

Capítulo XVII

Evaluación del mérito genético en bovinos doble propósito

Gonzalo E. Martínez G., MSc, PhD

INTRODUCCIÓN

La producción ganadera doble propósito eficiente requiere de la toma de decisiones oportunas y acertadas, con el objeto de maximizar el beneficio económico. Las principales fuentes de ingreso en estos sistemas son la venta de animales para carne y leche ordeñada. Sin embargo, existe un mercado enorme de reproductores que está siendo cubierto por la venta de animales sin ningún tipo de evaluación genética.

Las metodologías utilizadas en la evaluación del valor genético de los animales guardan relación con el plan de mejoramiento genético diseñado, el cual a su vez depende de las características a mejorar, su índice de herencia, su importancia económica y las correlaciones genéticas y fenotípicas entre ellas.

Entre las características a mejorar en sistemas de producción con bovinos doble propósito tenemos obviamente la producción de leche, el crecimiento tanto predestete como postdestete, la eficiencia reproductiva y la sobrevivencia. La expresión fenotípica de estos caracteres está afectada por factores tanto genéticos como grupo racial, padre, madre, entre otros, como no genéticos entre los que podemos nombrar, año de nacimiento o parto, mes de nacimiento o parto, edad al parto, sexo de la cría, finca, manejo o alimentación, entre otros. La existencia de todos estos factores complica la evaluación objetiva y clara del genotipo.

Para poder realizar una evaluación del mérito genético de los animales existe un requerimiento básico como es el registro de los eventos que ocurren en la unidad de producción. Existe un grupo importante de ganaderos que actualmente están incorporando información de estos eventos en programas computarizados, que generan reportes que facilitan la toma de decisiones. Sin embargo, la gran mayoría no aprovecha los datos colectados para la evaluación del mérito genético de sus animales, que les permita la eliminación de animales improductivos, así como la selección de animales jóvenes para el reemplazo. Por otro lado, en publicaciones previas (Vaccaro, 1988; Verde, 1988) se han discutido alternativas para la estimación del valor genético de animales doble propósito.

En bovinos doble propósito en el trópico, la evaluación genética de hembras tiene una importancia especial debido a los problemas inherentes a la evaluación de machos mediante la prueba de progenie. El establecimiento de un control de productividad lechera generalizado, regular y confiable, debe ser uno de los primeros pasos en los planes de mejoramiento genético. El establecimiento de un programa de control ayudaría a homogenizar las prácticas de manejo, especialmente lo referente al ordeño y alimentación.

La meta para la selección de hembras y machos reproductores doble propósito sería la combinación en un índice de selección de la producción de leche y kg de becerro destetado, una medida de fertilidad como intervalo entre partos (IEP) o intervalo parto concepción (IPC) y que todas las crías hayan sobrevivido por lo menos hasta el destete. Sin embargo, existe poca información para la construcción del referido índice, especialmente la de índole económica.

El objetivo fundamental del presente capítulo es presentar algunas metodologías para estimar el valor genético partiendo de las más simples de aplicar hasta algunas más elaboradas. Asimismo, no se entrará en los detalles de la elaboración y proposición de índices de selección ya que serán cubiertos a detalle en otro capítulo.

EVALUACIÓN UTILIZANDO INFORMACIÓN SOLO DEL INDIVIDUO Y UNA SOLA CARACTERÍSTICA

Entre las opciones más sencillas existentes para la evaluación directa del genotipo de reproductores doble propósito tenemos el Valor Genético Estimado (VGE) y la Más Probable Habilidad Productora (MPHP). El cálculo de estos estimadores se realiza mediante las siguientes formulas:

$$VGE = \frac{nh^2}{1+(n-1)r} (X_i - X_r) \text{ y la precisión viene dada por } P_{VGE} = \sqrt{\frac{nh^2}{1+(n-1)r}}$$

$$MPHP = \frac{nr}{1+(n-1)r} (X_i - X_r) \text{ y la precisión viene dada por } P_{MPHP} = \sqrt{\frac{nr}{1+(n-1)r}}$$

donde: n es el número de registros del animal, h^2 es el índice de herencia, r es el índice de repetición y $(X_i - X_r)$ es el promedio de todas las desviaciones de los registros particulares de un animal con respecto al grupo contemporáneo correspondiente. Un grupo contemporáneo corresponde a animales que nacen o paren en el mismo año y época, de la misma edad, sexo y de la misma finca o hatu, entre otros.

