

Componentes de covarianza del crecimiento posdestete en novillas Santa Gertrudis mediante Modelos de Regresión Aleatoria

Yeiner Morales Medina¹, Danilo Guerra Iglesias²⁽⁺⁾, Dianelys González-Peña²,
Manuel Rodríguez Castro², Marco Antonio Suárez Tronco³.

¹Universidad de Granma, carretera a Manzanillo Km 17 ½ Peralejo, Bayamo, Granma, Cuba

²Centro de Investigaciones para el Mejoramiento Animal de la Ganadería Tropical, Ave. 101, Loma de Tierra, Cotorro, La Habana, Cuba.

³Universidad Agraria de la Habana, Apartado Postal 1819, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba. Correo electrónico: marco@isch.edu.cu

RESUMEN

Con el objetivo de estimar los componentes de covarianza y parámetros genéticos del crecimiento desde el destete hasta los 900 días en novillas Santa Gertrudis mediante un modelo de regresión aleatoria (MRA) utilizando polinomios de Legendre para el efecto aditivo, materno y del ambiente permanente se analizó una muestra conformada por 5.709 pesajes de 1.903 novillas, cada una con tres pesajes: al destete, al año y a la incorporación a la reproducción. Los resultados indicaron un incremento de la varianza aditiva y del ambiente permanente a través de la trayectoria y un decrecimiento de la varianza debida a los efectos maternos. La tendencia de la heredabilidad para los efectos directos fue a decrecer desde 0,08 al destete hasta aproximadamente los 280 días de edad donde alcanzó valores de 0,04 y a partir de ahí se incrementó hasta 0,20 a los 900 días. Los efectos del ambiente permanente fueron totalmente opuestos a la heredabilidad para los efectos directos. La heredabilidad para los efectos maternos decreció desde un valor de 0,10 al destete hasta 0 al final de la trayectoria. Las correlaciones genéticas fueron negativas entre los pesajes más distantes, sin embargo fueron altas y positivas entre pesajes consecutivos y con valores superiores a 0,85 a partir de los 400 días, por lo que la selección a partir de este punto de la trayectoria podría tener un efecto positivo sobre el peso a edades posteriores.

Palabras clave: Santa Gertrudis, regresión aleatoria, componentes de varianza, crecimiento posdestete.

Components of covariance postweaning growth in Santa Gertrudis heifers by Random Regression Models

ABSTRACT

We obtained estimates of the components of covariance and genetic parameters of growing since the weaning until the 900 days in Santa Gertrudis heifers by means of a random regression model using Legendre polynomials for the additive effect, maternal and the permanent environment. The sample was conformed by 5.709 weighing of 1.903 heifers, each one with three weighing, in the weaning period, in the first year and when were incorporated to reproduction. Results indicated an enhancement of the additive variance and the permanent environment trough out the path, and a decline of the variance because of the maternal effects. The tendency of the heritability for the direct effects was a declining from 0.08 in the weaning period until 280 days of birth approximately where it reached values about 0.04 and from this point it raised until 0.20 to the 900 days of birth. Effects of the permanent environment were totally opposite to the heritability for the direct effects. The heritability for the maternal ones decreased since 0.10 in the weaning period to zero at the final of the path. The genetic correlations were negatives among the weighing more distant, however, were high and positive among the consecutive weighing and with

superior values to 0.85 since the 400 days of birth, that's why selection from this point of the path would be a positive effect over the height in posterior ages.

Key words: Santa Gertrudis, random regressions, genetic parameters, growth posweaning.

INTRODUCCIÓN

Los rasgos que pueden ser medidos en varias edades durante la vida son conocidos como rasgos de trayectoria o longitudinales y algunos ejemplos son: el peso corporal, el largo y altura del cuerpo, el consumo de alimento, la deposición de grasa, el intervalo entre partos y el tamaño de la camada. Según Schaeffer (1999) desde el punto de vista biológico pueden existir diferentes genes que se activen o desactiven a medida que el animal envejece causando cambios en su comportamiento. Mrode y Kennedy (1998) dieron evidencias de estos cambios en el comportamiento animal con la edad.

