



Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias

ISSN: 2007-1124

garcia.zeferino@inifap.gob.mx

Instituto Nacional de Investigaciones

Forestales, Agrícolas y Pecuarias

México

Domínguez-Viveros, Joel; Rodríguez-Almeida, Felipe Alonso; Núñez-Domínguez, Rafael; Ramírez-Valverde, Rodolfo; Ruiz-Flores, Agustín

Parámetros genéticos y tendencias genéticas para características de comportamiento en ganaderías de lida mexicanas

Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias, vol. 5, núm. 3, 2014, pp. 261-271

Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias

Morelos, México

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=265632452001>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Parámetros genéticos y tendencias genéticas para características de comportamiento en ganaderías de lidia mexicanas

Genetic parameters and genetic trends for behavior traits in Mexican bullfighting herds

Joel Domínguez-Viveros^a, Felipe Alonso Rodríguez-Almeida^a, Rafael Núñez-Domínguez^b,
Rodolfo Ramírez-Valverde^b, Agustín Ruiz-Flores^b

RESUMEN

Los objetivos del presente estudio fueron: estimar componentes de varianza; calcular heredabilidades (h^2) y correlaciones genéticas (r_g); predecir valores genéticos (VG), y analizar las tendencias a través del tiempo. Se analizó la información de comportamiento en cuatro ganaderías de lidia mexicanas: Los Encinos (ENC), Montecristo (MCR), San José (SJO) y Fernando de la Mora (FMO). La información analizada correspondió a las notas de tienta al caballo (TC), tienta a pie (TP), lidia a caballo (LC) y lidia a pie (LP). El número de observaciones osciló de 154 a 2,369 y el número de animales en los pedigrís varió de 3,246 a 8,962; se realizó un análisis multivariado con el software MTDFREML. Las heredabilidades obtenidas fueron de 0.09 ± 0.05 a 0.47 ± 0.22 , y un promedio de 0.28 ± 0.09 ; la h^2 promedio por características fue de 0.33 ± 0.06 para TC y TP, 0.23 ± 0.14 para LC y 0.27 ± 0.12 para LP. Todas las r_g fueron positivas y superiores a 0.50; con excepción en TP y LP (0.44 ± 0.38) en FMO y TC y LP (0.28 ± 0.14) en MCR. La r_g promedio dentro de ganadería fue de 0.71 ± 0.14 en MCR, 0.77 ± 0.35 en FMO, 0.78 ± 0.18 en ENC y 0.85 ± 0.31 en SJO. Las tendencias de los VG fueron positivas y diferentes de cero ($P < 0.02$), excepto en LP de FMO ($P > 0.05$). La ganancia por año, como parte porcentual de la media, osciló de 0.19 % en LC de FMO a 1.5 % en TP de ENC. Las estimaciones de heredabilidad y la variabilidad de los valores genéticos sugieren su utilidad en programas de selección, favoreciendo un mayor progreso genético.

PALABRAS CLAVE: Heredabilidad, Correlación genética, Tendencia genética, Valor genético, Selección, Toros de lidia.

ABSTRACT

The aims of this study were to estimate variance components; calculate heritability (h^2) and genetic correlations (r_g) predict breeding values (VG) and evaluate their trends over time. Behavior information was analyzed for four Mexican bullfighting ranches: Los Encinos (ENC), Montecristo (MCR), San José (SJO) y Fernando de la Mora (FMO). The analyzed information included was horse tienta (TC), foot tienta (TP), horse bullfight (LC) and foot bullfight (LP). The number of observations ranged from 154 to 2,369, the number of animals in the pedigrees varied from 3,246 to 8,962. Multivariate analyses were conducted using the MTDFREML software. The estimates of h^2 were from medium to high magnitude, in a range from 0.09 ± 0.05 to 0.47 ± 0.22 , and an average of 0.28 ± 0.09 . The average of h^2 by trait was 0.33 ± 0.06 for TC and TP, 0.23 ± 0.14 for LC and 0.27 ± 0.12 for LP. All r_g were positive and higher than 0.50, with the exception of TP and LP (0.44 ± 0.38) in FMO, and TC and LP (0.28 ± 0.14) in MCR. The average of the r_g within ranches was 0.71 ± 0.14 in MCR, 0.77 ± 0.35 in FMO, 0.78 ± 0.18 in ENC, and 0.85 ± 0.31 in SJO. The trends of the VG were positive and nonzero ($P < 0.02$), with the exception of LP in FMO ($P > 0.05$). The magnitude of the genetic gain per year, as a percentage of the mean, ranged from 0.19 % in LC of FMO to 1.5 % in TP of ENC. The variability of VG suggests its use in breeding programs to promote greater genetic progress.