Dos problemas surgen con la utilización de esta expresión. El primero es la necesidad de obtener estimados de los valores de h^2 y r, los cuales generalmente no están disponibles en la población de donde proceden los datos, por lo que habitualmente se recurre a estimados obtenidos en otras poblaciones. El segundo es que la precisión de los estimados de VGE y MPHP varían de medianos a bajos para características como leche y eficiencia reproductiva.

EVALUACIÓN UTILIZANDO INFORMACIÓN DE PARIENTES Y UNA SOLA CARACTERÍSTICA

Habitualmente surge la necesidad de estimar el valor genético de un reproductor que no tiene información productiva propia, en este caso lo común es recurrir a la información expresada por los parientes. Existen muchas posibles fuentes de información para estimar el valor genético de un animal. En esta sección solo se expondrán las más comunes y las que se considera pueden ser comunes en la información de reproductores doble propósito. Esto ha sido ampliamente discutido por otros autores (ALPA, 1988; Bourdon, 1999) por lo que el autor sugiere estas lecturas como complementarias.

La utilidad de la información expresada por los parientes dependerá del grado de parentesco entre el individuo y su pariente. Si se desea mantener simples los cálculos, no vale la pena incluir información de parientes más lejos que una generación. Cuando se desea incluir información de todos los parientes se recomienda estudiar otras posibilidades de estimar el mérito genético como puede ser utilizar un modelo animal.

En el Cuadro 1 se presentan las opciones más comunes para estimar el valor genético de un reproductor utilizando diferentes fuentes de información.

Cuadro 1
Estimación del VGE de un individuo con base en la información proveniente de distintos parientes y la precisión de los estimados

Tipo de pariente	VGE	Precisión
Padre ¹	$VGE_{PADRE} / 2$	$P_{PADRE} / 2$
Madre	$VGE_{MADRE} / 2$	$P_{MADRE} / 2$
Padre + Madre	$VGE_{PADRE} + VGE_{MADRE} / 2$	$\sqrt{P_{PADRE}^2 + P_{MADRE}^2} / 2$
Hijas (N)	$\frac{2Nh^2}{4 + (N-1)h^2} (\bar{X}_N - \bar{X}_r)$	$\sqrt{\frac{2Nh^2}{4 + (n-1)h^2}}$
Medio Hermanos(as) m	$\frac{(1/2)mh^2}{4 + (m-1)h^2} (\bar{X}_m - \bar{X}_r)$	$\sqrt{\frac{(1/2)mh^2}{4 + (m-1)h^2}}$

¹ VGE padre será dos veces la Diferencia Esperada en la Progenie (DEP); $(\bar{X}_N - \bar{X}_r)$ es el promedio de las desviaciones de los registros de las hijas de un toro con respecto al grupo contemporáneo; $(\bar{X}_m - \bar{X}_r)$ es el promedio de las desviaciones de los registros de los(as) medio hermanos(as) de un reproductor con respecto al grupo contemporáneo.

MODELOS MIXTOS

El avance tecnológico explosivo de la computación combinado con el desarrollo teórico en el área de los modelos estadísticos aplicados al análisis de datos obtenidos en condiciones reales de producción han permitido la implementación de métodos muy eficaces para el cálculo de valores genéticos estimados (VGEs) aprovechando la información del control de producción y de pedigrí.

La implantación de los modelos mixtos se ha convertido en una herramienta atractiva para evaluar el mérito genético. Es importante resaltar que la calidad de los resultados obtenidos dependerá de dos factores fundamentales: 1) la calidad de los datos de los registros de producción y 2) la identificación correcta de cada animal con datos y contenidos en el pedigrí, y del modelo correcto. Es bueno recordar en este punto que no existe ningún modelo que se ajuste perfectamente a los datos, solo existen algunas aproximaciones que son mejores que otras.

