

## COMPONENTES DE VARIANZA Y PARAMETROS GENÉTICOS PARA PESOS AL NACER, AL DESTETE Y AL AÑO DE EDAD DE BOVINOS SANTA GERTRUDIS.

### VARIANCE COMPONENT AND GENETIC PARAMETERS FOR BIRTH, WEANING AND YEARLING WEIGHTS OF SANTA GERTRUDIS CATTLE.

Vega MVE<sup>1</sup>, Martínez VG<sup>\*1</sup>, , Montañó BM<sup>1</sup> y Ríos UA<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP).

[martinez.guillermo@inifap.gob.mx](mailto:martinez.guillermo@inifap.gob.mx)

#### INTRODUCCIÓN

Las evaluaciones genéticas que involucran grandes poblaciones son la manera más adecuada para comparar animales criados bajo condiciones diversas dentro de un país o región, para una raza específica (Bourdon, 2000). En estas evaluaciones genéticas se utiliza la metodología del mejor predictor lineal insesgado (BLUP) que permite la estimación de componentes de varianza y parámetros genéticos para las diferentes características evaluadas. Lo anterior es importante considerando que existen estudios que muestran la importancia de utilizar estos parámetros en la predicción de valores genéticos individuales útiles para el mejoramiento genético de las razas de bovinos carne (Minick *et al.*, 2001; Baker *et al.*, 2003). Los objetivos del presente estudio fueron estimar las varianzas genéticas aditivas y las heredabilidades del peso al nacer, el peso al destete ajustado a 205 días de edad y el peso ajustado a 365 días de edad de bovinos Santa Gertrudis de registro en México.

#### MATERIALES Y MÉTODOS

Se analizaron registros de peso al nacimiento (PN; n=8,108) peso ajustado a 205 días de edad (PA205; n=3,257) y peso ajustado a 365 días de edad (PA365; n=1,073) generados entre los años de 1995 y 2014. La base de datos (Cuadro 1) fue proporcionada por la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Santa Gertrudis, A. C. Los registros provenían de crías de 470 sementales. El archivo de pedigrí para construir la matriz de parentesco incluyó a 19,606 animales. Se definieron cuatro épocas de nacimiento: enero-marzo, abril-junio, julio-septiembre y octubre-diciembre. El grupo contemporáneo incluyó animales nacidos en un mismo rancho, año y época con 600, 247 y 111 niveles para PN, PA205 y PA365, respectivamente. Los rangos permitidos para PA205 fueron de 160 a 250 días y de 320 a 410 días para PA365. Los valores de PD205 y PA365 fuera de estos rangos se eliminaron del análisis estadístico. Se editaron los registros productivos para eliminar aquellos pesos que estuvieran más allá de  $\pm 3$  desviaciones estándar de la media.

Cuadro 1. Estructura de la base de datos editada

	Característica		
	PN	PA205	PA365
Número de registros	8,108	3,257	1,073
Número de Sementales	470	191	88
Número de Madres	4,478	2,044	852
Número de Hatos	27	21	15
Número de Grupos Contemporáneos	600	247	111
Número de animales en el pedigrí	19,606	19,606	19,606
Promedios no ajustados (Kg)	32.81 $\pm$ 2.03	217.96 $\pm$ 38.09	315.21 $\pm$ 61.50