KEY WORDS: Heritability, Genetic correlation, Genetic trend, Breeding value, Selection, Fighting bull.

Recibido el 5 de marzo de 2012. Aceptado el 17 de septiembre de 2012

^a Facultad de Zootecnia y Ecología, Universidad Autónoma de Chihuahua. Periférico Francisco R. Almada km 1. 31453 Chihuahua, Chihuahua. México. Fax: 6144340345. frodrigu@uach.mx. Correspondencia al segundo autor.

^b Posgrado en Producción Animal, Departamento de Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo, Estado de México. México.

INTRODUCCIÓN

En las evaluaciones genéticas se analiza la información genealógica y de comportamiento productivo en dos fases: 1) estimación de componentes de varianza y cálculo de parámetros genéticos; 2) predicción de valores genéticos y su presentación como diferencias esperadas en la progenie⁽¹⁾. Parámetros genéticos como la heredabilidad y la correlación genética caracterizan a las poblaciones de acuerdo con las influencias genéticas, y permiten definir los programas de selección^(2,3). La predicción de valores genéticos aporta herramientas objetivas para la identificación de individuos genéticamente superiores y su selección como futuros reproductores⁽⁴⁾. Posteriormente, para cuantificar los resultados de la selección practicada por los criadores, se requiere estimar y analizar las tendencias en los valores genéticos, a fin de redefinir y mejorar los esquemas actuales de selección⁽⁵⁾.

La ganadería de lidia se ha desarrollado en todo México, en muy diversos ambientes y con el mínimo contacto o manejo por el hombre^(6,7). Estos sistemas de producción y las características de su mercado, tienen sus particularidades, que deben considerarse al establecer un programa de mejoramiento genético con base en evaluaciones genéticas y selección. Los bovinos de Lidia se consideran una raza especializada, cuyos objetivos de selección se fundamentan en obtener animales que muestren un buen desempeño en la plaza durante la lidia; los criterios de selección consideran el comportamiento o conducta de las vaquillas y toretes durante la tienta, y el de los toros durante la lidia.

En la literatura revisada no se encontraron estudios que realicen evaluaciones genéticas para variables relacionadas con los criterios y objetivos de selección en ganaderías de lidia mexicanas. Por tanto, los objetivos del presente estudio fueron analizar la información genealógica y de comportamiento de cuatro ganaderías de lidia mexicanas para: a) estimar componentes de varianza; b) calcular parámetros genéticos:

INTRODUCTION

Genetic evaluations involve analyses of genealogical and performance data in two phases: 1) variance component estimation and genetic parameter calculation; and 2) genetic value prediction and presentation of expected progeny differences⁽¹⁾. Genetic parameters such as heritability and genetic correlation characterize populations based on genetic influences, allowing definition of selection programs^(2,3). Genetic prediction values provide objective tools to identify genetically superior individuals for selection as future reproductive animals⁽⁴⁾. Also, quantifying selection results requires estimating and analyzing genetic value trends to redefine and improve current selection systems⁽⁵⁾.

Raising of bulls for bullfighting is done throughout Mexico, in diverse environments and with minimum contact and handling by humans^(6,7). These production systems and the markets they serve are very particular, and would have specific needs in any improvement program based on genetic evaluation and selection. Bullfight cattle are considered a specialized breed. Selection objectives for this breed are based on producing animals that perform well during the bullfight. Selection criteria consider calf and young bull behavior during a testing phase (*tienta*) and of bulls during bullfights.

There are not reported studies involving genetic variables related to selection criteria and objectives in Mexican bullfight cattle. The objectives of the present study were to analyze genealogical and behavioral data for four Mexican bullfight herds to estimate variance components, calculate the genetic parameters of heritability and genetic correlations, predict genetic values and analyze behavior over time.