Las funciones de covarianzas (FC) y los modelos de regresión aleatoria (MRA) han sido propuestos como alternativas para modelar rasgos que son medidos repetidamente en la vida del animal (Kirkpatrick *et al.*, 1990). Los MRA estiman los valores genéticos en cualquier punto de la curva de crecimiento, en contraste a los modelos multi-carácter, los cuales los estiman solamente para aquellos puntos donde ha sido medido el carácter. La principal implicación práctica de los MRA es la posibilidad de cambiar la forma de la curva de crecimiento a través de la selección, es decir, seleccionar para crecimiento y edad a la madurez sin cambiar el peso a la edad adulta. Entre otras aplicaciones, también se pueden estimar los componentes de covarianza y los valores genéticos en cualquier edad o función de esta aún cuando los animales no hayan sido medidos.

Hasta la fecha los MRA han sido utilizados fundamentalmente en ganado de leche usando el día de control (Jamrozik y Schaeffer, 1997; van der Werf *et al.*, 1998) y de carne (Albuquerque y Meyer, 2001; Nobre *et al.*, 2003). La aplicación de estos al mejoramiento animal en Cuba aún no se han llevado a cabo y sólo se han publicado los trabajos de Menéndez y Caunedo (2005), González-Peña (2006) y González-Peña *et al.* (2007) en el día de control de la producción de leche en vacas Siboney, Menéndez *et al.* (2006) en machos Cebú en prueba de comportamiento en pastos y Guerra *et al.* (2009) en el periodo de servicio

en ganado Santa Gertrudis. El objetivo principal del presente trabajo es estimar los componentes de covarianza en caracteres de crecimiento en hembras Santa Gertrudis desde el destete hasta los 900 días de edad utilizando un modelo de regresión aleatoria con polinomios de Legendre.

MATERIALES Y MÉTODOS

Los datos fueron colectados del sistema de control individual de la población de ganado Santa Gertrudis ubicado en la Isla de Turiguanó al norte de la provincia de Ciego de Ávila en Cuba. El sistema de alimentación estuvo basado en pastos con sales minerales a libre demanda. Las crías permanecieron con sus madres hasta los 7 meses de edad en que ocurrió el destete y posteriormente llevadas a un centro de desarrollo hasta su gestación mediante la inseminación artificial.

La muestra estuvo conformada por 5.709 pesajes correspondientes a 1.903 novillas que se les controló el peso corporal a los 7 meses (PD), al año (PA) y a la incorporación a la reproducción (PI) con más de 300 kg y con una edad variable. Estos animales fueron hijas de 54 padres y 1.593 madres. El número total de animales en el pedigrí fue de 3.806, pero después de la eliminación automática de los animales innecesarios en el pedigrí por el programa utilizado, quedaron solamente 2.843 que representó el 74.7%. En la Figura 1, se muestra el número de observaciones y el peso correspondiente a intervalos de clase de 10 días durante la trayectoria del crecimiento desde el destete hasta los 900 días de edad y donde se puede observar que los datos se agrupan alrededor del peso al destete y al año de edad. Sin embargo, la edad en que alcanzan PI a los 300 kg es bastante variable.

Análisis preliminares fueron realizados para determinar los efectos fijos que influyen sobre el peso y encontrar el mejor orden de ajuste para la regresión de efectos fijos que modela la trayectoria poblacional, que resultó de segundo orden y fue considerado en todos los análisis. También en corrida previa se determinó no incluir el efecto del ambiente permanente materno por carecer de importancia. Para el análisis de los datos se utilizó un modelo de regresión aleatoria

