ITEA (1995), Vol. 91A N.º 3, 118-128

EFECTO DE LA INTRODUCCIÓN DE GRUPOS GENÉTICOS EN EL MODELO DE VALORACIÓN DEL VACUNO LECHERO FRISÓN DEL PAÍS VASCO

Sofía Alday Martínez de Cestafe
Eva Ugarte Sagastizabal

Centro de Investigación y Mejora Agraria de Arkaute.
Apdo. 46. 01080 Vitoria-Gasteiz

RESUMEN

En el presente trabajo se han utilizado los datos procedentes del control lechero oficial de la Comunidad Autónoma del País Vasco (CAPV) para comparar los resultados obtenidos mediante el modelo de valoración genética en el que se introduce el efecto de los grupos genéticos y el modelo en el cual no se ha considerado dicho efecto. Mediante los grupos genéticos se sustituyen los padres desconocidos en la genealogía, definiéndose éstos como padres fantasmas procedentes de un origen determinado (desconocido, Canadá, EE.UU., Europa y España), cuyos hijos han nacido en un período de tiempo determinado (desconocido, hasta 1975 y de 1976 hasta 1992) y teniendo en cuenta el sexo del individuo fantasma y el de su hijo (padre de toro, padre de vaca, madre de toro y madre de vaca). De esta forma se pretende tener en cuenta los procesos de selección que han tenido lugar en esta población de vacuno lechero. Se calcularon tanto las correlaciones entre los valores genéticos, como las tendencias genéticas y las ganancias genéticas medias obtenidas mediante ambos modelos para el total de las hembras y para los machos con más de 15 hijas. Se observó cómo los cambios se producían sobre todo en los machos, resultado esperado teniendo en cuenta que es en éstos en los que el desconocimiento de genealogía es mayor. Las correlaciones entre los valores genéticos obtenidos eran superiores a 0,96, lo cual indica que, en general, los cambios que se puedan producir por la introducción de los grupos genéticos no serán drásticos.

Palabras clave: Vacuno lechero, grupos genéticos, padre fantasma, valor genético, BLUP.

SUMMARY

EFFECT OF INTRODUCTION OF GENETIC GROUPS IN THE MODEL OF EVALUATION OF FRIESAIN DAIRY POPULATION OF THE BASQUE COUNTRY

Data from oficial dairy recording of Basque Country were used to compare two models of genetic evaluations: one of them, which included the effect of genetic groups, and the other, not considering this effect. Those animals without known parents in the genealogy were asigned phantom parents, defined by their probable origin (unknown, Canada, USA, Europe and Spain), by the period of time in which their sons were born (unknown, until 1975 and between 1976 and 1992) and by their sex and the sex of the son (sire of bull, sire of cow, dam of bull, dam of cow and both). The

objective of genetic groups is to account for genetic selection and genetic trend in this dairy population. The correlations between genetic values of females and males whith more than 15 daughters were calculated and genetic trends for these two groups of animals were also compared. The changes were observed specially in the bulls, what is logical because the lack of information is more important in the genealogy of males. The correlations were more than 0.96 for all the characters considered in cows and bulls whith more than 15 daughters, what indicates that the changes debt to the inclusion of genetic groups in the model of evaluation will not be generally drastic.

Key words: Dairy cows, genetic groups, phantom parent, genetic value, BLUP.