MATERIALS AND METHODS

Pedigree and performance data from four Mexican bullfight cattle ranches were analyzed:

heredabilidades y correlaciones genéticas; c) predecir valores genéticos y analizar su comportamiento a través del tiempo.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se analizó la información genealógica y de comportamiento de cuatro ganaderías de lidia mexicanas: Los Encinos (ENC), Montecristo (MCR), San José (SJO) y Fernando de la Mora (FMO); las características, orígenes y referencias de las ganaderías evaluadas se describen en las publicaciones de Castillo⁽⁷⁾ y Domínguez-Viveros *et al*⁽⁸⁾. La información de comportamiento estuvo conformada por las notas de *tienta* y de lidia. La *tienta* es una prueba de comportamiento que el ganadero realiza alrededor de los dos años de edad para la selección de futuros reproductores y para definir qué toros enviará a los diferentes festejos o corridas. En lo particular, la *tienta* al caballo describe el comportamiento del animal al embestir al picador, con el objetivo de resaltar la bravura que demuestran al seguir peleando y presentar resistencia al castigo. La *tienta* a pie define el comportamiento del animal ante el torero, los movimientos y características de la embestida, el recorrido de la embestida cerca del torero siguiendo la muleta, así como casos particulares como la posición de las manos y la cabeza, entre otras características. A la lidia solo envían a los machos y se divide en tres partes o tercios: al caballo o pica, banderillas y al torero o a pie. El buen desempeño de los toros en la lidia es el principal objetivo de los criadores, y de igual forma que en la *tienta*, es de interés evaluar el comportamiento al caballo (lidia a caballo) y al torero (lidia a pie).

Al finalizar la *tienta* o la lidia, el ganadero asigna una clasificación que resume el comportamiento del animal. El conjunto de nueve categorías que utilizan las cuatro ganaderías evaluadas son: malo, menos que regular, regular, más que regular, menos que bueno, bueno, más que bueno, muy bueno y superior. Para fines de estudio dichas calificaciones se transformaron en valores que van del uno al nueve, siendo

Los Encinos (ENC), Montecristo (MCR), San José (SJO) and Fernando de la Mora (FMO). The characteristics, origins and references for the evaluated herds were described by Castillo⁽⁷⁾ and Domínguez-Viveros *et al*⁽⁸⁾. Behavioral data was collected from *tienta* and bullfighting notes. *Tienta* is a behavioral test done by the producer when bulls are about two years of age. It serves to select future reproductive animals and to decide which bulls will be sent to different festivals and bullfights. *Tienta* with a horse helps to define an animal's behavior as it charges the *picador* (mounted lancer), and demonstrates its ferocity, will to fight and resistance to pain. *Tienta* on foot defines its behavior vis-à-vis a matador, its movements, and particularities when charging, how it follows the cape and specific traits such as hoof and head positioning. Only males are sent to bullfights, which are divided into three stages: pica (mounted with lances); banderillas (using short harpoons); and torero (on foot with a sword and cape). A worthy performance during the bullfight is the main objective of producers, and bulls are watched to evaluate their behavior during all three stages.

After a *tienta* or bullfight, a producer assigns the bull a classification summarizing its behavior. The four ranches that produced the present data employ a nine-point scale: bad; less than regular; regular, more than regular; less than good; good, more than good; very good; and superior. To analyze these classifications, these were transformed into numerical values from one (bad) to nine (superior). Descriptive statistics were generated for four variables: horse *tienta* (TC); foot *tienta* (TP); horse bullfight (LC); and foot bullfight (LP). The analyzed data was generated between 1994 and 2010 at ENC; from 1978 to 2009 at MCR; from 1995 to 2002 for FMO and from 1995 to 2002 for SJO.

Within each ranch, a multivariate analysis of all four variables was run adjusting the following mixed model:

$y = Xb + Za + e$, where y is the behavior

uno la calificación más baja (malo) y nueve la más alta (superior).

En el Cuadro 1 se presentan los estadísticos descriptivos de las cuatro variables analizadas: tienta al caballo (TC), tienta a pie (TP), lidia al caballo (LC) y lidia a pie (LP); así como la cantidad de individuos que conformaron las genealogías en los pedigrís. La información de comportamiento analizada se generó en los años de 1994 a 2010 en ENC; de 1978 a 2009 en MCR; de 1995 a 2002 en FMO; y de 1995 a 2002 en SJO.

