# MEJORA DEL MODELO DE VALORACIÓN GENÉTICA ACTUAL PARA EL CARÁCTER FACILIDAD DE PARTO EN GANADO VACUNO FRISÓN

López de Maturana, E.[1]; Ugarte, E.[1]; Ugarte, C.[2]
[1]NEIKER-Granja Modelo de Arkaute, Apdo. 46. 01080 Vitoria-Gasteiz
[2]ABEREKIN, S. A. Barrio Arteaga, 25. 48016 Derio (Vizcaya)

## INTRODUCCIÓN

La reducción de la incidencia de partos distócicos es importante tanto desde un punto de vista reproductivo como productivo, ya que la presencia de un parto difícil en la explotación induce a pérdidas económicas notables, ocasionadas por el aumento de la mortalidad, la disminución de la fertilidad, el aumento de los requerimientos de mano de obra y de los costes veterinarios, así como pérdidas en la producción de Kg de leche, de grasa y proteína refiriéndonos concretamente al vacuno lechero (Dematawewa y Berger 1997). Este problema ha sido abordado dentro de programas de mejora genética en los que a través de la valoración genética de los animales se pretende detectar aquellos sementales que transmiten dificultad de parto, con el fin de no utilizarlos en novillas ni en vacas que hayan tenido problemas de distocia en lactaciones anteriores.

En la Comunidad Autónoma del País Vasco, la valoración genética del carácter de facilidad de parto se puso en marcha en el año 1995, mediante la utilización de un modelo macho aplicando para su resolución la metodología umbral (Alday *et al.* 1997). En aquel momento se planteó ya la necesidad de mejorar el modelo de evaluación incluyendo otros componentes genéticos y a lo largo de este tiempo se han detectado diversos problemas relacionados tanto con el modelo como con la recogida del dato. Aunque actualmente están siendo abordados ambos aspectos, en este trabajo se presentan aquellos relacionados con la mejora del modelo de evaluación.

## MATERIAL Y MÉTODOS

Los datos empleados para la realización de este estudio proceden de la base de datos de control lechero de la CAPV, Navarra y Gerona, y fueron recogidos entre los años 1992 y 2002. Para la recogida del dato se utiliza la siguiente escala de carácter discreto: **0**-ausencia de datos, **1**-sin ayuda, **2**-ligera ayuda, **3**-parto difícil, que requiere la ayuda de dos o más personas y/o la colocación del aparato de partos, **4**-cesáreas provocadas por un tamaño excesivo del ternero y **5**-fetotomías, malas presentaciones del ternero, malformaciones fetales o cesáreas motivadas por otras causas.

En el proceso de depuración de los datos, además de eliminar los datos anómalos, se han eliminado los partos múltiples, las regiones- años con más del 95 % de los datos recogidos en la clase 1 o aquellas en las que el número de datos correspondientes a machos nacidos era menor de un 20 % (Ducrocq 2000). Además, se han eliminado los grupos de comparación que no tuvieran al menos 10 datos y aquellos machos con menos de 10 datos. En relación con la longitud de gestación, se exigió que tuviera un valor comprendido entre 264 y 294 días (Mc Guirk *et al.* 1999). En cuanto a la edad al parto de la hembra, se exigió que al primer parto la edad mínima fuera de 18 meses y la máxima de 40, mientras que en partos posteriores, la edad mínima se estableció en 28 meses y la máxima en 206. Por último, se exigió que todas las vacas tuvieran el primer parto registrado.

Con el fin de trabajar con datos recogidos con una mayor precisión se utilizaron únicamente los datos recogidos a partir del año 1995.
Las clases 3 y 4 se agruparon en una sola debido al escaso número de datos existente en las mismas. La descripción de los datos utilizados se muestra en la tabla 1.

**Tabla nº1 Características de los datos analizados**

| | |
|---|---|
| Nº de datos | 52227 |
| Toros con datos | 890 |
| Hembras con datos | 29567 |
| % clase 1 | 55.26 |
| % clase 2 | 42.06 |
| % clases 3 y 4 | 2.68 |

Los datos fueron analizados utilizando dos modelos:

*1) Modelo animal con efectos maternos aplicando metodología lineal (MAML)*

$$\mathbf{Y= X\,\beta + Z_1 u_d + Z_2 u_m + \varepsilon},$$

donde:

- **y** es el vector de los valores fenotípicos
- **X**, $\mathbf{Z_1}$y $\mathbf{Z_2}$ son las matrices de incidencia de los "efectos fijos", de los efectos aleatorios directos y maternos, respectivamente.
- **β** es el vector de los "efectos fijos", que incluye:
  - rebaño* año de parto* controlador ( 2860 niveles).
  - el mes de parto (12 niveles).
  - la interacción número de parto *sexo del ternero (4 niveles).
- $\mathbf{u_d}$ es el vector de los efectos directos, cuya distribución es $\mathbf{N(\,0,\, A\sigma^2_d)}$, donde **A** es la matriz de parentesco de los animales y $\sigma^2_d$ , la varianza de los efectos directos.
- $\mathbf{u_m}$ es el vector de los efectos maternos, cuya distribución es $\mathbf{N(\,0,\, A\sigma^2_m)}$, donde $\sigma^2_m$, es la varianza de los efectos maternos.
- **ε** es el vector de los efectos aleatorios residuales, cuya distribución es $\mathbf{N(\,0,\, I\,\sigma^2_e)}$ siendo **I** la matriz de identidad y $\sigma^2_e$ la varianza residual.