Introducción

Actualmente se realizan en España dos valoraciones genéticas anuales de vacuno frisón para 5 caracteres de producción (kg. de leche, kg. de grasa, kg. de proteína, % de grasa y % de proteína) y 10 caracteres de conformación (sistema mamario, ubre posterior, ubre anterior, miembros y aplomos, grupa, capacidad corporal, apariencia general, calificación final, estatura y tamaño). Varias de estas características se combinan en un índice común que se conoce como ICO. El responsable de realizar estas valoraciones genéticas es la Confederación Nacional de Federaciones de vacuno frisón (CONAFE), en la que se agrupan las federaciones y asociaciones autonómicas. La Comunidad Autónoma del País Vasco (CAPV) participa en dicha valoración aportando los datos de producción y genealogía necesarios. Sin embargo, ante la necesidad de disponer de los datos más actualizados y con la mayor rapidez posible, en la CAPV se realizan otras dos valoraciones genéticas alternándose con las anteriormente citadas para poder aportar al centro de inseminación que pone en testaje los machos (ABEREKIN,S.A.) los datos más actualizados. Las valoraciones genéticas se realizan con la misma metodología y utilizando el mismo conjunto de programas que utiliza CONAFE.

La única diferencia está en que en el modelo utilizado en la CAPV no se introduce el efecto de los grupos genéticos. Esto ha sido debido a la falta de información en cuanto a origen y fechas de nacimiento de los machos. Con la colaboración de CONAFE se ha podido subsanar este defecto y en la actualidad es posible trabajar con grupos genéticos en el modelo.

La introducción del efecto grupo genético se ha tenido en cuenta desde el comienzo del desarrollo de las evaluaciones genéticas de los reproductores (HENDERSON, 1949), con el fin de poder tener en cuenta los procesos de selección en las poblaciones cuando no se conocen las relaciones de parentesco entre algunos animales (HENDERSON, 1966).

Con la progresiva incorporación de las relaciones de parentesco y la mejora de los modelos de valoración, la importancia de los grupos genéticos disminuye (POLLAK y QUAAS, 1983), aunque siguen siendo necesarios en los casos de migraciones de animales, que entran a formar parte de poblaciones con cuyos componentes no poseen conexión genética alguna (WESTELL y col., 1987).

Los criterios para el establecimiento de los grupos han sido diversos (ROBINSON, 1986), desde agrupar los machos de inseminación artificial según el centro del que procedían y el año en el cual habían entrado en servicio (HENDERSON, 1973), pasando por el año de nacimiento o generación al que pertenecen los machos (POLLAK y QUAAS, 1983). Los últimos trabajos han considerado las distintas vías de progreso genético (vía padre de toro, vía madre de toro, vía padre de vaca y vía madre de vaca) y el año o período de nacimiento de los padres ausentes (QUAAS,1988; WIGGANS y col., 1988), denominados padres fantasmas, o estimaciones de estas fechas (WESTELL y VAN VLECK, 1987). También es interesante el considerar el país de origen o región geográfica de origen del animal faltante.

QUAAS (1988) refleja la posibilidad de encontrar problemas al crear los grupos genéticos en los casos en los que estos agrupen a un número insuficiente de individuos. En estos casos sería conveniente fusionar los creados considerando individuos fantasmas que pueden ser padre y madre de un mismo animal a la vez (individuos hermafroditas).

Concretamente en España, GARCÍA-CORTÉS y col. (1990 y 1991) introducen el efecto de los grupos genéticos en la valoración del vacuno lechero de Navarra, teniendo en cuenta el año de nacimiento probable de los parentales desconocidos y las diferentes vías posibles (padre de toro, madre de toro, padre de vaca y madre de vaca), con el fin de evitar el sesgo en las tendencias genéticas. Como se ha mencionado anteriormente, CONAFE introduce desde 1994 este efecto en las valoraciones de los caracteres de producción, considerando tanto el año como el origen probable de nacimiento de los padres desconocidos y la vía para la creación de los padres fantasmas (Pena, comunicación personal).

Las soluciones obtenidas por las ecuaciones del modelo mixto asignan a cada descendiente una fracción de cada grupo genético al que pertenecen los ascendientes fantasmas relacionados con él y que depende del grado de parentesco entre ellos.

El objetivo de este trabajo consiste en comparar las valoraciones genéticas con y sin grupos genéticos que se realizan en la CAPV, ver la relación existente entre ambas y analizar los cambios que la inclusión de dicho efecto provoca en las valoraciones genéticas a nivel individual y global.