Dentro de ganadería se realizó un análisis multivariado considerando las cuatro variables a la vez a partir del siguiente modelo mixto: $\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{e}$; donde \mathbf{y} es el vector de registros de comportamiento para cada variable de nota de tienta o de nota de lidia; \mathbf{b} es el vector de efectos fijos incluyendo los grupos contemporáneos definidos por la combinación de sexo, año y época de nacimiento, más la covariable lineal de edad del individuo a la nota de tienta o nota de lidia; \mathbf{a} es el vector de efectos aleatorios, genéticos aditivos directos; \mathbf{e} es el vector de residuales aleatorios; \mathbf{X} y \mathbf{Z} son matrices de incidencia que relacionan a las observaciones en \mathbf{y} con los respectivos efectos. Las suposiciones del modelo fueron: $\mathbf{E}[\mathbf{y}] = \mathbf{Xb}$, $\mathbf{E}[\mathbf{a}] = \mathbf{0}$ y $\mathbf{E}[\mathbf{e}] = \mathbf{0}$; la matriz de varianzas y covarianzas quedo conformada de la siguiente forma:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma^2_{a_1} & A\sigma_{a_1a_2} & A\sigma_{a_1a_3} & A\sigma_{a_1a_4} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a_1a_2} & A\sigma^2_{a_2} & A\sigma_{a_2a_3} & A\sigma_{a_2a_4} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a_1a_3} & A\sigma_{a_2a_3} & A\sigma^2_{a_3} & A\sigma_{a_3a_4} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a_1a_4} & A\sigma_{a_2a_4} & A\sigma_{a_3a_4} & A\sigma^2_{a_4} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma^2_{e_1} & \sigma_{e_1e_2} & \sigma_{e_1e_3} & \sigma_{e_1e_4} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{e_1e_2} & \sigma^2_{e_2} & \sigma_{e_2e_3} & \sigma_{e_2e_4} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{e_1e_3} & \sigma_{e_2e_3} & \sigma^2_{e_3} & \sigma_{e_3e_4} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{e_1e_4} & \sigma_{e_2e_4} & \sigma_{e_3e_4} & \sigma^2_{e_4} \end{bmatrix}$$

donde: A es la matriz de las relaciones genéticas aditivas entre los animales en el pedigrí; $\sigma^2_{a_i}$ varianzas de efectos genéticos aditivos directos; $\sigma_{a_ia_j}$ covarianzas entre efectos genéticos aditivos directos; $\sigma^2_{e_i}$ varianzas residuales; $\sigma_{e_ie_j}$ covarianzas entre efectos residuales. Los análisis estadísticos se realizaron con la metodología del modelo animal – BLUP utilizando el software MTDFREML⁽⁹⁾; se estimaron los componentes de varianza, así como las heredabilidades (h^2) y correlaciones genéticas (r_g) con sus respectivos errores estándar⁽¹⁰⁾; posteriormente, se obtuvieron las soluciones BLUP de las ecuaciones de modelos mixtos de Henderson, correspondientes a los valores genéticos (VG) predichos de las características evaluadas.

record vector for each variable by *tienta* or *bullfight*; \mathbf{b} is the fixed effects vector including contemporary groups defined by the combination of sex, year and birth season plus the individual age linear covariable by *tienta* or *bullfight*; \mathbf{a} is the random effect of direct genetic additives vector; \mathbf{e} is the random residuals vector; and \mathbf{X} and \mathbf{Z} are incidence matrices that relate the observations in \mathbf{y} to the respective effects. Model assumptions were $\mathbf{E}[\mathbf{y}] = \mathbf{Xb}$, $\mathbf{E}[\mathbf{a}] = \mathbf{0}$, and $\mathbf{E}[\mathbf{e}] = \mathbf{0}$. The variance and covariance matrix is as follows:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma^2_{a_1} & A\sigma_{a_1a_2} & A\sigma_{a_1a_3} & A\sigma_{a_1a_4} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a_1a_2} & A\sigma^2_{a_2} & A\sigma_{a_2a_3} & A\sigma_{a_2a_4} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a_1a_3} & A\sigma_{a_2a_3} & A\sigma^2_{a_3} & A\sigma_{a_3a_4} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a_1a_4} & A\sigma_{a_2a_4} & A\sigma_{a_3a_4} & A\sigma^2_{a_4} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma^2_{e_1} & \sigma_{e_1e_2} & \sigma_{e_1e_3} & \sigma_{e_1e_4} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{e_1e_2} & \sigma^2_{e_2} & \sigma_{e_2e_3} & \sigma_{e_2e_4} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{e_1e_3} & \sigma_{e_2e_3} & \sigma^2_{e_3} & \sigma_{e_3e_4} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{e_1e_4} & \sigma_{e_2e_4} & \sigma_{e_3e_4} & \sigma^2_{e_4} \end{bmatrix}$$

where: A = is the matrix of additive genetic relationships among animals in the pedigree; $\sigma^2_{a_i}$ = direct additive genetic effect variances; $\sigma_{a_ia_j}$ = direct additive genetic effect covariances; $\sigma^2_{e_i}$ = residual variances; and $\sigma_{e_ie_j}$ = residual effects covariances. Statistical analyses were run using the best linear unbiased prediction (BLUP) animal model methodology in the MTDFREML software⁽⁹⁾; estimates were made of the variance components, heritabilities (h^2) and genetic correlations (r_g), all with standard errors⁽¹⁰⁾. Finally, the BLUP solutions were calculated for the Henderson mixed model equations corresponding to the predicted genetic values (VG) of the evaluated traits.