Es necesario hacer mención de la metodología de los Cuadrados Mínimos (CM) que dio un impulso enorme a la evaluación genética de animales. Dos personas deben ser mencionadas en este punto y son el Dr. Charles R. Henderson y el Dr. Walter R. Harvey quienes propulsaron y dieron todo el marco teórico y aplicado para la utilización de esta metodología en el mejoramiento animal. Amplios detalles al respecto han sido descritos en una publicación previa (Verde, 1998).

Una alternativa que sugirió Henderson (1949) para compensar las deficiencias y asunciones hechas por la metodología de los CM, es el Mejor Predictor Lineal Insesgado (MPLI) o en inglés Best Linear Unbiased Predictor (BLUP). El desarrollo y aplicación de esta metodología en el mejoramiento animal y específicamente en bovinos lecheros se debe a Henderson (1949) cuando propuso el uso de modelos mixtos y la obtención de MPLI de los efectos aleatorios incluidos en el modelo.

MODELOS MIXTOS COMUNES EN LA EVALUACIÓN DE MÉRITO GENÉTICO

El primer y más común modelo aplicado en el mejoramiento animal es el Modelo Padre (MP). En este modelo sólo los padres que tienen progenie con información son incluidos. Este modelo desde el punto de vista computacional demanda poca memoria RAM y espacio de disco duro, y es relativamente rápido. Dos opciones son posible asumir; la primera es que ningún padre esta emparentado con la consecuencia de una reducción significativa de la precisión del estimado de la Diferencia Esperada entre Progenie (DEP), y la segunda, incluir en el modelo el parentesco correcto entre los padres. Los DEPs obtenidos en un modelo padre son potencialmente sesgados ya que se asume que cada progenie proviene de una madre diferente y que todas la madres provienen de una población homogénea, cuando en realidad las madres pueden ser de razas diferentes y la selección aplicada en el tiempo puede hacer a las madres más jóvenes mejores que las madres más viejas. La utilización de un Modelo Animal (MA) permitirá incluir todo el parentesco entre los animales y así corregir por el efecto de selección sobre reproductores.

El aumento en la capacidad de memoria RAM y de la capacidad de los discos duros, permitió la incorporación de mayor cantidad de información, no sólo la de los progenitores, sino también la de los animales jóvenes que carecen de información por no haber tenido todavía la oportunidad de expresar su fenotipo. Este modelo es conocido como Modelo Animal y tiene la propiedad de tomar en cuenta el efecto de la selección de padres y madres en una población bajo un programa de mejora genética.

Entre las ventajas del MA podemos nombrar:

1. Ajusta por los efectos no genéticos incluidos como son: año de nacimiento o parto, mes de nacimiento o parto, edad al parto, sexo de la cría, finca o hato
2. Las relaciones de parentesco son utilizadas tanto para la predicción de los Valores Genéticos, así como en la precisión asociada al estimado
3. Toma en cuenta el hecho de que algunos animales son hijos de mejores progenitores que otros, por lo tanto, los vientres no necesitan ser asignados al azar. Aquí es importante resaltar de que en el pedigrí así como los datos de los animales seleccionados y los contemporáneos no seleccionados deben ser incluidos en el análisis.
4. Evalúa tanto a los toros, vacas y todos los animales jóvenes del rebaño
5. Permite obtener estimados de los efectos genéticos directos y maternos, importante para todas las características evaluadas durante la fase predestete
6. Permite obtener estimados de los efectos aleatorios no correlacionados como lo son el efecto ambiental materno permanente y ambiental permanente del individuo, especialmente este último importante para el modelo de repetibilidad
7. Permite obtener estimados de las correlaciones genéticas al evaluar más de una característica a la vez.
8. Permite estimar interacciones entre el ambiente y el genotipo. Algunos padres pueden comportarse de forma diferencial en diferentes ambientes
9. Permite tomar en cuenta razas diferentes en modelos más complicados como lo es en las evaluaciones entre razas

Otros factores son más difíciles de incluir en el modelo como lo son el tratamiento preferencial de algunos animales (animales de feria), enfermedad al momento del registro productivo. Es importante diseñar programas de registros de datos que permitan la incorporación de este tipo de efecto. Entremos ahora en los detalles del modelo animal más simple (una característica), considerando ahora el siguiente modelo

$$y = Xb + Za + e$$

donde: y = es el vector de observaciones de orden $n \times 1$, b = es el vector de efectos fijos de orden $p \times 1$, a = es el vector de efectos aleatorios de orden $q \times 1$, e = es el vector residual de efecto aleatorio de orden $n \times 1$, X , Z , son las matrices que relacionan las observaciones con los efectos fijos y aleatorios respectivamente.