Materiales y métodos

Para realizar este estudio se han utilizado los datos productivos correspondientes al control lechero oficial de la CAPV. Las lactaciones utilizadas corresponden al período comprendido entre 1982 y 1994. Debido a que el control de producción de proteína comenzó a realizarse posteriormente al de leche y grasa, se utilizan dos conjuntos de datos: uno, correspondiente a los datos de leche y grasa y otro, procedente del conjunto de datos anterior, de lactaciones en las que se dispone de los datos de proteína. En el cuadro nº1 se describen las características de los datos productivos y de la genealogía.

Para la realización de las valoraciones genéticas se utilizó un modelo animal con repetibilidad absorbiéndose los efectos permanentes. Para ello se utiliza el programa BLUPMA (JURADO, 1990).

La ecuación del modelo en el que no se incluyeron grupos genéticos es la siguiente:

CUADRO 1
CARACTERÍSTICAS DE LOS DATOS PRODUCTIVOS Y DE GENEALOGÍA

	LECHE Y GRASA	PROTEÍNA
N° lactaciones	96.698	89.136
N° rebaños	1.003	990
N° vacas	47.339	46.168
N° toros	3.400	3.297
N° vacas con datos	36.701	34.540
N° padres con más de 15 hijas	545	487
N° animales con padre y madre conocidos	29.145 (57,4%)	28.219 (58,2%)
N° animales sin padre o sin madre conocido	10.088 (19,9%)	9.581 (19,4%)
N° animales sin padre ni madre conocidos	11.528 (22,7%)	11.079 (22,4%)

$$y_{ijklm} = \mu + RE_i + MP_j + LE_k + U_l + EP_m + \varepsilon_{ijklm}$$, donde:

y_{ijklm} : la observación del dato productivo de la vaca l, estandarizado a 305 días,

μ : la media general de la población,

RE_i : efecto fijo del rebaño-época móvil de parto (13.715 niveles, en leche y grasa, y 12.664 para proteína),

MP_j : efecto fijo del mes de parto (12 niveles),

LE_k : efecto fijo de la lactación-edad (85 niveles),

U_l : efecto genético del animal que produce el dato (efecto aleatorio),

EP_m : efecto permanente (efecto aleatorio),

ε_{ijklm} : efecto residual, (efecto aleatorio).

La ecuación correspondiente al modelo que incluye los grupos genéticos es la siguiente:

$$y_{ijkl(r)m} = \mu + RE_i + MP_j + LE_k + G_r + U_{l(r)} + EP_m + \varepsilon_{ijkl(r)m}$$,

donde G_r representa al grupo genético, considerado como efecto fijo. Los grupos genéticos se han definido teniendo en cuenta:

– el sexo del individuo al que le falta la información de sus ascendientes (toro o vaca),

– el sexo del individuo desconocido, de forma que junto con la condición anterior se tengan en cuenta las cuatro vías de contribución al progreso genético (padre de toro, padre de vaca, madre de toro o madre de vaca). Se ha considerado un caso especial para aquellos animales a los que les falta tanto el padre como la madre. En estos casos se consideró como integrantes del mismo grupo al padre y la madre del individuo (QUAAS, 1988) y no se tuvo en cuenta si era padre o madre de vaca o de toro.

– el origen del individuo desconocido (España, Europa, USA, Canadá o desconocido) y

– la fecha de nacimiento de sus hijos (tres categorías: hasta 1975, desde 1976 hasta 1992 y desconocido).

Teniendo en cuenta esta combinación de factores se ha trabajado con 22 grupos genéticos tanto en las valoraciones de leche y grasa como en la de proteína.

Las heredabilidades y repetibilidades utilizadas en las valoraciones genéticas de los caracteres productivos se muestran en el cuadro nº 2 (BEN GARA y col., 1991).

Los valores genéticos están referidos a la media de los valores genéticos de las hembras nacidas en 1990.