Previously, four statistical analyses were done. The first used the univariate program of the SAS statistical analysis program⁽¹¹⁾ and the Kolmogorov statistical test to verify that the analyzed behavioral data met normality specifications^(4,12). In the second, the GLM procedure in the SAS program⁽¹¹⁾ was used to analyze variance to characterize the population as a function of non-genetic (environmental) effects and to define the contemporary groups structure and the covariables to include in the fixed effects. Third, the Milc software program⁽¹³⁾ was used to analyze genetic connectivity between and within ranches via contemporary groups. Fourth and finally, an evaluation was done including maternal effects in the models employed; the likelihood ratio test⁽¹⁴⁾ confirmed that these effects did not

Cuadro 1. Descripción de la información genealógica y de comportamiento analizada en las ganaderías de lidia evaluadas (media \pm desviación estandar)

 Table 1. Genealogical and behavioral data from the evaluated bullfight cattle ranches (mean \pm standard deviation)

Ranch	Evaluated Traits [§]				Pedigree	
	Horse <i>Tienta</i>	Foot <i>Tienta</i>	Horse bullfight	Foot bullfight	n	RBV
Los Encinos	2369 (134) 5.0 \pm 1.8	1432 (99) 5.0 \pm 1.8	792 (42) 5.2 \pm 1.7	820 (43) 4.8 \pm 1.9	6542	1904–2010
Montecristo	3521 (86) 4.2 \pm 1.7	2695 (78) 4.8 \pm 1.8	627 (33) 4.7 \pm 1.2	1168 (41) 4.5 \pm 1.8	8962	1904–2009
Fernando de la Mora	1068 (28) 5.6 \pm 1.7	966 (27) 5.9 \pm 1.8	154 (11) 6.0 \pm 1.6	222 (11) 5.9 \pm 1.9	3246	1938–2002
San José	844 (26) 4.5 \pm 1.7	504 (23) 4.8 \pm 1.8	202 (10) 4.8 \pm 1.7	203 (11) 4.5 \pm 1.6	5875	1904–2002

[§] Number of observations (number of contemporary groups); (notes only apply to males).

n= number; RBV= range of birth years.

Se realizaron cuatro análisis previos: 1) con el procedimiento univariate del programa de análisis estadístico SAS⁽¹¹⁾ y con la prueba estadística de Kolmogorov se verificó que la información de comportamiento analizada cumpliera con las especificaciones de normalidad^(4,12); 2) con el procedimiento GLM de SAS⁽¹¹⁾ se realizaron análisis de varianza para caracterizar a la población en función de los efectos no genéticos (ambientales) y definir la estructura de grupos contemporáneos y covariables a incluir en la parte de efectos fijos; 3) la conectividad genética se analizó con el Software Milc⁽¹³⁾, entre ganaderías y dentro de ganaderías, a través de los grupos contemporáneos; y, 4) se evaluó el incluir los efectos maternos a los modelos utilizados, y con la prueba de razón de verosimilitudes⁽¹⁴⁾ se confirmó que los efectos maternos no mejoraron el ajuste de los modelos. Para el análisis de efectos ambientales se definieron las épocas de nacimiento dentro de ganadería en función de la distribución de partos a través del año.

Todos los individuos con información de comportamiento son producto de monta natural; las ganaderías producen sus propios reemplazos y el número de sementales es muy reducido, la relación del número de vacas por semental puede ser de 40 o más. El intercambio de sementales a través de ganaderías es nulo, por consiguiente las ganaderías evaluadas no están

improve model fit. To analyze environmental effects, birth season were defined within each ranch as a function of calving dates distribution during the year.

All animals with behavioral data were the product of natural reproduction. The ranches produced their own replacements and have a reduced number of sires; the ratio of cows to sires can be 40 or more. Sire exchanges among herds does not occur, meaning that the evaluated ranches are genetically isolated from one another. Therefore, analyses were done independently within each herd. However, when using the number of contemporary groups within each herd the genetic connectivity analyses within the herds showed them to be genetically connected (Table 1). In the contemporary groups structure, the average number of individuals fluctuated from 14 for LV at FMO to 41 for TC at MCR. Using the regression analysis procedure in SAS⁽¹¹⁾, genetic trends were estimated with the average regression per year calculated for the predicted genetic values of each variable over animal birth year.

