

## CAPÍTULO V

### ESTIMACIÓN DE VALOR GENÉTICO PARA REPRODUCTORES BOVINOS DOBLE PROPÓSITO

- I. INTRODUCCIÓN
- II. EVALUACIÓN DIRECTA DE LA INFORMACIÓN ACUMULADA
- III. UTILIZACIÓN DE FACTORES DE AJUSTE
- IV. DESVIACIONES DEL PROMEDIO
- V. DIFERENCIA PREESTIMADA Y MAS PROBABLE HABILIDAD PRODUCTORA
- VI. CUADRADOS MÍNIMOS
- VII. CUADRADOS MÍNIMOS REGRESADOS
- VIII. MEJOR PREDICTOR LINEAL INSESGADO (BLUP)
- IX. MODELO ANIMAL
- X. MÁXIMA VERSIMILITUD RESTRINGIDA (REML) COMO MÉTODO PARA LA ESTIMACIÓN DE LOS COMPONENTES DE VARIANCIA
- XI. EJEMPLO
- XII. RECOMENDACIONES
- XIII. LITERATURA CITADA

## I. INTRODUCCIÓN

Toda explotación con ganado bovino destinado a doble propósito debe tener como objetivo maximizar su beneficio económico. Las principales fuentes de ingreso están representadas por la venta de leche producida, por la venta de animales para carne y por la venta de reproductores con genotipo superior para las principales características de interés económico: producción de leche y carne, eficiencia reproductiva y sobrevivencia de sus crías.

Los caracteres de importancia económica dependen de muchos factores: uno de origen genético, como el grupo racial, el padre o la madre, mientras que otros son de origen no genético como, por ejemplo, edad al parto, mes y año de parto, número de parto, sanidad, alimentación, manejo, etc. Esto hace que la selección de reproductores sobre la base de la evaluación genética sea algo complicada y dependa, en primera instancia, de ciertos requerimientos básicos. Entre estos requerimientos debemos mencionar la necesidad de llevar anotaciones de los eventos que suceden en la finca para, posteriormente, poder hacer una evaluación de los datos disponibles y, mediante metodologías apropiadas, estimar que animales tienen mayor capacidad genética para las características de interés y, por consiguiente, utilizarlos como reproductores en el rebaño de donde procede y/o poder ofrecer este material genético a otros productores interesados en mejorar sus rebaños.

En la actualidad existen una diversidad de programas computarizados para registrar los eventos que ocurren y para producir listas y reportes que facilitan el proceso de control de la explotación. Los datos a ser suministrados al sistema de control computarizado deben ser lo más ajustados posible a la realidad pues cualquier error que se cometa en este proceso podrá ser causante de evaluaciones incorrectas de los animales, de grupos o de lotes del rebaño. Sin embargo, la limitación observada en un elevado número de casos está dada por la no utilización de los datos almacenados en el sistema computarizado para la selección de reproductores jóvenes, la eliminación de reproductores adultos y la organización de futuros apareamientos sobre la base de la evaluación genético-estadística de los animales del rebaño para los caracteres productivos de importancia. La experiencia señala que la aplicación de estas evaluaciones produce un impacto importante y constituye la vía apropiada para lograr un sostenido progreso genético, por lo que su no utilización implica una disminución en los beneficios que se pudieran obtener en la finca.

Por otro lado, en publicaciones previas se han discutido los caracteres a considerar y su medición, planteándose la posibilidad de evaluar caracteres en forma individual (producción de leche por lactancia, peso del becerro, intervalo entre partos) o a través de un índice que los considere en forma simul-

tanea como pudiera ser la producción de leche y carne por día de intervalo entre partos [12].

El objetivo fundamental del presente artículo es presentar algunas metodologías que permitan evaluar los datos acumulados en la explotación con la finalidad de detectar genotipos superiores para las características de importancia económica. Se pasará de metodologías muy fáciles de aplicar a algunas más complicadas y, mediante un ejemplo sencillo, se realizará una comparación de los resultados obtenidos, detallándose sus ventajas y desventajas.