Las propiedades del modelo son asumidas como sigue:

$$E(y) = Xb$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ c \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix}$$

$$\text{Var}[y] = ZGZ' + R$$

donde: E y Var , son los operadores de esperanza y Varianza respectivamente; A es la matriz de relación de la relación parentesco, $G = A\sigma_a^2$; $R = I\sigma_e^2$; σ_a^2 es la variancia genética aditiva, σ_e^2 es la variancia residual, I es una matriz identidad de orden igual al número de observaciones.

Las ecuaciones a resolver del modelo en notación matricial son las siguientes:

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1} + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{bmatrix},$$

Las ecuaciones Mejor Estimador Linear Inssegado (MELI), en inglés Best Linear Unbiased Estimator (BLUE) de los efectos fijos incluidos en el modelo $Xb = X\hat{b} = X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}y$, el problema con esta ecuación es la imposibilidad de invertir V , por lo que Henderson *et al* (1959) probaron que la inversa de V podía ser sustituida por la siguiente expresión:

$R^{-1} - R^{-1}Z(Z'R^{-1}Z + G^{-1})^{-1}Z'R^{-1} = V^{-1}$, esto simplifica el problema a la inversa de G , ya que R es una matriz diagonal muy fácil de invertir.

Las ecuaciones MPLI demostradas por Henderson (1963) son las siguientes: $\hat{u} = E \left[u \left(y - X\hat{\beta} \right) \right] = Cov(u, y')V^{-1}(y - X\hat{\beta})$, que después de algunas sustituciones y un poco de algebra se reduce a: $\hat{u} = GZ'X^{-1}(y - X\hat{b})$

Las ecuaciones del modelo anterior pueden ser simplificadas de la siguiente forma multiplicando ambos lados de la ecuación por σ_e^2 ;

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \lambda A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}, \text{ donde } \lambda = \sigma_e^2 / \sigma_a^2$$

Otro modelo muy común en la evaluación del mérito genético es el modelo de medidas repetidas, utilizado para la estimación del índice de repetición r, el cual puede ser descrito como sigue:

$$y = Xb + Z_1a + Z_2a + e,$$

donde: y, b, a, e son los mismo descritos en el modelo univariado y p es el vector del efecto aleatorio ambiental permanente orden $m \times 1$, X, Z_1 , y Z_2 son las matrices que relacionan las observaciones con los efectos fijos y aleatorios respectivamente. En este caso particular Z_1 y Z_2 tienen las mismas dimensiones por lo que se pueden considerar como una sola.

Las ecuaciones para estimar los efectos fijos y aleatorios son las siguientes:

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'Z_2 \\ Z_1'X & Z_1'Z_1 + \lambda A^{-1} & Z_1'Z_2 \\ Z_2'X & Z_2'Z_1 & Z_2'Z_2 + \varphi \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z_1'y \\ Z_2'y \end{bmatrix}, \text{ donde } \lambda = \sigma_e^2 / \sigma_a^2 \text{ y } \varphi = \sigma_e^2 / \sigma_p^2$$

Por ultimo se presenta el modelo de efecto materno, el cual es muy importante para algunas características, especialmente aquellas medidas durante la fase predestete como es el crecimiento entre el nacimiento y el destete, el cual se define como en el caso anterior, pero por conveniencia cambiaremos el vector del efecto ambiental permanente, por m siendo. En este caso la matriz, tiene el mismo orden de Z_1 .