RESULTS AND DISCUSSION

Heritability estimates of h^2 (\pm standard error) were medium to high (0.09 \pm 0.05 to 0.47 \pm 0.22) with an overall mean of 0.28 \pm 0.09 (Table 2). Across average h^2 in the evaluated

conectadas genéticamente y los análisis se realizaron de manera independiente dentro de ganadería. No obstante, en el Cuadro 1 se presenta el número de grupos contemporáneos utilizados en los análisis de cada variable, que a partir del análisis de conectividad dentro de ganadería, se encontraban genéticamente conectados. En la estructura de grupos contemporáneos, el número promedio de individuos fluctuó a partir de 14 para LC en la ganadería FMO, hasta 41 para TC en la ganadería MCR. Para estimar las tendencias genéticas, se obtuvo la regresión del promedio por año de los valores genéticos predichos para cada variable, sobre el año de nacimiento del animal, utilizando el procedimiento para análisis de regresión del SAS⁽¹¹⁾.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las estimaciones de h^2 (\pm error estándar) del presente estudio (Cuadro 2) fueron de mediana a alta magnitud, en un intervalo de 0.09 ± 0.05 a 0.47 ± 0.22 , con un promedio general de 0.28 ± 0.09 ; además, la h^2 promedio a través de las características evaluadas fue de 0.33 ± 0.06 para TC y TP, 0.23 ± 0.14 para LC y 0.27 ± 0.12 para LP. En general, los errores estándar de las h^2 fueron menores o igual a 0.09, con excepción de LC y LP en las ganaderías FMO y SJO, con resultados mayores o igual a 0.18. Con estas estimaciones de h^2 existen altas probabilidades de lograr cambios genéticos importantes en estas características a través de selección. La h^2 es un valor relativo y no absoluto, en el sentido de que se aplica a una población en particular (la que sirvió para su estimación) y a una característica en particular; los valores se pueden extrapolar a otras poblaciones con similar estructura genética, historia, origen, etc., y que están expuestas a un medio ambiente similar⁽¹⁵⁾.

En estudios afines⁽¹⁶⁾, se han publicado estimaciones de 0.19 para h^2 de notas de tienta y notas de lidia en una ganadería de reses bravas de Colombia. Por otro lado, en una ganadería de lidia de España⁽¹⁷⁾, analizaron

Cuadro 2. Estimados parámetros genéticos[†] para las notas de tienta al caballo (TC), tienta a pie (TP), lidia al caballo (LC) y lidia a pie (LP) en las cuatro ganaderías de toros de lidia evaluadas

Table 2. Estimated genetic parameters[†] at four evaluated bullfight cattle ranches for horse *tienta* (TC), foot *tienta* (TP), horse bullfight (LC) and foot bullfight data (LP)

Ranch		TC	TP	LC	LP
ENC	TC	0.30 \pm 0.04			
	TP	0.79 \pm 0.07	0.32 \pm 0.05		
	LC	0.92 \pm 0.20	0.96 \pm 0.23	0.09 \pm 0.05	
	LP	0.49 \pm 0.16	0.85 \pm 0.13	0.69 \pm 0.29	0.18 \pm 0.07
MCR	TC	0.38 \pm 0.04			
	TP	0.64 \pm 0.06	0.32 \pm 0.04		
	LC	0.86 \pm 0.17	0.94 \pm 0.17	0.19 \pm 0.09	
	LP	0.28 \pm 0.14	0.81 \pm 0.13	0.70 \pm 0.15	0.25 \pm 0.06
FMO	TC	0.25 \pm 0.08			
	TP	0.93 \pm 0.05	0.25 \pm 0.08		
	LC	0.88 \pm 0.48	0.68 \pm 0.48	0.16 \pm 0.19	
	LP	0.73 \pm 0.30	0.44 \pm 0.38	0.95 \pm 0.39	0.22 \pm 0.18
SJO	TC	0.38 \pm 0.07			
	TP	0.87 \pm 0.08	0.43 \pm 0.08		
	LC	0.89 \pm 0.32	0.99 \pm 0.34	0.47 \pm 0.22	
	LP	0.63 \pm 0.18	0.87 \pm 0.13	0.86 \pm 0.22	0.41 \pm 0.18