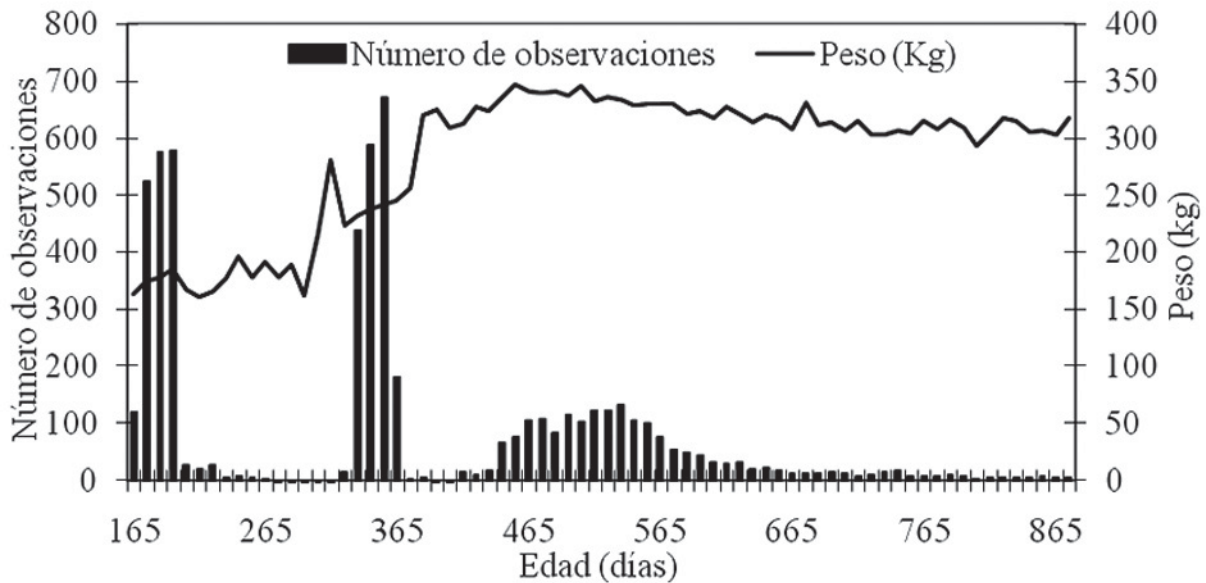


Figura 1. Número de observaciones y tendencia fenotípica del peso según la edad.

mediante la utilización del programa ‘WOMBAT’ de Meyer (2006) según el siguiente modelo matemático:

$$y_{ij} = \mathbf{G}_{ij} + \sum_{m=0}^2 \beta_m \phi_m(t_j^*) + \sum_{m=0}^1 \alpha_m \phi_m(t_j^*) + \sum_{m=0}^1 \gamma_m \phi_m(t_j^*) + \sum_{m=0}^1 \delta_m \phi_m(t_j^*) + \varepsilon_{ij}$$

donde y_{ij} representa el j -ésimo registro del i -ésimo animal tomado en el tiempo (edad) t , \mathbf{G}_{ij} representa los efectos fijos (grupo de contemporáneos rebaño-año-cuatrimestre de nacimiento). β_m es el coeficiente de regresión fijo para modelar la media poblacional; α_m , γ_m y δ_m son los m -ésimos coeficientes de regresión aleatoria para los efectos genético aditivo directo, genético aditivos maternos y del ambiente permanente directo, respectivamente. ϕ_m es el m -ésimo polinomio de Legendre, ε_{ij} es el efecto del error aleatorio temporal y t_j^* es la j -ésima edad del i -ésimo individuo estandarizada ($-1 < t < +1$), según la fórmula: $t_j^* = 2 \frac{t_j - t_{\min}}{t_{\max} - t_{\min}} - 1$ donde t_{\min} es la edad mínima, que en este caso fue de 160 días y t_{\max} la edad máxima que resultó de 900 días.