Para la aplicación y resolución del modelo, se utilizó el paquete **VCE** (Groeneveld 1998) en la estimación de componentes de varianza y el paquete **PEST** (Groeneveld *et al.* 1990) para la predicción de los valores genéticos de los animales. Para la estimación de los componentes de varianza se utilizó una sola cadena de Gibbs, con una longitud de 135000 muestras, de las que se descartaron las 35000 primeras.

*2) Modelo macho abuelo materno aplicando metodología umbral (MAMU)*

$$\mathbf{y= X\,\beta + Z_1 u_s + Z_2 u_{mgs} + \varepsilon},$$

donde el efecto directo es $\mathbf{u_s}$, que corresponde al vector de los valores genéticos de los machos, cuya distribución es $\mathbf{N(\,0,\, A\sigma^2_s)}$, donde **A** es la matriz de parentesco de los machos y $\sigma^2_s$ es la varianza del efecto macho y $\mathbf{u_{mgs}}$ que corresponde al efecto materno, es el vector de los valores genéticos de los abuelos maternos de los terneros, cuya distribución es $\mathbf{N(\,0,\, A\sigma^2_{smgs})}$, siendo $\sigma^2_{smgs}$ la varianza del efecto materno.

El software utilizado tanto para la estimación de los componentes de varianza como para la estimación de los componentes genéticos es el **MTGSAM**(Van Tassell y Van Vleck 1996). Para la estimación de los componentes de varianza se utilizó una sola cadena de 275000 muestras de longitud, descartándose las 5000 primeras. Además, las muestras fueron guardadas cada 10 iteraciones, con lo que el total de muestras fue de 27000.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados preliminares, a pesar de no haber alcanzado la convergencia deseada, se presentan en la siguiente tabla.

**Tabla nº2. Parámetros genéticos estimados utilizando ambos modelos**

| MODELO | $\sigma^2_d$ | $\sigma^2_s$ | $\sigma^2_m$ | $\sigma^2_{mgs}$ | $\sigma_{dm}$ | $\sigma^2_e$ | $h^2_d$ | $h^2_m$ | $\rho_{dm}$ |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| MAML | 0.008 | - | 0.004 | - | -0.005 | 0.124 | 0.06 | 0.033 | -0.546 |
| MAMU | - | 0.0048 | - | 0.0022 | -0.0056 | 0.1423 | 0.128 | 0.064 | -0.412 |

De acuerdo a lo esperado y puesto que la metodología umbral se adecua de mejor manera a los caracteres categóricos (Gianola 1983; Weller y Gianola 1989), las estimas de heredabilidad fueron mayores en el modelo MAMU. Las estimas de la varianza del efecto materno fueron en ambos modelos la mitad de las correspondientes a los efectos directos, acorde a lo presentado por otros autores (Luo *et al.* 2002).

Las estimas de la correlación genética obtenidas por ambos modelos son negativas, al igual que las obtenidas en otros estudios(Groen *et al.* 1998). Las correlaciones de Pearson y Spearman entre los valores genéticos obtenidos con ambos modelos se muestran en la Tabla nº 3.

**Tabla nº 3. Correlaciones entre los valores genéticos obtenidos por los modelos MAMU y MAML.**

| Correlación de Pearson | Correlación de Spearman |
|---|---|
| 0.74 | 0.71 |

Analizando los resultados, se puede afirmar que la ordenación de los animales según su valoración genética variará de forma notable en función del modelo utilizado, de acuerdo a los resultados obtenidos anteriormente en esta población (Alday *et al.* 1997), aunque en desacuerdo con lo publicado por otros autores (Weller y Gianola 1989). Sin embargo, estos mismos autores comentan que las correlaciones pueden ser diferentes cuando se trabaja con datos extremadamente desequilibrados con respecto a los efectos del modelo y en nuestro caso el escaso porcentaje de datos en la clase 3, puede estar condicionando los resultados obtenidos.

Será necesario volver a realizar los análisis una vez se hayan solucionado los problemas de convergencia. Asimismo se prevé la aplicación de un modelo animal bajo la metodología umbral, con el fin de poder predecir los valores genéticos de las hembras, aspecto interesante demandado por los ganaderos.

### REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS


Alday, S., E. Ugarte y C. Ugarte (1997). ITEA Volumen Extra, Número 18 - Tomo I: 333-335.

Dematawewa, C. M. B. y P. J. Berger (1997). Journal of Dairy Science 80: 754-761.

Ducrocq, V. (2000). Proceedings of the 2000 Interbull meeting, Bled, Slovenia: 123-130

Gianola, D. (1983). Journal of Animal Science 54: 1079-1096.

Groen, A. F., J. P. J. M. Van Aubel y A. A. Hulzebosch (1998). Proc. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, Australia.

Groeneveld, E. (1998). VCE4; Users Guide and Reference Manual Vs 1.3.

Groeneveld, E., M. Kovac y T. Wang (1990). Proceedings of 4th World Congress on Genetics applied to Livestock Production.

Luo, M. F., B. P. J., D. J.C.M. y L. R. Schaeffer (2002). Livestock Production Science 74: 175-184.

Mc Guirk, B. J., I. Going y A. R. Gilmour (1999). Animal Science 68: 413-422.

Van Tassell, C. P. y L. D. Van Vleck (1996). Journal of Animal Science 74: 2586-2597.

Weller, J. I. y D. Gianola (1989). Journal of Dairy Science 72: 2633-2643.