Se han estimado correlaciones (para hembras y para machos por separado) de Pearson y de Spearman entre los valores genéticos obtenidos con ambos modelos utilizando el procedimiento CORR del paquete estadístico SAS (1988).

Resultados y discusión

En el cuadro nº 3 se puede observar como la base genética obtenida mediante el modelo en el que se incluye el efecto de los grupos genéticos es superior a la base correspondiente al modelo sin grupos genéticos.

Asimismo se puede observar que los valores de la amplitud, de la varianza y de los valores que limitan el rango de las valoraciones son muy similares. Estos valores se muestran en el cuadro nº 4.

Los valores obtenidos para las correlaciones muestran resultados en el mismo sentido. Los valores obtenidos para las correlaciones de Pearson y de Spearman para las hembras y para los machos con más de 15 hijas se muestran en el cuadro nº 5.

CUADRO 2
HEREDABILIDADES Y REPETIBILIDADES

ROTEÍNA	LECHE	KG GRASA Y PROTEÍNA	% GRAS
heredabilidad	0.35	0.28	0.30
repetibilidad	0.40	0.40	0.40

CUADRO 3
VALORES DE LAS BASES GENÉTICAS EN AMBOS MODELOS

	LECHE	KG GRASA	% GRASA	KG PROTEÍNA	% PROTEÍNA
SIN GRUPOS	259,88	9.135	0,0013	6.326	-0.0246
CON GRUPOS	317,88	15,886	0.0757	9.263	-0.0057

CUADRO 4
MEDIAS, VALORES EXTREMOS Y DESVIACIONES DE LOS VALORES GENÉTICOS DE LAS HEMBRAS Y DE LOS MACHOS CON MÁS DE 15 HIJAS

		HEMBRAS			MACHOS CON MÁS DE 15 HIJAS		
		MEDIA	STD[1]	MÍN./MÁX.[2]	MEDIA	STD	MÍN./MÁX.
Leche	S.G.[3]	-149,9	±380.29	-2.02772.295	-81.2	±421,85	-1.435/1.138
	C.G.[4]	-160,7	±389.75	-2.055/2.298	-108.2	±445,43	-1.465/1.457
KG GR.[5]	S.G.	-5.10	±14.104	-113,14/88.80	-0,37	±17,386	-5264747.11
	C.G.	-6,39	±15,337	-116.83790.40	-1,02	±19,054	-57,26749.38
%GR[6]	S.G.	0,0014	±0,15299	-1.0901/1.0263	0,0337	±0.17862	-0,4933/0,5753
	C.G.	-0.0118	±0.16078	-1,1305/0.9814	0.0395	±0.18846	-0,5261/0,5766
KG PR.[7]	S.G.	-3.85	±9m796	-52.82/69.12	-0,68	±11,848	-33.48/38,05
	C.G.	-4,47	±10,399	-55,20/69.83	-0,82	±12,786	-35,43/1,45
%PR.[8]	S.G.	0,0114	±0,07831	-0,3896/0,7773	0.0235	±0,09000	-0,2750/0,4152
	C.G.	0.0078	±0,08004	-0,4012/0,7960	0,0282	±0,09515	-0,2918/0,4338

[1] Desviación estándar [2] Valor mínimo/Valor máximo [3] Sin grupos [4] Con grupos [5] Kg grasa [6] % grasa [7] Kg proteína [8] Proteína

CUADRO 5
CORRELACIONES EXISTENTES ENTRE LOS VALORES GENÉTICOS PREDICHOS MEDIANTE AMBOS MODELOS

	HEMBRAS		MACHOS CON MÁS DE 15 HIJAS	
	Pearson	Spearman	Pearson	Spearman
LECHE	0.9892	0,9872	0,9864	0,9849
KG GRASA	0.9638	0,9588	0,9742	0,9716
% GRASA	0.9698	0,9617	0,9757	0,9681
KG PROTEÍNA	0,9728	0,9689	0,9805	0,9767
% PROTEÍNA	0.9844	0,9792	0,9805	0,9706

Estos resultados indican que, en el caso de la valoración genética que se realiza en la CAPV, los cambios que se observan en las tendencias y valores genéticos se producen sobre todo en los machos. En las hembras, dichos cambios son menos marcados. Este hecho concuerda con lo esperado, ya que es en los machos donde existe un mayor desconocimiento de la genealogía, por lo que tendrá mayor influencia la introducción del efecto grupo genético en el modelo.