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z_1 & X'Z_2 \\ Z_1'X & Z_1'Z_1 + \alpha_{11}A^{-1} & Z_1'Z_2 + \alpha_{12}A^{-1} \\ Z_2'X & Z_2'Z_1 + \alpha_{12}A^{-1} & Z_2'Z_2 + \alpha_{22}A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{a} \\ \hat{m} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z_1'y \\ Z_2'y \end{bmatrix}$$

donde: $\begin{bmatrix} \alpha_{11} & \alpha_{12} \\ \alpha_{12} & \alpha_{11} \end{bmatrix} = G^{-1} \sigma_e^2$, $G = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 \end{bmatrix}$, σ_a^2 , es la variancia genética aditiva directa, σ_m^2 es la variancia genética aditiva materna y $\sigma_{a,m}$. Es la covarianza entre esos efectos.

OTROS MODELOS MIXTOS EN LA EVALUACIÓN DE MÉRITO GENÉTICO

Sin la intención de ser exhaustivo pero con el objetivo de dejar en los lectores la idea de que existen otros modelos que pueden ser utilizados en la estimación del mérito genético se nombrarán a continuación dos metodologías de análisis. La primera para características categóricas o umbrales y las segundas para características relacionadas con la longevidad funcional de los animales, donde al momento del análisis todavía permanecen animales en el rebaño y su longevidad funcional no es conocida con exactitud, esto es conocido como una observación censurada.

Características Categóricas

También llamadas discretas o umbrales, reúne a un grupo de características que tienen las propiedades y características numéricas de la distribución de los datos discretos. Aunque estas características se presumen están controladas por muchos genes, el fenotipo es discontinuo. Es por esto que para características como preñez o permanencia (stayability), entre otros, generalmente se asume una distribución discontinua del fenotipo y algún tipo de distribución continua del genotipo (generalmente normal). Este modelo permite relacionar la respuesta observada en la escala categórica con una variable continua subyacente.

La relación entre ambas escalas se establece mediante un umbral. Gianola y Foulley (1983) utilizando un desarrollo Bayesiano y Harville y Mee (1984) utilizando una aproximación de máxima verosimilitud restringida independientemente derivaron los métodos para el análisis de características categóricas y hoy en día existen programas computarizados que resuelven estos complejos problemas como lo son ASREML (Gilmour, 1985; Gilmour *et al.*, 1987) y MATVEC (Kachman, 1998, 2001a,b,c). El correspondiente modelo animal con efectos ambientales permanentes se aborda asumiendo distribuciones a priori normales multivariantes (Altarriba *et al.*, 1998).

En cuanto al análisis de sobrevivencia quizás la persona que más ha contribuido al desarrollo teórico y aplicado del tema sea el investigador francés del INRA Vincent Ducrocq. En 1987 adaptó toda la aplicación teórica del análisis de sobrevivencia al mejoramiento genético de bovinos lecheros (Ducrocq, 1987), detallando en forma clara la metodología de estimación (Ducrocq y Casella, 1996). En general, este tipo de análisis se utiliza para características medidas en unidades de longitud como la longevidad productiva medida en días, meses o años de vida productiva de un animal; éste análisis puede manejar observaciones donde se conoce la longevidad del animal con exactitud pero tiene la bondad de poder incorporar también las observaciones de animales que no han muerto o no han sido aún descartados (llamado observaciones censuradas).

El área del desarrollo de metodologías para la estimación del mérito genético es un área muy activa de investigación hoy en día tanto para las personas que trabajan en estadística como para aquellos dedicados al mejoramiento genético. En este sentido, el desarrollo de metodologías como los modelos mixtos, entre los que se pueden nombrar los que usan polinomios de diferentes grados (Lagrange el más común) y los que utilizan las curvas splines siguen siendo objeto de mucha revisión e investigación. Así mismo, modelos mixtos que incluyan información de marcadores moleculares (QTL), de manera de poder seleccionar tanto por la información del valor genético estimado, asumiendo la existencia de muchos genes y también para obtener un estimador simultáneo del valor genético del marcador molecular son áreas actuales de mucho interés en vista del desarrollo que ha tenido la genética molecular.

EJEMPLO DE EVALUACIÓN DE VACAS DOBLE PROPÓSITO

Es necesario insistir que en ganaderías doble propósito la base de cualquier programa de mejoramiento genético es la selección de hembras. Con el siguiente ejemplo se pretende evidenciar la necesidad de poner en marcha un programa sencillo de selección y descarte de vacas doble propósito. Este ya ha sido propuesto con anterioridad en detalle (Vaccaro, 1995). En el Cuadro 2 se presenta un ejemplo de clasificación de vacas doble propósito.