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

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

Donde  $y$  es el vector de observaciones,  $\beta$  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  $e \sim N(0, I_e\sigma_e^2)$  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 los efectos fijos de grupo contemporáneo y sexo. La edad de la vaca se incluyó como covariable en los análisis para PN y PD205. Los componentes de varianza se estimaron con el procedimiento de Máxima Verosimilitud Residual mediante un algoritmo libre de derivadas utilizando el programa MTDFREML (Boldman *et al.*, 1995).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el Cuadro 2 se presentan los componentes de (co) varianza y las heredabilidades estimadas en bovinos Santa Gertrudis para las tres variables evaluadas. Los estimadores de varianza genética aditiva directa, como proporción de la varianza fenotípica total, señalan escasa variabilidad genética aditiva directa para PN en comparación con la variabilidad estimada para PA205 y PA365. Lo anterior se refleja en los valores de heredabilidad directa estimados para PN, PA205 y PA365 (0.06, 0.32 y 0.41, respectivamente). Cabe señalar que la heredabilidad directa estimada para PN del presente estudio es menor que la mayoría de los estimadores publicados para esta característica, en contraste, la heredabilidad directa estimada para PA205 es similar a la mayoría de los valores publicados por diferentes autores (Ríos, 2008). Por otro lado, los estimadores de la heredabilidad materna del presente estudio sugieren que muy poca de la variabilidad que existe en PN y PA205 se debe a efectos genéticos maternos.

Cuadro 2. Estimadores de componentes de (co) varianza y parámetros genéticos para PN, PA205 y PA365 en bovinos Santa Gertrudis.

	PN, kg <sup>2</sup>	PA205, kg <sup>2</sup>	PA365, kg <sup>2</sup>
$\sigma_a^2$	0.13	180.46	318.98
$\sigma_m^2$	0.06	39.26	-
$\sigma_{am}$	-0.03	-53.37	-
$\sigma_c^2$	0.00	0.57	-
$\sigma_e^2$	1.96	396.48	461.59
$\sigma_p^2$	2.13	563.40	780.57
$h_a^2$	0.06	0.32	0.41
$h_m^2$	0.03	0.07	-
$r_{am}$	-0.35	-0.63	-
$c^2$	0.00	0.001	-
$e^2$	0.92	0.70	0.59

$\sigma_a^2$  = varianza genética aditiva directa,  $\sigma_m^2$  = varianza genética aditiva materna,  $\sigma_{am}$  covarianza entre efectos genéticos aditivos directos y maternos,  $\sigma_c^2$  = varianza del medio ambiente permanente,  $\sigma_e^2$  = varianza residual,  $\sigma_p^2$  = varianza fenotípica,  $h_a^2$  = heredabilidad directa,  $h_m^2$  = heredabilidad materna,  $r_{am}$  correlación genética entre efectos directos y maternos,  $c^2$  = varianza del ambiente permanente materno como proporción de la varianza fenotípica,  $e^2$  = varianza residual como proporción de la varianza fenotípica.

## CONCLUSIONES E IMPLICACIONES

- La heredabilidad directa estimada para peso al nacer sugiere que la selección para esta característica en la población Santa Gertrudis de México resultaría en una respuesta genética limitada.
- La heredabilidad directa estimada para peso al destete y peso al año de edad indica que ambas características pueden responder favorablemente a la selección en la población Santa Gertrudis de México.
- La heredabilidad materna estimada sugiere que existe poca variabilidad genética aditiva materna para peso al nacer y al destete en la población Santa Gertrudis de México.

## REFERENCIAS

- Baker, J. F., Boyd, M. E., Brown, A. H., Franke, D. E., Thompson, C. E. 2003. Evaluation of maternal performance of daughters from high and low milk EPD sires. *Journal of Animal Science* 81:1406–1413.
- 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.
- Bourdon, MR. 2000. *Understanding Animal Breeding*. Second Edition. Prentice Hall, Upper Saddle River, NJ 07458. p. 258-271.
- Minick, J. A., Buchanan, D. S., Rupert, S. D. 2001. Milk production of crossbred daughters of high- and low-milk EPD Angus and Hereford bulls. *Journal of Animal Science* 79:1386–1393.
- Ríos Utrera, 2008. Estimación de parámetros genéticos para características de crecimiento predestete de bovinos. *Revisión. Técnica Pecuaria en México* 46:1 37-67.

Palabras clave: Heredabilidad, Crecimiento, Bovinos carne.