ESTIMACIÓN DE LA CORRELACION GENETICA ENTRE SEXOS EN LOS CARACTERES PRODUCTIVOS DE LA RAZA BOVINA PIRENAICA

Archanco, C.[1], Blanco, A.[1], Castillo, AJ.[1], Domingo, V.[1], Oliver, L.[1], Segarra, A.[1], Tena, B.[1], Altarriba, J, Moreno, C. y Varona, L.
Unidad de Genética Cuantitativa y Mejora Animal. Facultad de Veterinaria. 50013.
Zaragoza.lvarona@unizar.es
[1] Todos los autores contribuyen en el mismo grado a la realización del trabajo.

INTRODUCCIÓN

Los modelos habituales de evaluación genética asumen que los caracteres expresados en machos y hembras están determinados por el mismo patrimonio genético. Pese a todo hay numerosas evidencias de heterogeneidad tanto en la media como en la varianza, que se han atribuido tanto a un efecto de escala, como al diferente grado de madurez alcanzado por cada sexo a una edad determinada.
Tradicionalmente los modelos de evaluación incluyen un efecto sistemático para corregir la influencia en la media y, en ocasiones, también se ha utilizado un modelo de varianza heterogéneas entre sexos para corregir diferencias en la variabilidad (Varona et al., 1997).
Estos dos planteamientos asumen que la regulación genética de los caracteres expresados en machos y hembras son equivalentes, y, bajo esta asunción, la correlación genética entre ambos en un modelo multicaracter debería ser uno. En este trabajo se pretende verificar esta hipótesis mediante la estimación de la correlación genética entre sexos para siete caracteres de crecimiento y producción en la Raza Bovina Pirenaica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para este trabajo se han utilizado datos de peso al nacimiento (PN), peso a los 120 días (P120) y peso a los 210 días (P210), proporcionados por CONASPI- Confederación Nacional de Asociaciones de Vacuno Pirenaico-, y Peso de la canal fría (PC), Conformación (CONF), Cobertura Grasa (CG) y Color (COL), procedentes del Sistema Nacional de Identificación y Movimiento de Ganado Bovino (SIMOGAN). El número de individuos registrados, la media y la desviación típica para cada carácter se presentan en la Tabla 1. Una descripción más amplia de estos caracteres puede encontrarse en Altarriba et al. (2009).
Se ha realizado un análisis bayesiano bicaracter mediante muestreo de Gibbs utilizando el programa TM (Legarra et al., 2008). El modelo de evaluación incluyó los efectos sistemáticos estación, explotación y año, además de matadero para PC, CONF, CG y Col y una covariada con la edad. En cada análisis se realizaron 225000 iteraciones y se descartaron las 25000 primeras.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las medias y desviaciones típicas posteriores de las heredabilidades y correlaciones genéticas se presentan en la Tabla 2. Los estimadores posteriores de la heredabilidad estuvieron en el rango de las estimaciones previas disponibles tanto en esta población (Altarriba et al., 2009), como en otras poblaciones de vacuno de carne (Rios-Utrera y Van Vleck, 2004). Los resultados son muy similares entre machos y hembras para los caracteres de crecimiento pero difieren en mayor medida para los caracteres registrados en matadero, mostrando una heredabilidad mayor en hembras.
Las medias posteriores de las correlaciones genéticas entre sexos fueron siempre positivas, aunque se observó cierta variabilidad en los resultados. Los estimadores de correlaciones genéticas de los caracteres de crecimiento a edades más tempranas fueron más cercanos a uno (0.92 para PN y P120), alejándose de la correlación total a medida que los individuos alcanzan edades más maduras (0.87 para P210 y 0.79 para PC). Este fenómeno se explica gracias a los diferentes grados de madurez a los 210 días y al sacrificio entre machos y

hembras, y, posiblemente a la expresión inicial de genes relacionados con los procesos hormonales diferenciados.
Los caracteres registrados en el matadero (CONF, CG y COL) mostraron correlaciones genéticas inferiores a los caracteres de crecimiento. Como en el caso anterior se trata de caracteres registrados a edad más avanzada y, además, incluyen la incertidumbre asociada a una valoración subjetiva por parte de un evaluador, que puede interpretar y definir criterios alternativos para machos y hembras.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.

● Altarriba, J., Yague, G., Moreno, C. & Varona, L. 2009. Exploring possibilities of the traceability data for genetic improvement in the Pirenaica Beef Cattle Breed. Lives. Sci. (Submited). ● Legarra, A., Varona, L. & Lopez de Maturana, E.. 2008. Threshold Model. http://cat.toulouse.inra.fr/~alegarra/ ● Rios-Utrera, A. & Van-Vleck, L. D. 2004. Heritability estimates for carcass traits of cattle: a review. Genet. Mol. Res. 3:380-394. ● Varona, L, Moreno, C., García-Cortés, L.A. & Altarriba, J. 1997. Model determination in a case of heterogeneity of variance using sampling techiques. J. Anim. Breed. Genet. 114:1-12.

Tabla 1. *Número de individuos (N), media y desviación típica (DT) para PN, P120, P210, PC, CONF, CG y COL.*

	PN	P120	P210	PC	CONF	CG	COL
N	52559	26188	15559	20011	15809	13740	3478
Media	41.66	165.3	264.8	297.7	3.67	2.16	2.26
DT	5.01	45.76	58.87	55.21	0.46	0.51	0.34

Tabla 2. *Medias y desviaciones típicas posteriores (entre paréntesis) para las heredadilidades (h_m^2 y h_h^2) y correlaciones genéticas (r_a) de PN, P120, P210, PC, CONF, CG y COL.*

	PN	P120	P210	PC	CONF	CG	COL
h_m^2	0.37 (0.01)	0.39 (0.02)	0.41 (0.03)	0.38 (0.03)	0.31 (0.04)	0.18 (0.03)	0.25 (0.05)
h_h^2	0.33 (0.01)	0.37 (0.02)	0.43 (0.03)	0.44 (0.05)	0.45 (0.06)	0.28 (0.05)	0.46 (0.12)
r_a	0.92 (0.02)	0.92 (0.03)	0.87 (0.05)	0.79 (0.07)	0.55 (0.10)	0.79 (0.07)	0.35 (0.17)

GENETIC CORRELATION BETWEEN SEXES IN PRODUCTIVE TRAITS OF THE PIRENAICA BEEF CATTLE BREED.

ABSTRACT: Models for genetic evaluation usually assumed that genes involved in the phenotypic expression of quantitative traits in males and females are the same. However, there are substantial evidences of heterogeneity at mean or variance level. The objective of this study is to estimate the genetic correlation between sexes in seven traits of the Pirenaica Beef Cattle breed. Traits included in the analysis were PN (Birth Weight), P120 (Weight at 120 days), P210 (Weight at 210 days), PC (Cold Carcass Weight), CONF (Conformation Score), CG (Fat Cover Score) and COL (Color score). The posterior mean (and standard deviation) estimates for the genetic correlations were 0.92 (0.02), 0.92 (0.03), 0.87 (0.05), 0.79 (0.07), 0.55 (0.10), 0.79 (0.07) and 0.35 (0.17) for PN, P120, P210, PC, CONF, CG and COL, respectively.
Keywords: *Beef Cattle, Genetic correlation, Sex, Growth, Carcass*