En forma matricial el modelo se puede expresar como: $\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}_1\boldsymbol{\alpha} + \mathbf{Z}_2\boldsymbol{\gamma} + \mathbf{W}\boldsymbol{\delta} + \boldsymbol{\varepsilon}$ donde \mathbf{y} es el vector de las observaciones, \mathbf{b} es el vector de los efectos fijos (GC y β_m), $\boldsymbol{\alpha}$ es el vector de los efectos genéticos aditivos directos, $\boldsymbol{\gamma}$ es el vector de los efectos genéticos aditivos maternos y $\boldsymbol{\delta}$ es el vector de los efectos del ambiente permanente. \mathbf{X} , \mathbf{Z}_1 , \mathbf{Z}_2 y \mathbf{W} son las matrices de diseño que relacionan las observaciones en \mathbf{y} con los efectos fijos, genéticos aditivos, genéticos maternos

y del ambiente permanente, respectivamente. $\boldsymbol{\varepsilon}$ es el efecto temporal del error aleatorio.

Se asume que,

$$\mathbf{V} = \begin{bmatrix} \alpha \\ \gamma \\ \delta \\ \varepsilon \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} K_A \otimes A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & K_M \otimes A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & K_P \otimes I_c & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R \otimes I_n \end{bmatrix}$$

donde K_A , K_M y K_P son los coeficientes de las funciones de co varianzas para los efectos aditivos directos, aditivos maternos y del ambiente permanente, respectivamente. \mathbf{A} es la matriz de relaciones del numerador, \mathbf{R} es la matriz de varianzas-covarianzas de los residuos aleatorios, \mathbf{I}_c es una matriz identidad cuyo orden es el número de vacas, \mathbf{I}_n es una matriz identidad cuyo orden es el número de observaciones y \otimes es el producto directo o de Kronecker.

Para esta investigación se hicieron dos tipos de análisis: considerando la varianza del ambiente temporal homogénea a través de toda la trayectoria de edades y con varianzas diferentes (heterogeneidad de varianzas). Los análisis preliminares determinaron que los modelos que utilizaron la heterogeneidad de varianza del error fueron significativamente superiores a aquellos en donde se consideró una sola varianza residual a través de toda la trayectoria. Por tal razón, se tuvo en cuenta en todos los análisis

tres clasificaciones para el error según la edad, coincidentes con el peso al destete, el peso al año y el peso a la incorporación.

La varianza para los efectos genéticos aditivos fue calculada como $z_i'K_A z_i$. De manera similar la varianza para los efectos maternos es $z_i'K_M z_i$ y para los efectos del ambiente permanente como $z_i'K_P z_i$, donde z_i es un vector de los valores de los polinomios de Legendre para una edad i . La covarianza genética aditiva entre las edades i y j para el cálculo de las correlaciones genéticas entre dos puntos cualesquiera de la trayectoria, se calcularon como $z_i'K_A z_j$.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Figura 2 se presentan las varianzas estimadas desde el destete hasta los 900 días de edad y se puede observar un incremento casi lineal de la varianza genética aditiva a través de toda la trayectoria y lo mismo sucede con la varianza del ambiente permanente, aunque esta última a partir del año manifiesta un incremento muy superior. Meyer (2003) en un estudio del crecimiento desde el nacimiento hasta los 810 días de edad en ganado Angus encontró un incremento casi lineal de la varianza aditiva y del ambiente permanente hasta los 600 días y a partir de este punto el incremento fue superior. La varianza genética aditiva para los efectos maternos tendió a decrecer desde el inicio hasta convertirse en cero al final de la trayectoria. Albuquerque y Meyer (2001)

hallaron un incremento de la varianza para los efectos maternos hasta los 200 días de edad y a partir de ese punto comenzó a declinar hasta los 630 días, similar a los resultados del presente trabajo.

Mientras que en la Figura 3, se presentan las tendencias de las heredabilidades para los efectos directos y maternos y del ambiente permanente. La heredabilidad para los efectos directos tomó valores de 0.09 al inicio, después tendió a decrecer hasta aproximadamente los 280 días de edad y después comenzó a incrementarse hasta el final de la trayectoria para alcanzar valores de 0.20. Riley *et al.* (2007) en machos Brahman estabulados durante 170 días obtuvieron valores entre 0.31 y 0.53 para la heredabilidad de los efectos directos, superiores a los del presente trabajo pero no tuvieron en cuenta los efectos maternos.