Cuadro 2
Ejemplo de evaluación genética de vacas en un rebaño comercial de doble propósito ordenadas de acuerdo a su mérito para producción de leche ajustada a 244 días (VGEP244) e intervalo entre partos (VGEIIEP)

Número	nP244	VGEP244	PP244	nIEP	VGEIIEP	PIEP	Orden
9191	8	193.85	0.65	7	-17.74	0.56	1
90235	7	126.78	0.64	6	-20.3	0.55	1
922	6	96.77	0.63	5	-9.48	0.53	1
9171	7	13.08	0.64	6	-19.44	0.55	1
9140	6	359.98	0.63	5	4.62	0.53	2
005	2	170.44	0.53	1	15.19	0.32	2
0030	2	141.95	0.53	1	5.14	0.32	2
0033	2	98.33	0.53	1	9.84	0.32	2
93149	8	-53.14	0.65	7	-16.38	0.56	3
93124	7	-114.12	0.64	6	-8.19	0.55	3
9162	9	-158.61	0.65	8	-26.53	0.58	3
92148	8	-174.46	0.65	7	-26.17	0.56	3
951	5	-168.88	0.62	4	13.56	0.50	4
9803	4	-200.27	0.60	3	2.97	0.46	4
9563	5	-210.18	0.62	4	1.92	0.50	4
95105	4	-221.09	0.60	4	14.91	0.50	4

VGEP244= Valor genético estimado para producción de leche ajustado a 244 días; nP244 = número de lactancias evaluadas; PP244= precisión asociada al valor genético estimado para P244; VGEIIEP= Valor genético estimado para intervalos entre partos; nIEP = número de intervalos entre partos evaluados; PIEP= precisión asociada al valor genético estimado IEP.

Los valores fueron estimado utilizando las formulas presentadas en la sección II del presente artículo, asumiendo un índice de herencia (h^2) de 0.10 y 0.25, y un índice de repetición (r) para Intervalo entre partos (IEP) y producción de leche ajustada a 244, respectivamente. El IEP se utilizó como un indicador del potencial reproductivo de la vaca, donde valores menores de IEP son mejores. Llama la atención las grandes diferencias que puede existir entre vacas que se encuentran en el mismo rebaño y manejada de la misma forma. Esto indica la gran oportunidad que tienen los ganaderos de doble propósito de realizar selección en sus rebaños.

El VGE para cada vaca representa el mejor estimado disponible hasta el momento de su mérito genético. En el caso de VGEP244 un valor positivo (+) y para IEP un valor negativo (-) indican valores genéticos deseables ya que al productor le interesa producir más leche y reducir el periodo entre un parto y otro. Vacas con estas características son las más deseables y están indicadas en el Cuadro 2 en la última columna con orden igual a uno.

Es importante resaltar que este grupo de vacas clasificadas como orden uno son valiosas y pueden ser consideradas futuras madres de toros. Vacas positivas (+) para VGEP244 y positivas (+) para VGEIEP son clasificadas como orden dos; vacas negativas (-) para VGEP244 y negativas (-) para VGEIEP son clasificadas como orden tres, y por último vacas negativas (-) para VGEP244 y positivas (+) para VGEIEP son clasificadas como orden cuatro. Las vacas con orden cuatro son inferiores para ambas características evaluadas y son las primeras candidatas para el descarte. Las otras candidatas a descarte dependerán del peso que le dé cada productor a la producción de leche y a la reproducción.

EJEMPLO DE EVALUACIÓN DE TOROS DOBLE PROPÓSITO

La evaluación de machos para producción de leche se basa en la información de sus parientes hembras, siendo el proceso muy similar al cálculo del VGE de las hembras, basándose en su madre y/o medio-hermanas y/o hijas. La dificultad de estimar el Valor Genético a través de las hijas viene dada por el relativamente largo período para obtener estos estimadores. Una recomendación inicial es la de utilizar toros jóvenes con VGE superior para producción de leche, estimado a través de la información de su madre y sus medio hermanas. Por supuesto, la precisión no será muy elevada pero se considera aceptable para arrancar el plan de mejoramiento genético. Posteriormente, con el avance en el desarrollo del hato se podrán realizar pruebas de progenie, con lo que la precisión aumentará a niveles altos. Con 15 hijas, la precisión se sitúa en cerca de 0,70 y con un número de 200, la precisión se acerca asintóticamente a la unidad. Mayores detalles sobre evaluación de machos cruzados han sido señalados en trabajo previo (Vaccaro, 1998).

