

ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA Y PARAMETROS GENETICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRECIMIENTO EN HOLANDO – CEBÚ

VARIANCE COMPONENT ESTIMATION AND GENETIC PARAMETERS FOR GROWTH TRAITS IN HOLANDO – CEBU BREED.

Vega MVE*¹, Montaña BM¹, Ríos UA¹, Martínez VG¹,

¹ Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP).

vega.vicente@inifap.gob.mx

INTRODUCCIÓN

El establecimiento de programas de selección encaminados a mejorar la producción de carne en los ambientes tropicales y subtropicales de México, hace necesario contar con estimadores de componentes de varianza y parámetros genéticos para características de crecimiento. Tanto los efectos aditivos (directos y maternos), así como, los no aditivos, para los pesos en animales jóvenes son importantes para precisar la variabilidad en los caracteres de crecimiento en el bovino y utilizar esa información en la mejora de los hatos. El objetivo del presente trabajo fue estimar la varianza genética aditiva y la heredabilidad de características de crecimiento en animales Holando – Cebú de registro en condiciones subtropicales.

MATERIALES Y MÉTODOS

Datos. Se analizaron los registros de peso al nacimiento (PN; n=1,862) peso ajustado a 205 días (PA205; n=1,747) y peso ajustado a 365 días (PA365; n=1,621), pertenecientes a la Asociación Mexicana de Criadores de ganado bovino Holando Cebú de Registro A.C., nacidos entre el año 2000 y 2015 in 16 hatos en las zonas tropicales de México. Se produjeron becerros cruzados Holstein x Cebú durante el proceso de absorción a Holstein (retro cruza con sementales Holstein o Cebú) y para producir animales de la raza sintética Holando - Cebú la cual tiene una composición genética de 5/8 Holstein y 3/8 Cebú. Los pesos al destete y al año fueron ajustados a 205 días y 365 días respectivamente. Los rangos permitidos para edad al destete fueron de 160 a 250 días y de 320 a 410 días para peso al año. Los animales que estuvieron fuera de estos rangos fueron eliminados para el análisis, pero no del pedigrí. Se editaron los registros productivos para eliminar aquellos pesos que estuvieran más allá de ± 3 desviaciones estándar de la media. Para todas las características el pedigrí incluyó 3,165 animales, incluyendo padres y madres sin registros. En el Cuadro 1 se presenta la composición racial de los animales en el archivo con registros de comportamiento. El número de padres, madres, hatos y grupos contemporáneos para cada característica se presenta en el Cuadro 2.

Cuadro 1. Composición racial de los animales

Composición Racial	No. De Animales
1/4 Holstein 3/4 Cebú	122
1/2 Holstein 1/2 Cebú	345
Holando Cebú *	950
3/4 Holstein 1/4 Cebú	445

^a Holando Cebú = 5/8 Holstein 3/8 Cebú

Análisis. Los parámetros genéticos, ambientales y fenotípicos fueron estimados mediante análisis univariados. El modelo animal utilizado PN y PA205 fue el siguiente:

$$y = X\beta + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$$

Cuadro 2. Estructura de la base de datos editada

	Característica		
	PN	PA205	PA365
Número de registros	1,862	1,747	1,621
Número de Sementales	220	204	193
Número de Madres	1,104	1,014	923
Número de Hatos	16	16	15
Número de Grupos Contemporáneos	406	381	358
Número de animales en el pedigrí	3,165	3,165	3,165
Promedios Fenotípicos	29.29 ± 4.22	164.11 ± 11.89	266.78 ± 13.25

^a PN = Peso al Nacimiento; PA205 = Peso al Destete Ajustado a 205 días; PA365= Peso al Año Ajustado a 365 días.

Donde. y es el vector de observaciones, β es un vector de efectos fijos con matriz de incidencia X , $a \sim N(0, A\sigma_a^2)$ y $m \sim N(0, A\sigma_m^2)$ son vectores de efectos genéticos aditivos directos y maternos con matrices de incidencia Z_a y Z_m , respectivamente, $c \sim N(0, I_c\sigma_c^2)$ es un vector de efectos aleatorios del medio ambiente permanente materno con matriz de incidencia Z_c y $e \sim N(0, I_n\sigma_e^2)$ es un vector de efectos residuales aleatorios. El modelo para PA365 solo incluyó los efectos genéticos aditivos directos y los efectos residuales aleatorios. Todos los modelos incluyeron el grupo contemporáneo efecto ambiental fijo y como efectos genéticos fijos la proporción de genes Holstein, heterocigosis y pérdidas por recombinación como covariables. Los coeficientes de heterosis y pérdidas por recombinación fueron calculados utilizando las formulas propuestas por Akbas et al. (1993):

$$\begin{aligned} \text{Heterosis} &= P_s(1 - P_d) + P_d(1 - P_s) \\ \text{Pérdidas por Recombinación} &= P_s(1 - P_s) + P_d(1 - P_d) \end{aligned}$$