Nobre *et al.* (2003) indicaron que los estimados de los parámetros obtenidos por el ajuste de polinomios podrían estar afectados por el esparcimiento de los datos y los extremos de la trayectoria. Si observamos en la Figura 1, precisamente alrededor de los 270 días de edad la cantidad de datos es muy pobre y esto puede haber determinado lo poco estable de los parámetros en esa parte de la trayectoria. La tendencia del ambiente permanente resultó contraria y simétrica a la de la heredabilidad para los efectos directos. Una tendencia similar también fue encontrada por Riley *et al.* (2007).

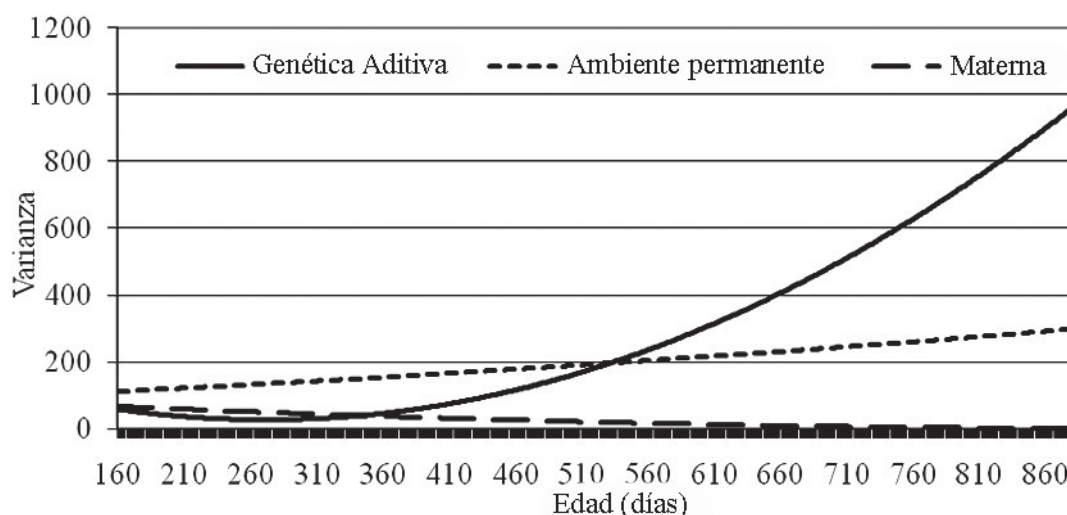


Figura 2. Tendencia de las varianzas genética aditiva de los efectos directo y maternos y del ambiente permanente para los efectos directos.