## II. EVALUACIÓN DIRECTA DE LA INFORMACIÓN ACUMULADA

Una primera aproximación para la evaluación de los datos disponibles está dada por la obtención de promedios para el carácter o los caracteres en consideración. Así, si se está evaluando un conjunto de toros y se dispone de información de la producción de leche de sus hijas, se calcula el promedio para cada reproductor y se podrá realizar una comparación para el grupo de toros en estudio.

Esta primera aproximación adolece de algunas fallas importantes: no toma en cuenta el año ni el mes de inicio de la lactancia, no toma en cuenta el número de parto de la vaca que produce una lactancia, como tampoco considera el número de lactancias evaluadas para cada reproductor ni toma en consideración el posible efecto de finca si las lactancias en evaluación proceden de vacas ubicadas en diferentes hatos.

## III. UTILIZACIÓN DE FACTORES DE AJUSTE

Con la finalidad de producir evaluaciones más precisas, se puede intentar ajustar el valor medido mediante la utilización de factores de corrección para efectos tales como año, mes y número de parto. Estos factores de corrección pudieran obtenerse de las desviaciones o diferencias entre el promedio de cada nivel respecto al promedio global, que luego serán restados algebraicamente al valor medido originalmente. Con estos valores ajustados se procederá a realizar la comparación de promedios para los reproductores en estudio.

Una importante limitación en esta metodología está dada por la obtención de factores de ajuste en forma independiente para cada factor. Así, por ejemplo, en la estimación del factor de ajuste para mes de parto no se conside-

ra el comportamiento diferencial del número de parto de las vacas que parieron, por lo que los factores de ajuste utilizados no reflejan exactamente el efecto de cada uno de los niveles para cada factor en consideración.

#### IV. DESVIACIONES DEL PROMEDIO

Una alternativa sugerida para la evaluación de los caracteres vino dada por la expresión de cada valor medido como desviación del promedio de un grupo denominado como CONTEMPORANEO. Así, por ejemplo, se puede dividir el año en dos épocas de seis meses de duración cada una y agrupar los partos en tres categorías: vacas de primer parto, vacas de dos a cuatro partos y vacas de más de cuatro partos, considerando como un grupo de contemporáneos los animales que paren en una cierta época de un año y pertenecen a una cierta categoría de partos. Obtenidas las desviaciones para cada valor real observado, se procede a calcular los promedios de desviaciones para los animales en evaluación. Esta metodología corrige gran parte de lo señalado en el punto III, dejando sin considerar el efecto del número de lactancias en evaluación por reproductor.

#### V. DIFERENCIA PREESTIMADA Y MÁS PROBABLE HABILIDAD PRODUCTORA

Con el objetivo de producir evaluaciones más precisas y obtener estimados de valor genético de los reproductores, se planteó la posibilidad de calcular la denominada DIFERENCIA PREESTIMADA para los toros (DP) y MÁS PROBABLE HABILIDAD PRODUCTORA para las vacas (MPHP). El cálculo de estos estimadores se realiza mediante las formulas:

$$DP = \frac{2n \cdot h^2}{4 + (n-1) \cdot h^2} \overline{(X_i - C)} \quad MPHP = \frac{n \cdot r}{1 + (n-1) \cdot r} \overline{(X_i - C)}$$

donde: n es el número de registros de un reproductor,  $h^2$  es el índice de herencia, r es el índice de repetición,  $X_i$  es cada valor individual observado para las hijas de un toro o los valores observados para una vaca, C es el promedio del grupo contemporáneo y la barra sobre la expresión  $(X_i - C)$  indica que se deben promediar las desviaciones para el grupo de observaciones de un reproductor.

En las fórmulas planteadas se observa la incorporación del número de lactancias para cada reproductor, además de expresar el valor medido como desviación del promedio de contemporáneas. Por otro lado, al tomar en cuenta la heredabilidad y repetibilidad del carácter, produce una información que refleja la superioridad o inferioridad de las hijas de un toro con respecto al promedio de la población. En otras palabras, refleja la mitad del valor genético aditivo del toro para el carácter en estudio.

Entre las limitaciones que se pueden señalar a los estimados presentados se tiene que se requiere de estimados de índice de herencia y de índice de repetición para el carácter en estudio, los cuales, generalmente, no están disponibles para la población de donde proceden los datos evaluados, por lo que se recurre a la utilización de valores reportados para otras poblaciones.

