P. 1993. Genetic parameters for growth traits of Australian beef cattle from a multibreed selection experiment. *J. Anim. Sci.* 71:2614-2622.
- Swalve, H.H. 1993. Estimation of direct and maternal (co)variance components for growth traits in Australian Simmental beef cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 110:241-252.