En el Cuadro 3 se presenta un ejemplo de clasificación preliminar de toros utilizados en las ganaderías doble propósito de la zona de la Ceiba y Santa Isabel en el estado Trujillo. Los valores fueron estimados utilizando un modelo padre sin considerar las posibles relaciones de parentesco entre ellos solo con fines didácticos a objeto del presente artículo; se asumió al igual que para el caso de la evaluación de las hembras, un índice de herencia (h^2) de 0,10 y 0,25 y un índice de repetición (r) para

intervalo entre partos (IEP) y producción de leche ajustada a 244, respectivamente. El IEP se utilizó como un indicador del potencial reproductivo de las hijas de un reproductor, donde son mejores los valores menores de IEP.

Cuadro 3
Ejemplo de evaluación genética de toros en un rebaño comercial de doble propósito ordenados de acuerdo a su mérito para producción de leche ajustada a 244 días (VGEP244) e intervalo entre partos (VGEP244)

PADRE	Raza	VGEP244	nP244	PP244	VGEP244	nIEP	PREC
Toro 1	Bra	324.26	4	0.46	-8.11	3	0.32
Toro 2	Bra	269.43	5	0.50	-84.23	4	0.37
Toro 3	Bra	255.74	9	0.61	-78.16	7	0.46
Toro 4	HOL	232.74	12	0.67	-74.73	9	0.51
Toro 5	BRAHN50	224.29	3	0.41	-10.64	2	0.27
Toro 6	HOL	222.22	13	0.68	5.30	2	0.27
Toro 7	Bra	217.32	7	0.56	-34.503	6	0.44
Toro 8	BRAHN50	-132.22	20	0.76	105.14	15	0.61
Toro 9	BRAHN50	-137.81	9	0.61	-28.766	7	0.46
Toro 10	HOL	-187.24	3	0.41	24.5478	2	0.27
Toro 11	Bra	-197,00	15	0.71	434.58	13	0.58
Toro 12	Bra	-216.61	4	0.46	5.877	3	0.32
Toro 13	HOL	-234.85	3	0.41	22.6376	2	0.27
Toro 14	Bra	-253.52	9	0.62	37.7252	8	0.49
Toro 15	Bra	-317.91	4	0.46	-14.827	3	0.32
Toro 16	Bra	-417.64	11	0.65	-14.871	9	0.51

VGEP244= Valor genético estimado para producción de leche ajustado a 244 días; nP244 = número hijas con información para leche; PP244= precisión asociada al valor genético estimado para P244; VGEIEP= Valor genético estimado para intervalos entre partos; nIEP = número hijas con información para intervalos entre partos; PIEP= precisión asociada al valor genético estimado IEP.

Llama la atención las grandes diferencias que pueden existir entre toros que son utilizados en un mismo rebaño y manejado de la misma forma. Asimismo, llama la atención que existen toros puros (Cebu y Holstein) y cruzados que muestran un posible potencial genético, pero también los hay con un pobre potencial genético. El autor desea dejar claro que la clasificación presentada no es definitiva y que actualmente se investiga sobre el tema con el fin de en un futuro poder esclarecer la calidad genética de los toros que se han venido utilizando en las ganaderías doble propósito.

CONSIDERACIONES FINALES

La mejora genética del rebaño no constituye un evento aislado con respecto a otros factores como son la sanidad, alimentación, manejo del rebaño, entre otros. Esto implica que cualquier programa de mejoramiento genético debe ir acompañado de mejoras ambientales que permitan a los animales expresar la mayor parte de su potencial genético.

Existe un número importante de ganaderos que disponen de información que podría ser utilizada para la estimación del valor genético de vacas doble propósito, lo cual sería un avance extraordinario para el productor ya que le permitiría clasificar sus vacas por el mérito genético y la posible identificación de futuras madres de toros.