## VI. CUADRADOS MÍNIMOS

Con el vertiginoso crecimiento de la cibernética y de la informática, se logró la incorporación de una metodología estadística de gran utilidad, como lo es la de los Cuadrados Mínimos, en la estimación de valores genéticos de los reproductores. Así, gracias a la creación de computadores con procesadores de alta velocidad y con gran capacidad de memoria, se logró desarrollar programas computarizados que permitieron la resolución de sistemas de ecuaciones de elevado número de incógnitas. Harvey [6] presentó un programa que, mediante la metodología de los Cuadrados Mínimos, logra obtener estimados de los efectos que se incluyan en un modelo estadístico de análisis, por lo que se pudo calcular estimados de Valores Genéticos para un grupo de toros en evaluación, previo ajuste para una serie de factores que afectan el carácter (por ejemplo: año, mes y número de parto, interacciones). Posteriormente incorpora una subrutina para la obtención de estimados de valor genético, mediante el proceso de absorción, para un número elevado de categorías, lo que permite obtener estimados para las vacas del rebaño.

Esta metodología, la de los Cuadrados Mínimos, que se basa en la minimización de las sumas de cuadrados de las desviaciones de los valores observados de  $Y$  en relación a los valores predichos apoyada en el modelo en consideración, ha sido ampliamente utilizada por los investigadores en el área de la producción animal para evaluar variables respuesta. Varias ventajas están a su favor: la disponibilidad de programas estadísticos para la realización de análisis aplicando una amplia variedad de modelos fijos, aleatorios o mixtos; la posibilidad de obtener estimados de componentes de variancia; la rapidez de ejecución del proceso pero, sobre todo esto, la posibilidad de disponer de la constante y del promedio ajustado para cada nivel de variable incluida en el

modelo estadístico. Esto permite detectar los niveles de cada efecto que son favorables en su respuesta para el carácter en estudio y cuales no, así como determinar cuales efectos influyen en mayor magnitud a la explicación de la variable analizada. Por otro lado, los estimados de componentes de variancia y parámetros genéticos son de amplia utilidad en el desarrollo de programas de mejoramiento sostenido de la producción en un rebaño.

Los detalles del proceso matemático han sido presentados en numerosos textos y trabajos de investigación. Pudieran ser resumidos en la siguiente forma:

Se tiene un modelo lineal  $\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{B} + \mathbf{e}$  y  $\text{Var}(\mathbf{e}) = \mathbf{V}^2$  en lugar de  $\mathbf{I}\sigma^2$

Las ecuaciones mínimo cuadráticas son:

$$\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}\mathbf{B} = \mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y} \quad \text{y}$$

$$\mathbf{B} = (\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y}$$

donde  $(\mathbf{X}'\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X})^{-1}$  es una inversa generalizada

Sin embargo, si se reparametriza el modelo para escoger un conjunto de funciones estimables deseadas, el modelo operativo será:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{L}\mathbf{M}\mathbf{B} + \mathbf{e}$$

donde  $\mathbf{M}$  define el conjunto de funciones estimables y  $\mathbf{L}$  es una inversa de  $\mathbf{M}$ .

Si se reemplaza  $\mathbf{X}\mathbf{L}$  por  $\mathbf{X}_R$  y  $\mathbf{M}\mathbf{B}$  por  $\mathbf{B}$ , entonces las ecuaciones mínimo cuadráticas serán

$$\mathbf{X}'_R\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}_R\mathbf{B} = \mathbf{X}'_R\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y}$$

y entonces

$$\mathbf{B} = [\mathbf{X}'_R\mathbf{V}^{-1}\mathbf{X}_R]^{-1}\mathbf{X}'_R\mathbf{V}^{-1}\mathbf{y}$$

## VII. CUADRADOS MÍNIMOS REGRESADOS

La metodología de los Cuadrados Mínimos constituyó un gran avance en la estimación del valor genético de los reproductores. Sin embargo, presenta una importante limitación en atención a que el efecto del reproductor se asume que es de completa repetibilidad, es decir, que cada descendiente refleja exactamente la capacidad genética del padre, cuando en realidad lo que se tiene es una muestra aleatoria de su capacidad genética. En otras palabras, se tiene una incompleta repetibilidad para el carácter, lo que no es tomado en consideración en la evaluación por medio de los Cuadrados Mínimos ordinarios.