ENC= Los Encinos, MCR= Montecristo, FMO= Fernando de la Mora and SJO= San José. [†]Genetic parameters: heritabilities above diagonal and genetic correlations below diagonal; \pm standard error.

traits were 0.33 ± 0.06 for TC and TP, 0.23 ± 0.14 for LC and 0.27 ± 0.12 for LP. Standard errors for h^2 were generally ≤ 0.09 , with the exception of LC and LP at FMO and SJO (≥ 0.18). These h^2 estimates show that possibilities of getting significant genetic changes through selection in the evaluated traits are high. Heritability (h^2) is a relative value, not absolute, in that it is applied to a specific population (that used to estimate it) and a specific trait. Values can be extrapolated to other populations in similar environments with similar genetic structure, history, origin, etc⁽¹⁵⁾.

A similar study of bullfight cattle in Colombia produced an estimated h^2 of 0.19 for *tienta*

catorce variables relacionadas con el comportamiento de los toros durante la lidia y reportaron estimaciones de h^2 en un intervalo de 0.08 a 0.35, con un promedio general de 0.25; de la misma forma, para variables asociadas a la lidia (agresividad, ferocidad y movilidad) se han reportado estimaciones de h^2 en un intervalo de 0.28 a 0.36⁽³⁾. En estudios relacionados con la estimación de parámetros genéticos en variables de comportamiento, investigadores⁽¹⁸⁾ obtuvieron 0.22 para docilidad o manejo en bovinos Limousin, a diferencia de Sartori y Mantovani⁽¹⁹⁾, quienes reportaron estimaciones de h^2 de 0.08 a 0.12 para características relacionadas con bravura o capacidad de lucha en bovinos Valdostana.

Todas las r_g (\pm error estándar) estimadas a través de las cuatro variables analizadas (Cuadro 2) fueron positivas, superiores a 0.50 y con máximos de 0.99; con la excepción de TP y LP (0.44 ± 0.38) en la ganadería FMO y TC y LP (0.28 ± 0.14) en la ganadería MCR. La r_g promedio, dentro de ganadería fue de 0.71 ± 0.14 en MCR, 0.77 ± 0.35 en FMO, 0.78 ± 0.18 en ENC y 0.85 ± 0.31 en SJO. Los errores estándar de las r_g , a través de ganaderías, fluctuaron de 0.06 a 0.48; dentro de ganaderías, los errores estándar más bajos fueron en MCR y ENC con estimaciones menores o iguales a 0.29. Las causas de las r_g entre dos variables pueden ser permanentes o transitorias; las causas permanentes se atribuyen al efecto de pleiotropía, mientras que las no permanentes se atribuyen al efecto de ligamiento o desequilibrio gamético; con el tiempo la correlación causada por ligamiento tiende a desaparecer^(2,15). Correlaciones genéticas, positivas y de baja magnitud (0.14 a 0.26) fueron reportadas⁽³⁾ a través de tres variables relacionadas con el comportamiento de los toros en la lidia. Por otro lado, Silva *et al*⁽¹⁷⁾ reportaron 83 correlaciones genéticas (de -0.97 a 0.87) calculadas a través de catorce variables que definen el comportamiento de los toros en la lidia; las r_g negativas correspondieron al 27 % de los resultados, con un promedio aritmético

and bullfight scores⁽¹⁶⁾. In a study in Spain⁽¹⁷⁾, analysis of fourteen bullfight behavioral variables produced h^2 estimates ranging from 0.08 to 0.35, with a 0.25 average. These values are similar to other h^2 estimates for bullfight behavioral variables (aggressiveness, ferocity and mobility), within an interval of 0.28 and 0.36⁽³⁾. In other studies for the estimation of genetic parameters for behavioral variables, a h^2 estimate of 0.22 was found⁽¹⁸⁾ for Limousin cattle, while for the Valdostana breed, h^2 values of 0.08 to 0.12 for traits related to ferocity and fight capacity⁽¹⁹⁾ was reported.