En cuanto a los efectos fijos, las correlaciones encontradas entre las estimas de los mismos según el modelo utilizado son superiores a 0,99 en todos los casos.

Las ganancias genéticas medias conseguidas en ambos casos se reflejan en los cuadros nº 6 y nº 7. Se puede apreciar que aunque son muy parecidas entre sí, como es de esperar son superiores las conseguidas teniendo en cuenta los grupos genéticos.

Los valores genéticos medios del total de las hembras valoradas y de los machos con más de 15 hijas, para los distintos caracteres considerados y según año de nacimiento (de 1982 hasta 1992 en las hembras y de 1982 a 1990 en los machos), se reflejan en las figuras nº 1, nº 2, nº 3, nº 4 y nº 5. Se observa en ellas un gran paralelismo entre las tendencias calculadas mediante ambos modelos. También es de destacar que la tendencia genética de los machos se calcula como la media aritmética de los toros nacidos en cada año, lo cual no refleja el grado de utilización de los mismos. Este grado de utilización se observa mejor en la tendencia genética correspondiente a las hembras.

Se puede destacar que las tendencias genéticas de los machos son bastante erráticas, debido a que se calculan mediante medias aritméticas, por lo que la incorporación en el cáculo de la misma de uno o dos animales con valores genéticos extremos desvía notablemente la tendencia en ese año. Además el número de toros con los que se calcula la media en los últimos años considerados es bastante menor. Sin embargo, hay que recordar que el objeto del presente trabajo no es el ver la tendencia genética de la población, sino el analizar los cambios que provoca en la valoración genética la inclusión de los grupos genéticos.

De los resultados obtenidos en este estudio se deduce que la introducción del efecto

CUADRO 6
GANANCIAS GENÉTICAS MEDIAS EN HEMBRAS NACIDAS EN EL PERÍODO 1982-1992

	LECHE	KG GRASA	% GRASA	KG PROTEÍNA	% PROTEÍNA
SIN GRUPOS	+27,2	+1,24	+0,0031	+0.79	-0,0015
CON GRUPOS	+30,4	+1,57	+0,0061	+0,95	-0,0007

CUADRO 7
GANANCIAS GENÉTICAS MEDIAS EN MACHOS CON MÁS DE 15 HIJAS NACIDOS EN EL PERÍODO 1982-1988

	LECHE	KG GRASA	% GRASA	KG PROTEÍNA	% PROTEÍNA
SIN GRUPOS	+11,7	+0.87	+0.0049	+0,71	+0.0007
CON GRUPOS	+14,5	+0.96	+0,0050	+0,78	+0.0006