Un refinamiento planteado por Harvey [7], con la finalidad de tratar de obviar o minimizar lo antes señalado, fue el denominado Cuadrados Mínimos Regresados, que consistió en ajustar el estimado del efecto del toro por el factor  $\sigma^2_s/(\sigma^2_s + \sigma^2_e/W)$ , donde  $W$  es el número efectivo de registros del toro.

## VIII. MEJOR PREDICTOR LINEAL INSESGADO (BLUP)

Una alternativa diferente para resolver el problema de la incompleta repetibilidad arriba planteada en la predicción de los rendimientos de futuras progenies de toros, lo constituyó la metodología denominada como Mejor Predictor Lineal Insesgado (BLUP). Para ello se parte de la división de los efectos en fijos y aleatorios, considerándose el efecto de los reproductores como aleatorios y con incompleta repetibilidad [8].

Se considera un modelo general  $\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{Wp} + \mathbf{e}$  donde  $\mathbf{y}$  es el vector de observaciones;  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  y  $\mathbf{W}$  son matrices conocidas de diseño,  $\mathbf{b}$  es el vector de efectos fijos no conocidos;  $\mathbf{u}$ ,  $\mathbf{p}$  y  $\mathbf{e}$  son vectores aleatorios no observables correspondientes a los efectos de padre, madre y residual, con  $E(\mathbf{u}) = \phi$ ,  $\text{Var}(\mathbf{u}) = \mathbf{G}\sigma_u^2$ ,  $E(\mathbf{p}) = \phi$ ,  $\text{Var}(\mathbf{p}) = \mathbf{I}\phi_p^2$ ,  $E(\mathbf{e}) = \phi$ ,  $\text{Var}(\mathbf{e}) = \mathbf{I}\phi_e^2$ . Se asume que las variables  $\mathbf{u}$ ,  $\mathbf{p}$  y  $\mathbf{e}$  no están correlacionadas.

Las ecuaciones BLUP serán:

$$\begin{array}{ccc|ccc} \mathbf{X}'\mathbf{X} & \mathbf{X}'\mathbf{Z} & \mathbf{X}'\mathbf{W} & \hat{\mathbf{b}} & \mathbf{X}'\mathbf{y} \\ \mathbf{Z}'\mathbf{X} & \mathbf{Z}'\mathbf{Z} + \mathbf{G}^{-1}\alpha & \mathbf{Z}'\mathbf{W} & \hat{\mathbf{u}} & \mathbf{Z}'\mathbf{y} \\ \mathbf{W}'\mathbf{X} & \mathbf{W}'\mathbf{Z} & \mathbf{W}'\mathbf{W} + \mathbf{Y}\gamma & \hat{\mathbf{p}} & \mathbf{W}'\mathbf{y} \end{array}$$

donde  $\alpha$  es  $\sigma_u^2 / \sigma_e^2$  y  $\gamma$  es  $\phi_p^2 / \phi_e^2$  y  $\mathbf{G}$  es la matriz de parentescos entre toros.

La solución del sistema de ecuaciones planteado requiere de gran capacidad de memoria de proceso y hasta hace relativamente poco tiempo constituyó una severa limitación en la aplicabilidad práctica de esta metodología. Otro punto importante de destacar es que se requiere de estimados insesgados de componentes de variancia para la población que se está evaluando, lo que plantea una inquietud adicional: que metodología utilizar para obtener estimados apropiados de los componentes de variancia que se requieren para las evaluaciones?.