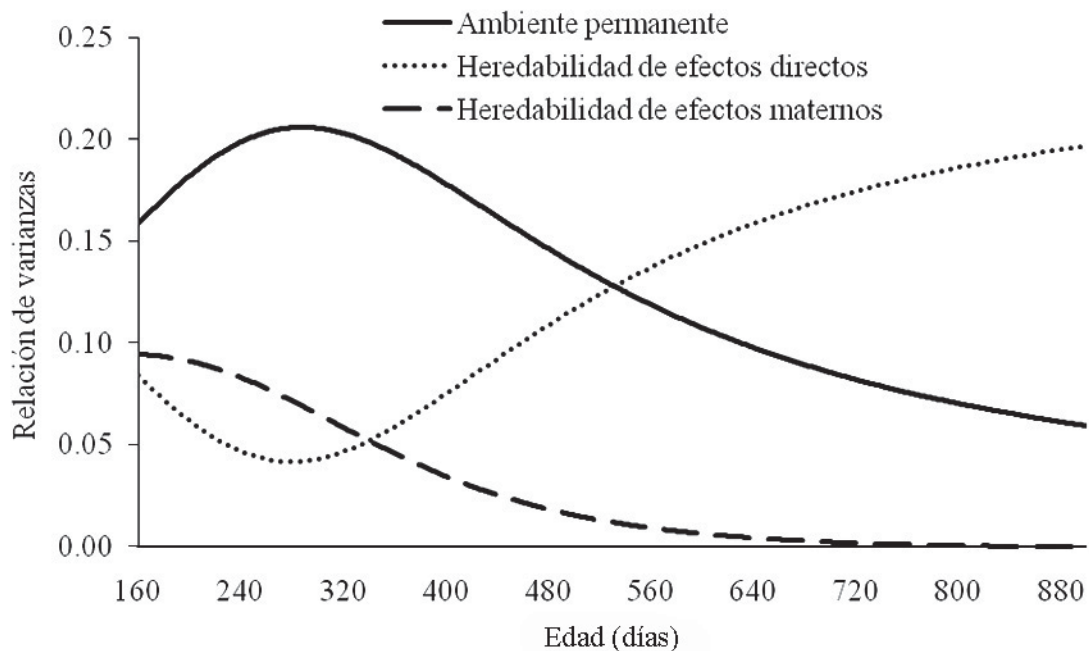


Figura 3. Tendencias de las heredabilidades para los efectos directos y maternos y del ambiente permanente.

La heredabilidad de los efectos maternos (Figura 3) tendió a disminuir desde aproximadamente 0.10 al destete hasta tomar valores de cero hacia los 900 días de edad. Albuquerque y Meyer (2001) estudiaron el crecimiento del nacimiento a los 630 días de edad en ganado Nelore y encontraron que la heredabilidad de los efectos maternos se incrementó hasta alcanzar un pico entre los 110 y 120 días, para después decrecer. Ambos resultados dan evidencias de la pérdida de la influencia materna en los terneros después del destete.

Al mismo tiempo en la Figura 4, se observa que las correlaciones entre pesos a edades consecutivas son altas y positivas y decrecen a medida que los pesajes son más distantes hasta convertirse en negativas. A partir de los 400 días las correlaciones con el resto de los pesajes hasta los 900 días son superiores a 0.85, lo que puede indicar que el peso a los 400 días de edad puede ser un buen indicador para la selección. Mercadante *et al.* (1995), Lobo *et al.* (2000) y Albuquerque y Meyer (2001), los dos primeros en revisiones bibliográficas con modelos convencionales y los últimos en un trabajo utilizando los modelos de regresión aleatorias encontraron correlaciones genéticas aditivas entre los pesos para las edades entre 240-360, 240-550 y 360-550 en los rangos de 0.75-0.93, 0.71-0.82 y 0.77-0.97, respectivamente.

En el presente trabajo las correlaciones encontradas entre los pesos para las mismas edades fueron de 0.54, 0.05 y 0.87. La inconsistencia de las correlaciones genéticas entre 240-360 y 240-550, en comparación con los trabajos anteriormente citados puede deberse a la poca información en esa parte de la trayectoria de crecimiento. Nobre *et al.* (2003) encontraron que cuando existen datos faltantes las varianzas asociadas con las edades donde están la mayoría de los datos faltantes, se tornan erráticas y las correlaciones fluctuantes, fundamentalmente cuando se utilizan los modelos de regresión aleatoria.

En el caso del análisis multicarácter que solo considera el peso al destete, el peso al año y el peso a la incorporación solamente podrían calcularse las correlaciones genéticas entre estos tres rasgos. Sin embargo, los MRA nos permiten calcular las correlaciones genéticas entre dos puntos cualesquiera de la trayectoria.