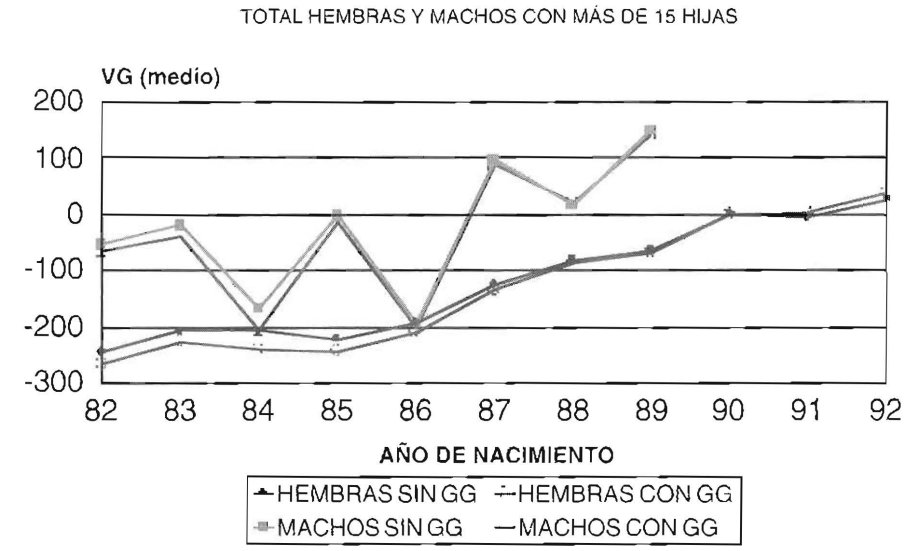


Figura 1. Valor genético medio kg de leche

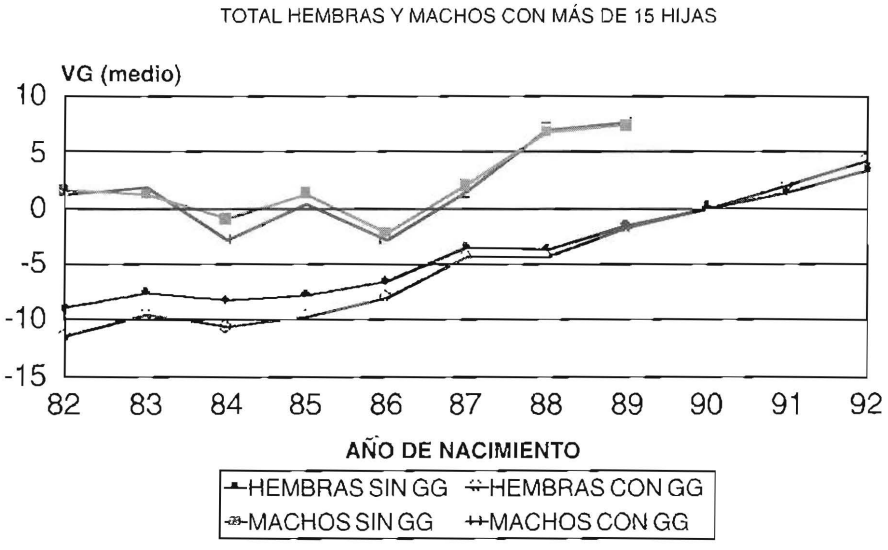


Figura 2. Valor genético medio kg de grasa

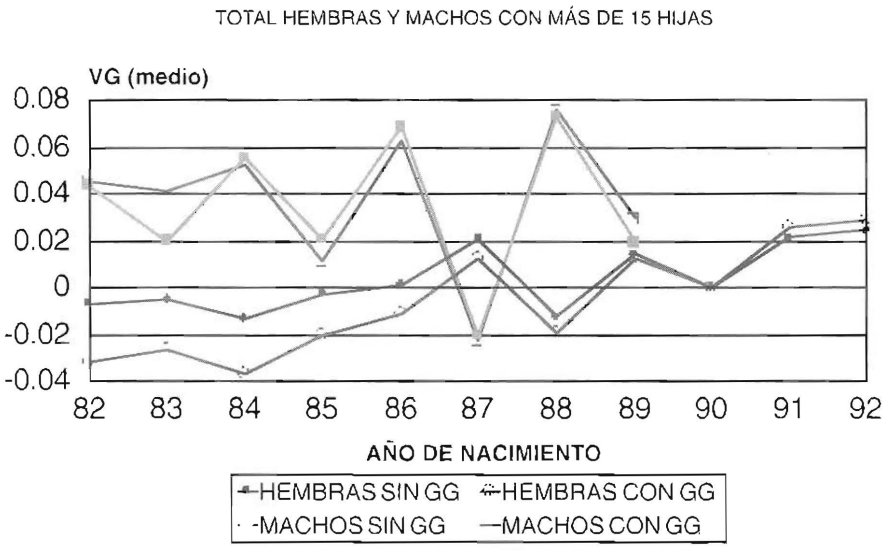


Figura 3. Valor genético medio % de grasa

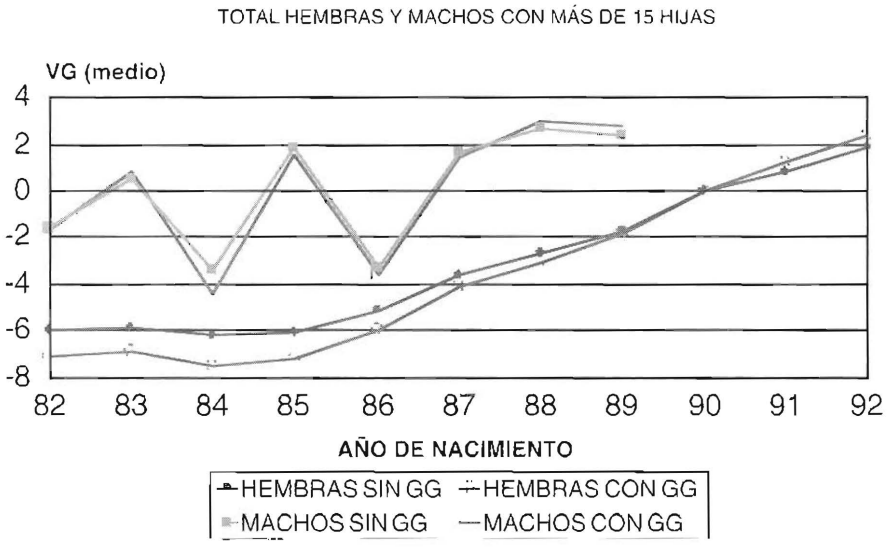


Figura 4. Valor Genético medio kg de proteína

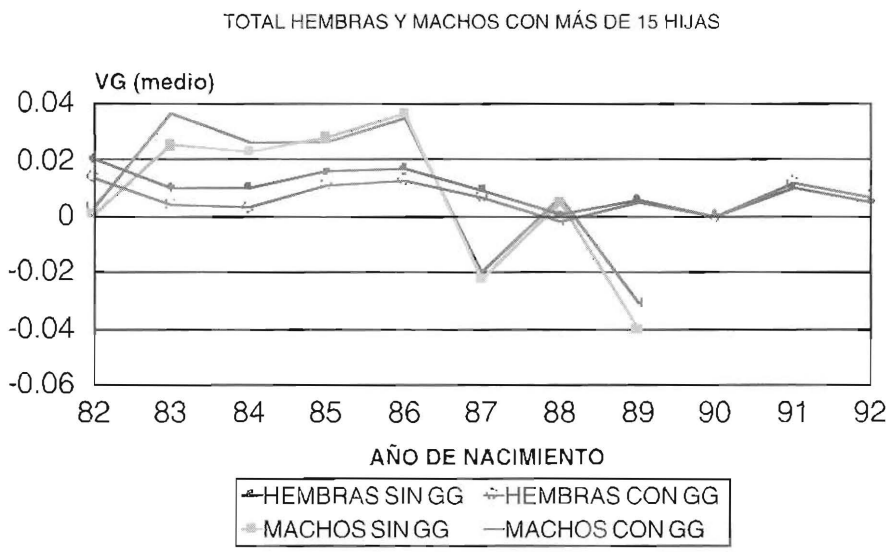


Figura 5. Valor genético medio % de proteína

de los grupos genéticos en la ecuación del modelo de valoración genética del vacuno frisón de la CAPV, aun produciendo modificaciones en el resultado de las mismas (siempre según lo esperado), no modificará sustancialmente los resultados, ni producirá cambios importantes a nivel global. Destacan los cambios individuales, en especial los de animales más viejos, donde la carencia de información es la más importante. Es de suponer que la inclusión de efecto de los grupos ggenéticos en el modelo será un cambio que el ganadero aceptará de forma fácil. No debemos olvidar que los resultados de estas valoraciones son utilizados por los ganaderos en el manejo de su explotación y, por ello, cualquier cambio puede inducir cierta desconfianza hacia esta metodología, la cual es desconocida para muchos de ellos.