## IX. MODELO ANIMAL

Los avances en la disponibilidad de memoria para proceso en los equipos computarizados permitió incluir mayor cantidad de elementos en el sistema

de ecuaciones, lo que, a su vez, favoreció la incorporación de mayor cantidad de individuos en la predicción de sus capacidades genéticas. Esto facilitó la puesta en práctica de la estructuración de un modelo de análisis más completo, el denominado MODELO ANIMAL, que incluye no solo a los progenitores sino que también permite incluir, en la metodología de los modelos mixtos, los individuos jóvenes del rebaño que, inclusive, aún no hubiesen tenido oportunidad de manifestar su expresión para el carácter en evaluación. Es a través de la matriz de parentescos, como se logra producir un estimado de valor genético para cada individuo incluido en el análisis, tenga o no un valor medido.

La notación matricial para el establecimiento de las ecuaciones de modelos mixtos para el Modelo Animal son muy parecidas a las señaladas para las estimaciones BLUP, ya que también en este caso se obtienen predictores utilizando idéntica metodología estadística.

El MODELO ANIMAL tiene varias ventajas:

1. Ajusta para los efectos fijos que se considera pueden influir en la variación del carácter en estudio (año, mes, edad, número de parto).
2. No solo evalúa genéticamente los toros sino también los vientres y los animales jóvenes del rebaño.
3. Las relaciones de parentesco completas entre todos los animales del rebaño son utilizadas para la predicción de los valores genéticos.
4. No requiere apareamiento aleatorio entre toros y vacas, pues los vientres son incluidos en el modelo de análisis y, por lo tanto, se ajusta para el diferente mérito genético que puedan tener las diferentes hembras del rebaño.
5. El Modelo Animal permite obtener estimados de efectos directos y maternos.
6. La metodología permite evaluar simultáneamente más de un carácter, por lo que se podrá obtener estimados de valor genético para un carácter, ajustando para las correlaciones genéticas con los otros caracteres evaluados en forma simultánea.

## X. MÁXIMA VEROSIMILITUD RESTRINGIDA (REML) COMO MÉTODO PARA LA ESTIMACIÓN DE LOS COMPONENTES DE VARIANCIA

En el punto IX del presente artículo se hizo referencia a la necesidad de disponer de estimados de variancia apropiados para su incorporación en la obtención de las soluciones para los efectos fijos y aleatorios de los modelos mixtos. En este aspecto también se han realizado grandes avances. Así, se ha



desarrollado el método conocido como MÁXIMA VEROSIMILITUD RESTRINGIDA (REML), que maximiza la parte de la función de Verosimilitud asociada con los efectos aleatorios luego de ajustar para los estimados de los efectos fijos.

La función de Verosimilitud a maximizar viene dada por la expresión

$$\Lambda = -.5[(n-p)\log(2\pi) + \log |\mathbf{R}| + \log |\mathbf{G}| + \log |\mathbf{C}| + \mathbf{y}'\mathbf{P}\mathbf{y}]$$

donde  $\mathbf{G}$  es  $\mathbf{V}(u)$ ,  $\mathbf{R}$  es  $\mathbf{V}(e)$ ,  $\mathbf{C}$  es la matriz de coeficientes para las ecuaciones de modelos mixtos y  $\mathbf{y}'\mathbf{P}\mathbf{y}$  es la suma de cuadrados residual.

Los métodos de obtención de estimados de  $\mathbf{G}$  y  $\mathbf{R}$  involucraban la obtención de derivadas de  $\Lambda$  con respecto a las variancias y covariancias en  $\mathbf{G}$  y  $\mathbf{R}$ , las cuales no son lineales y requieren de la realización de iteraciones no lineales.

Se sugirió la posibilidad de no tomar derivadas [5, 11] y se desarrolló el método denominado Máxima Verosimilitud Restringida Sin Derivación (DFREML) para la maximización de la función de verosimilitud. El método propuesto consiste en incorporar o substituir en las ecuaciones los valores a estimar hasta que se obtenga el máximo.

Posteriormente, se consideró más fácil de visualizar, en vez de la maximización de  $\Lambda$ , la minimización de

$$-2\Lambda = \text{constante} + \log |\mathbf{R}| + \log |\mathbf{G}| + \log |\mathbf{C}| + \mathbf{y}'\mathbf{P}\mathbf{y}$$

Para la evaluación de las partes más complicadas de la función se propuso, inicialmente, la estrategia basada en la eliminación de Gauss. Sin embargo, otras metodologías han sido probadas, con resultados halagadores: el método Simplex de Nelder y Mead [9]; la incorporación de la factorización de Choleski [2, 3, 4] y el método de Powell [10].