La utilización de métodos más avanzados de evaluación genética estará supeditada a los datos disponibles. La metodología ya existe, lo importante es organizar programas de mejora cooperativos en bovinos doble propósito. En este sentido, las asociaciones de productores organizados pueden jugar un papel primordial; de hecho ya existen ejemplos en Venezuela.

Con la utilización de estos métodos puede darse inicio a programas sencillos de evaluación de vacas y toros con el fin de dar apoyo a ganaderos que han desarrollado sus fincas en base a producción de forrajes.

LITERATURA CITADA

- Altarriba J, Varona L, García-Cortés LA, Moreno C. 1998. Bayesian inference of variance components for litter size in Rasa Aragonesa sheep *J Anim Sci* 76: 23-28.
- ALPA (Asociación Latinoamericana de Producción Animal). 1998. Normas de Evaluación Genética de Reproductores Bovinos de Leche y Doble Propósito en el trópico americano. ALPA Memoria 23 (Suplemento 1): 53-85.
- Bourdon RM. 1999. *Understanding Animal Breeding*. 2nd Edition. Prentice-Hall, Inc. Upper Saddle River, New Jersey, EEUU. 538 pp.
- Ducrocq VP. 1987. An analysis of length of productive life in dairy cattle. Ph.D. Thesis. Cornell University, Department of Animal Science, Ithaca, New York, USA.
- Ducrocq VP, Cassella G. 1996. A Bayesian analysis of mixed survival analysis. *Genet Selec Evol* 28:505-529.
- Gianola D, Foulley JL. 1983. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. *Genet Selec Evol* 15:401-423.
- Gilmour AR. 1985. The analysis of binomial data with threshold model. *Biometrika* 72:593-599.
- Gilmour AR, Anderson RD, Rae AL. 1987. Variance components on an underlying scale for ordered multiple threshold categorical data using a generalized linear mixed model. *J Anim Breed Genet* 104:149-155.
- Harville DA, Mee RW. 1984. A mixed model procedure for analyzing ordered categorical data. *Biometrics* 40:393-408.
- Henderson CR. 1949. Estimation of changes in herd environment. *J Dairy Sci* 32:706, (Resumen).

- Henderson CR, Kempthorne O, Searle SR, von Krosick CM. 1959. The estimation of environmental and genetics trend from records subject to culling. *Biometrics*, 15 (2): 192-218.
- Henderson CR. 1963. Selection Index and Expected Genetic Advance In: *Statistical Genetic and Plant Breeding NAS – NRC 982*.
- Kachman SD. 1998. Applications in survival analysis. *J Anim Sci* 77 (Supp2):147-153.
- Kachman SD. 2001a. Generalized linear mixed models. Short course. July 18-29, Iowa State University. <http://biometry.unl.edu/faculty/steve/GLMM/2001/>. Revisado Julio 15, 2007. 67 p.
- Kachman SD. 2001b. Genetic evaluation of livestock with generalized linear mixed model. Graybill Conference on Linear Models. <http://biometry.unl.edu/faculty/steve/slide/>. Revisado Julio 15, 2007. 18 p.
- Kachman SD. 2001c. Analysis of generalized linear mixed model with MATVEC. http://biometry.unl.edu/faculty/steve/glmm/glmm_ithaca.pdf Revisado Julio 15, 2007. 2001. 39 p.
- Vaccaro L. 1995. Bases para un programa de mejoramiento genético a nivel de finca. En: *Estrategias de Mejoramiento Genético en la Producción Bovina Tropical (Memorias)*, Medellín, Colombia. pp 57-64.
- Vaccaro R. 1988. Metodologías apropiadas en la evaluación del valor genético de animales en poblaciones cruzadas de doble propósito. *Ciencia y Tecnología de Venezuela* 5 (2): 73-82.
- Verde O. 1998. Estimación de valor genético para reproductores bovinos doble propósito. En: *Mejora de la Ganadería Mestiza de Doble Propósito*. C. González-Stagnaro, N. Madrid-Bury, E. Soto-Belloso (eds.) Edic Astro Data S.A. Maracaibo, Venezuela. Cap. V: 91-104.