Agradecimientos

Agradecemos a J. Pena, Director Técnico de CONAFE, por habernos suministrado gran parte de la información que se requería para la elaboración de este trabajo.

Al Departamento de Industria, Agricultura y Pesca del Gobierno Vasco por la beca de la cual disfruta S. Alday.

Bibliografía

BEN GARA, A.; ALENDA, R.; ALONSO, A. 1991. *Estima de los componentes de varianza con dos modelos diferentes en dos poblaciones de ganado frisón en España.* ITEA - IV JORNADAS SOBRE PRODUCCIÓN ANIMAL (nº11- tomo II).

GARCÍA-CORTES, L.A.; OCÁRIZ, J.M.; MORENO, C.; EQUÍLUZ, J.; ALTARRIBA, J. 1990. *Efectos Genéticos*

y ambientales del ganado vacuno frisón de Navarra. Frisona española. 155. 80-84.

GARCÍA-CORTES, L.A.; MORENO, C.; MUÑOZ, T.; ALTARRIBA, J. 1991. *Evaluación multicarácter de ganado vacuno lechero.* Inv.agr.: Prod.Sanid.anim., 6(2).

HENDERSON, C.R. 1949. *Estimation of changes in herd environment.* J.Dairy Sci. 32, 706 (Abstract).

HENDERSON, C.R. 1966. A sire evaluation method which accounts for unknown genetic and environmental trends, herd differences, seasons, age effects and differential culling. Estimating breeding values of dairy sires and cows. Natl. Tech. Symp., Washington, D.C.

HENDERSON, C.R. 1973. *Sire evaluations and genetic trends.* Proc. Anim. Breeding Genet. Symp. in Honor of Dr.Jay Lush Am. Soc. Anim. Sci. and Am. Dairy Sci. Assoc., Champaign, IL.

JURADO, J.J. 1990. Catálogo del software de interés en agricultura. Nº 113, 81.

POLLAK, E.J.; QUASS, R.L. 1983. *Definition of group effects in sire evaluation models.* J.Dairy Sci. 66, 1503-1509.

QUAAS, R.L.; POLLAK, E.J. 1981. *Modified equations for sire models with groups.* J.Dairy Sci. 64, 1868.

QUAAS, R.L. 1988. *Additive genetic model with groups and relationships.* J.Dairy Sci. 71, 1338-1345.

ROBINSON, G.K. 1986. *Group effects and computing strategies for models for estimating breeding values.* J.Dairy Sci. 69, 3106-3111.

SAS. 1988. *User's guide.* Release 6.03 Edition. SAS Institute Inc.

WESTELL, R.A. 1984. *Simultaneous genetic evaluation of sires and cows for a large population of dairy cattle.* Ph.D. Thesis, Cornell Univ., Ithaca, NY.

WESTELL, R.A.; VAN VLECK, L.D. 1987. *Simultaneous genetic evaluation of sires and cows for a large population of dairy cattle.* J.Dairy Sci. 70, 1006-1017.

WESTELL, R.A.; QUAAS, R.L.; VAN VLECK, L.D. 1987. *Genetic groups in animal model.* J.Dairy Sci. 71, 1310-1318.

WIGGANS, G.R.; MISZTAL, I.; VAN VLECK, L.D. 1988. *Animal model evaluation of Ayrshire milk yield with all lactations, herd-sire interaction and groups based on unknown parents.* J.Dairy Sci. 71, 1319-1329.

(Aceptado para publicación el 3 de noviembre de 1995)