La Universidad de Nebraska, USA [1] ha desarrollado un conjunto de programas para la obtención de estimados de variancia y covariancia para modelos mixtos incluyendo la obtención de estimados de valores genéticos por el modelo animal para varios caracteres. La estrategia metodológica utilizada para la solución de las ecuaciones máximo verosímiles incluye la factorización de Choleski y el método Simplex. Su contribución a la evaluación de datos en el campo de la producción animal y para características binomiales o continuas ha sido de primordial importancia.

## XI. EJEMPLO

Se dispuso de 930 registros de producción de leche de una finca, procedentes de 267 vacas hijas de 18 toros, con un máximo de siete lactancias por vaca e iniciadas en los años 1989 a 1996 inclusive. El objetivo fundamental del desarrollo del ejemplo es mostrar los resultados obtenidos en la evalua-



## CUADRO 2. CORRELACIONES ENTRE LOS ESTIMADOS DE VALOR GENÉTICO Y ENTRE ORDENAMIENTOS

### Correlaciones entre estimados de valor genético

	MA	BLUP	CMR	CM	DP	DESV	PLAJ
BLUP	0.984						
CMR	0.983	0.999					
CM	0.976	0.991	0.993				
DP	0.930	0.961	0.958	0.933			
DESV	0.872	0.914	0.910	0.887	0.984		
PLAJ	0.957	0.970	0.974	0.975	0.944	0.911	
PL	0.814	0.801	0.814	0.852	0.635	0.556	0.800

### Correlaciones entre ordenamientos

	MA	BLUP	CMR	CM	DP	DESV	PLAJ
BLUP	0.975						
CMR	0.981	0.998					
CM	0.984	0.994	0.998				
DP	0.854	0.905	0.893	0.872			
DESV	0.833	0.895	0.882	0.860	0.990		
PLAJ	0.911	0.922	0.932	0.940	0.833	0.829	
PL	0.856	0.816	0.841	0.862	0.614	0.598	0.882

tos sin ajuste (PL) y las desviaciones del promedio de las contemporáneas (DESV) presentan las mayores discrepancias; luego están los métodos de la diferencia preestimada (DP) y producción de leche ajustada (PLAJ), mientras que los tres restantes: cuadrados mínimos regresados (CMR), cuadrados mínimos ordinarios (CM) y mejor predictor lineal insesgado (BLUP) muestran una alta correlación con los valores y ordenamientos del Modelo Animal (MA). En la revisión de los ordenamientos de este último grupo y el producido por MA, se observa que la clasificación de los tres mejores toros es similar, así como la ubicación de los dos peores, lo que pudiera ser indicador de que las evaluaciones por Mejor Predictor Lineal Insesgado sin llegar al Modelo Animal o por medio de los Cuadrados Mínimos aportan valiosa información en la discriminación de reproductores de alto o bajo valor genético para la característica en consideración.

## XII. RECOMENDACIONES

Sobre la base de los planteado y de los resultados obtenidos en el presente trabajo, se considera pertinente promocionar algunas ideas que posiblemente sean de utilidad para los ganaderos, dependiendo del grado de avance en el programa de control y evaluación genética que se tenga en la finca.