Dónde: P_s y P_d son la proporción de genes Holstein en el semental y en la madre respectivamente. La información fue analizada con el procedimiento de Máxima Verosimilitud Residual mediante un algoritmo libre de derivadas utilizando el programa MTDFREML (Boldman *et al.*, 1995. El modelo para analizar PN y PA205 incluyó los efectos genéticos directos y maternos, su covarianza y el ambiente permanente como efecto aleatorio no correlacionado, como efectos fijos el grupo contemporáneo y el sexo del becerro y como covariables la proporción de genes Holstein, la heterocigosis y las pérdidas por recombinación. El modelo para PA365 incluyó el efecto genético directo, como efectos fijos el grupo contemporáneo y el sexo del becerro y como covariables la proporción de genes Holstein, la heterocigosis y las pérdidas por recombinación. El efecto de grupo contemporáneo consideró los factores de hato, año y época en los que se realizó la medición. Para todas las características el pedigrí incluyó 3,165 animales, incluyendo padres y madres sin registros.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el Cuadro 3 se presentan los componentes de (Co) varianza y las heredabilidades estimadas en bovinos Holando-Cebú para las variables evaluadas. Los estimadores de varianza genética aditiva directa, como proporción de la varianza fenotípica total, señalan escasa variabilidad genética aditiva directa para PN y PA205 en comparación con la variabilidad estimada para PA365. Lo anterior se refleja en los valores de h^2 directa estimados para PN, PA205 y PA365 (0.07, 0.17 y 0.32, respectivamente). Las h^2 directa estimada para PN y PA205 del presente estudio es menor que la mayoría de los estimadores publicados para esta característica. Los estimadores de la h^2 materna del presente estudio sugieren que muy poca de la variabilidad que existe en PN y PA205 se debe a efectos genéticos maternos. La correlación genética entre efectos directos y maternos entre el PN y PA205 no pudo ser adecuadamente estimada por el modelo y fueron muy altos y negativos, de acuerdo a Meyer (1992) las heredabilidades podrían estar sobreestimadas debido a la magnitud y dirección de la correlación.

Cuadro 3. Estimadores de componentes de (Co) varianza y parámetros genéticos para PN, PA205 y PA365.

	PN, kg ²	PA205, kg ²	PA365, kg ²
σ_a^2	0.41	18.69	57.23
σ_m^2	0.18	2.21	-
σ_{am}	0.28	6.43	-
σ_c^2	0.00	0.00	-
σ_e^2	5.08	83.47	120.92
σ_p^2	5.95	110.81	178.15
h_a^2	0.07 ± 0.08	0.17 ± 0.08	0.32 ± 0.07
h_m^2	0.03 ± 0.12	0.02 ± 0.44	-
r_{am}	-.90	-.99	-
c^2	0.001 ± 0.11	0.001 ± 0.40	-
e^2	0.85 ± 0.74	0.75 ± 0.76	0.68 ± 0.72

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

CONCLUSIONES E IMPLICACIONES

Los estimadores de la h^2 directa fueron mayores que los estimadores de la h^2 materna en todos los casos, los efectos genéticos directos en esta población tienen una mayor influencia en el crecimiento que los efectos genéticos y ambientales maternos. Los bajos estimadores de h^2 directa y materna para PN y PA205 encontrados en este estudio indican un limitado progreso genético por selección para estas características.

REFERENCIAS

- Akbas, Y., Brotherstone, S., Hill, W.G. 1993. Animal model estimation of non-additive genetic parameters in dairy cattle, and their effect on heritability estimation and breeding value prediction. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 110:105-113.
- Boldman, K.G., Van Vleck, L.D., Gregory, K.E., Cundiff, L.V. 1991. Estimates of direct and maternal parameters for 200 d weight in purebred and composite lines of beef cattle [abstract]. *Journal of Animal Science*. 69(Suppl 1):203.
- Meyer, K. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Livest. Prod. Sci.* 31:179-204. 1992.

Palabras clave: Heredabilidad, Holando – Cebú, Crecimiento.