Por otro lado, en el análisis multicarácter se hubiera desechado una parte de la información que se aleja de las medias para el peso al destete y el peso al año de edad, que en los modelos de regresión aleatoria son tenidos en cuenta. Esta es una de las ventajas de los modelos de datos longitudinales en ganado de carne, debido a que los pesos para una determinada edad

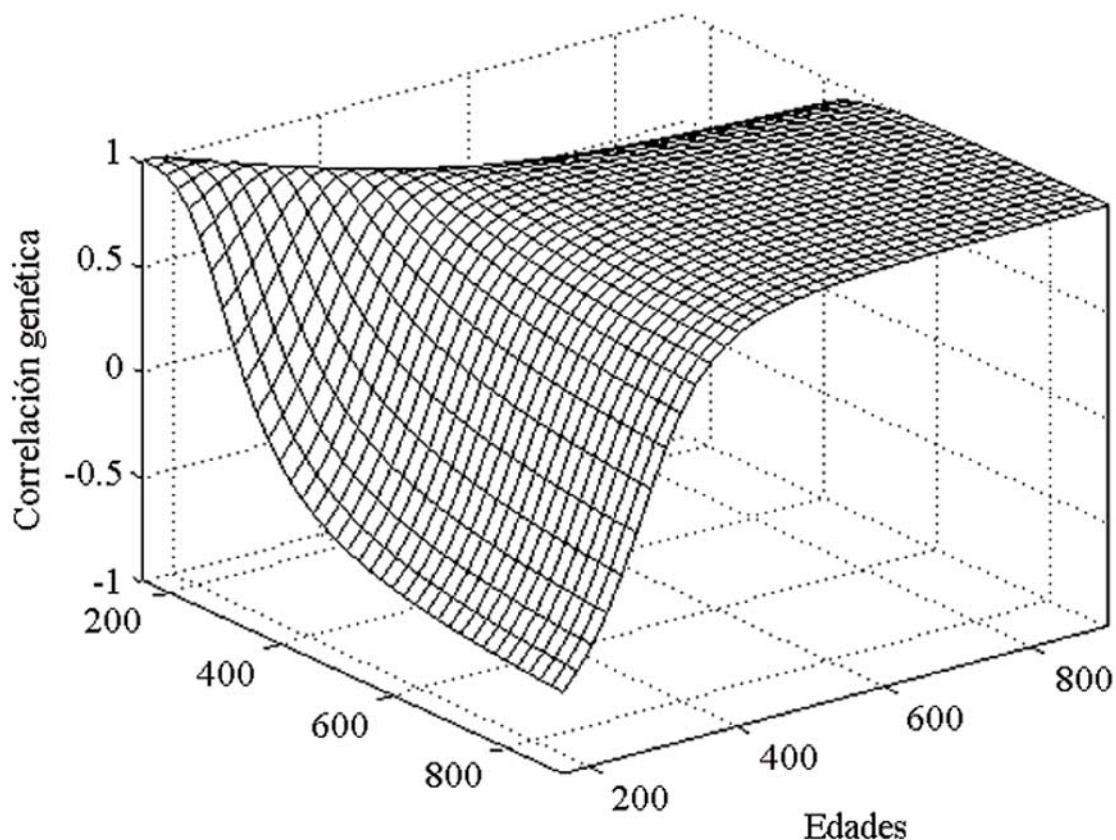


Figura 4. Correlaciones genéticas aditivas entre los pesos a diferentes edades dentro de la trayectoria estudiada.

oscilan entre un rango de edad amplio, estos pueden ser acomodados y el valor genético de los animales puede ser obtenido para cualquier edad, incluso sin mediciones dentro de la trayectoria.

Según Meyer (2004) un posible incremento en la exactitud de los modelos de regresión aleatoria sobre los de caracteres múltiples es precisamente que los primeros utilizan información que estos últimos desechan. También debe tenerse en cuenta como ha sido señalado por Arango *et al.* (2004) que una de las desventajas de los polinomios es que no son asintóticos lo cual es un problema en la modelación de trayectorias de crecimiento las cuales alcanzan una meseta a la madurez.