1. Para una finca con un programa genético definido pero que no disponga de un programa para el control computarizado de sus datos, le sugerimos que adquiera un sistema que le permita registrar los eventos y producir listas y reportes para la toma de decisiones oportunas. Si dispone de información histórica, incorpore esta información al sistema y realice un análisis genético-estadístico para evaluar los diferentes efectos que afectan los caracteres de importancia económica y obtener estimaciones de los valores genéticos de los reproductores utilizados hasta el presente.
2. Para una finca con un programa genético definido y con control computarizado de sus datos, le sugerimos realizar el análisis genético-estadístico para evaluar los diferentes efectos que afectan los caracteres de importancia económica, obtener estimaciones de los valores genéticos de los reproductores utilizados, estimar los valores genéticos de los futuros reemplazos, evaluar el progreso fenotípico, genético y ambiental que se pudiera haber producido con el tiempo y para establecer un programa rutinario anual para sus evaluaciones genéticas.
3. Para fincas integradas en programas cooperativos de producción de reproductores jóvenes y de semen de alto valor genético, se deben ejecutar programas comunes de manejo, sanidad, pastos, inseminación artificial, etc., utilizar un programa computarizado común para el control de la producción y creación de bases de datos para los análisis y recurrir a las más modernas técnicas de evaluación genético-estadística para la determinación de los valores genéticos de los animales. Esta opción de integración en cooperativas tiene limitaciones pero también tiene grandes ventajas. Por un lado, es cierto que los ganaderos deben ajustarse a un plan común pero también es cierto que, trabajando con una población mayor, se puede maximizar la utilización de los recursos genéticos y producir mejores reproductores.
4. La metodología genético-estadística a utilizar para la estimación del valor genético de los reproductores dependerá del grado de exactitud que se desee tener en la evaluación; sin embargo, los resultados presentados en este trabajo, así como los obtenidos en otros trabajos en ganado bovino de carne y ganado porcino, tienden a señalar que, con la posible excepción de aquellas fincas o cooperativas que tengan den-

tro de sus objetivos fundamentales producir genotipos de alto valor, las evaluaciones por cuadrados mínimos y mejor predictor lineal insesgado sin el modelo animal también proporcionan excelente información para la escogencia de reproductores. Además se debe tener presente que la metodología del Modelo Animal produce estimaciones de valor genético para los jóvenes animales del rebaño, lo que permite realizar mayor presión en la selección.

### XIII. LITERATURA CITADA

- [1] Boldman, K. G.; Kriese, L. A.; Van Vleck, D.; Van Tassell, C.P.; Kachman, S.D. A Manual for Use of MTDFREML. A Set of Programs To Obtain Estimates of Variances and Covariances. U.S. Department of Agriculture. Agricultural Research Service. 114 pp. (DRAFT). 1995.
- [2] Chu, E.; George, A.; Liu, J.; Ng, E. SPARSPAK. Waterloo sparse matrix package user's guide for SPARSPAK-A. CS-84-36, Dep. Computer Sci., Univ. Waterloo, Waterloo, ON, Canada. 1984.
- [3] George, A.; Liu, J.; Ng, E. User guide for SPARSPAK: Waterloo sparse linear equations package. CS-78-30, Dept. Computer Sci., Univ. Waterloo, ON, Canada. 1980.
- [4] George, A.; Ng, E. A new release of SPARSPAK: The Waterloo sparse matrix package. Mimeo, Dept. Computer Sci., Univ. Waterloo, Waterloo, ON, Canada. 1984.
- [5] Graser, H. U.; Smith, S.P.; Tier, B. A derivative-free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. *J. Anim. Sci.* 64:1362-1370. 1987.
- [6] Harvey, W. R. Least-squares analysis of data with unequal subclass numbers. USDA. ARS 20-8. 1960.
- [7] Harvey, W. R. Accuracy of simplified regressed least squares (SRLS) vs BLUP method for ranking sires. *Indian J. Animal Genet. and Breed.* 1: 7-19. 1979.
- [8] Henderson, C. R. Comparison of alternative sire evaluation methods. *J. Anim. Sci.* 41: 760. 1975.
- [9] Nelder, J. A.; Mead, R. A simplex method for function minimization. *Computer J.* 7: 308. 1965.
- [10] Powell, M. J. D. An efficient method for finding the minimum of a function of several variables without calculating derivatives. *Computer J.* 7: 155. 1964.
- [11] Smith, S. P.; Graser, H.U. Estimating variance components in a class of mixed models by restricted maximum likelihood. *J. Dairy Sci.* 69: 1156-1165. 1986.
- [12] Verde, O.; Vaccaro, J.; Vaccaro, R. Caracteres a considerar en un programa de selección en ganado de doble propósito. En: *Ganadería Mestiza de Doble Propósito*. C. González-Stagnaro (ed.). Cap. III: 56-65. Edic. Astro-Data S. A. Maracaibo, Venezuela. 1992.