CONCLUSIONES

Los efectos maternos disminuyen sustancialmente rápido su influencia en el crecimiento postdestete. Lógicamente con este descenso de la influencia materna la heredabilidad de los efectos directos se hace mayor al igual que su acción sobre el crecimiento postdestete. Las altas correlaciones genéticas entre pesajes consecutivos a partir de los 13 meses de edad

puede ser un buen indicador para la selección en bovinos Santa Gertrudis.

LITERATURA CITADA

- Albuquerque, L. G. and K. Meyer. 2001. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. *J. Animal Sci.* 79:2776-2789.
- Arango, J. A., L. V. Cundiff and L. D Van Vleck. 2004. Covariance functions and random regression models for cow weight in beef cattle. *J. Anim. Sci.* 82:54-67.
- González-Peña, D. 2006. Evaluación genética del ganado Siboney de Cuba empleando la producción del día de control bajo un modelo de regresión aleatoria. Tesis Doctoral, ICA. La Habana, Cuba. 80 p.
- González-Peña, D., D. Guerra, J. L Espinoza, A. Palacios y R. De Luna. 2007. Estimación de componentes de covarianza para la producción de leche del día de control en ganado Siboney

- utilizando un modelo de regresión aleatoria. *Interciencia* 32:702-706.
- Guerra, D., J. L. Espinoza, A. Palacios, D. González-Peña, F. Rodríguez y A. Guillén. 2009. Componentes de covarianza de los días abiertos en bovinos Santa Gertrudis. *Tec. Pec. Mex.* 47(2): 145-155.
- Jamrozik, J. and L. R. Schaeffer. 1997. Estimates of genetics parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. *J. Dairy Sci.* 80:762-770.
- Kirkpatrick, M., D. Lofsvold and M. Bulmer. 1990. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. *Genetics* 124:979-983.
- Lobo, R.N.B.; F.E. Madalena and A.R. Viera. Average estimates of genetic parameters for beef and dairy cattle in tropical regions. *Anim. Breed. Abstr.* 68: 433-462, 2000.
- Menéndez, A. y J. R. Caunedo. 2005. Utilización de los resultados del control de la producción de leche en cada ordeño para la evaluación genética de sementales, mediante modelos de regresión aleatoria. Mem. III Congr. Int. Mejoramiento Animal. La Habana, Cuba pp 92-95.
- Mercadante, M., Lobo y A. Borjas. 1995. Parámetros genéticos para características de crecimiento en Cebuínos de carne. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal.* 3 (1): 45-89.
- Meyer, K. 2003. Estimates of genetic covariance functions for growth of Angus cattle. *J. Anim. Breed. Genet.* 122:73-34.
- Meyer, K. 2004. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. *Livest. Prod. Sci.*, 52:187-199.
- Meyer, K. 2006. Wombat- A program for mixed model analyses by restricted maximum likelihood. User notes. Animal Genetics and Breeding Unit, Armidale, npp.
- Mrode, R. A. and B. W. Kennedy. 1998. Genetic variation in measures of food efficiency in pigs and their genetic relationships with growth rate and backfat. *Animal Production*, 56:225-232.
- Nobre, P. R. C., I. Misztal, S. Tsuruta, J. K. Bertrand, L.O.C. Silva and P. S. Lopes. 2003. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *J. Anim. Sci.* 81:918-926.
- Riley, D. G., S. W. Coleman Jr., C. Chase, T. A. Olson and A. C. Hammond, 2007. Genetics parameters for body weight, hip height, and the ratio of weight to hip height from random regression analyses of Brahman feedlot cattle. *J. Anim. Sci.* 85:42-52.
- Schaeffer, L. R. 1999. Multiple traits animal models. Disponible en: <http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/Animalz/lesson15/>. [Nov. 20, 2009].
- Van der Werf, J. H., M. E. Goddard and K. Meyer. 1998. The use of covariance functions and random regressions for genetic evaluation of milk production based on test days records. *J. Dairy Sci.* 81:3300-3308.