All the estimated r_g (\pm standard error) for the four analyzed variables were positive, greater than 0.50 and with a 0.99 maximum (Table 2). The exceptions were TP and LP (0.44 ± 0.38) at FMO, and TC and LP (0.28 ± 0.14) at MCR. Average r_g within each herd was 0.71 ± 0.14 at MCR, 0.77 ± 0.35 at FMO, 0.78 ± 0.18 at ENC and 0.85 ± 0.31 at SJO. Overall standard error values for r_g ranged from 0.06 to 0.48, with the lowest values at MCR and ENC (≤ 0.29). The causes of r_g between two variables can be permanent or transitory. Permanent causes are attributed to pleiotropy, while transitory causes are attributed to the effect of genetic linking or imbalance; the link caused by correlation tends to disappear over time^(2,15). In a previous study of three bullfight behavioral traits, positive and with low magnitude genetic correlations (0.14 to 0.26) were reported⁽³⁾. In another study of fourteen bullfight behavioral traits, 83 genetic correlations (-0.97 to 0.87) were calculated⁽¹⁷⁾; negative r_g values corresponded to 27 % of results (-0.33 arithmetic average) and positive values to 73 % (0.32 average).

The univariate analyses that consider a single trait, assume that correlations between characteristics are equal to zero, and that imbalance, or data loss, due to selection effects is random⁽²⁰⁾. However, these assumptions do not apply in the analyzed databases because certain genetic correlations can be expected between the traits included in selection criteria and those of interest in the selection objectives.

de -0.33, y las r_g positivas correspondieron al 73 % de los resultados, con un promedio aritmético de 0.32.

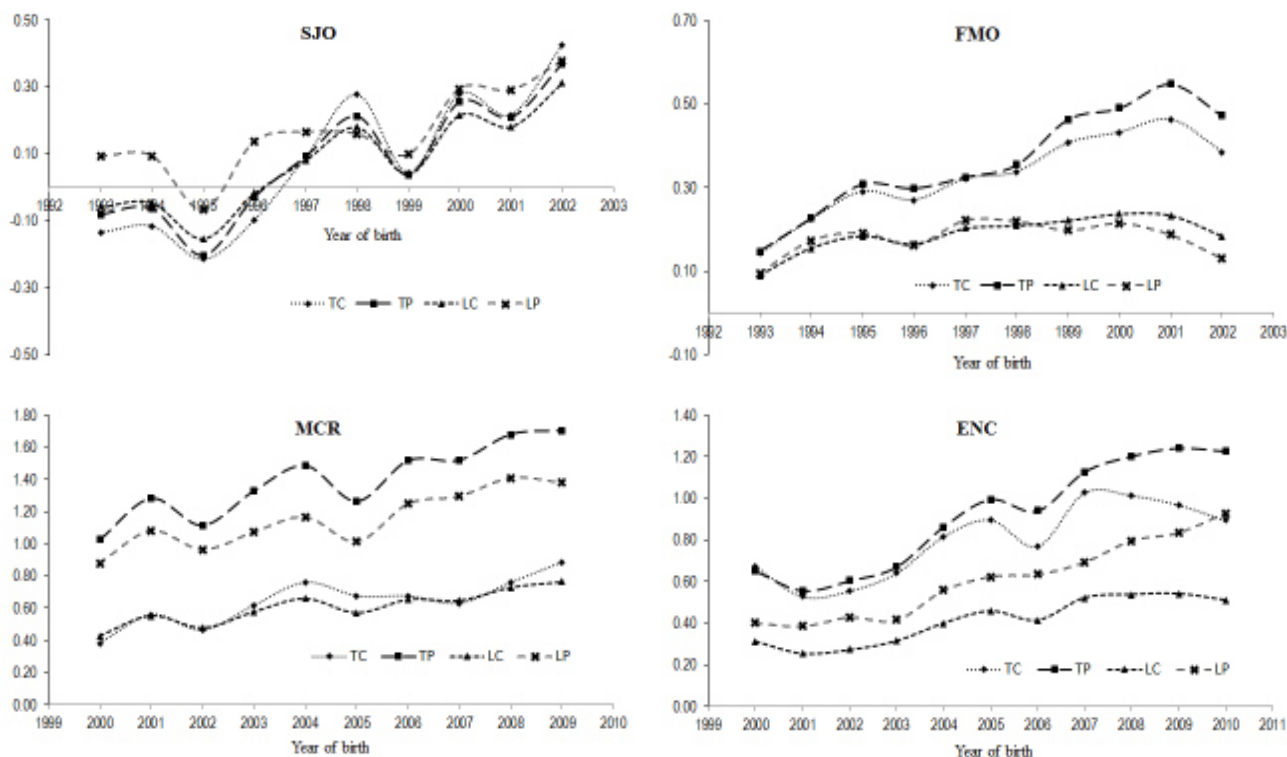
Los análisis univariados consideran una característica a la vez, suponen que las correlaciones entre las características son igual a cero y que el desbalance o la pérdida de datos por efectos de selección es aleatorio⁽²⁰⁾. Sin embargo, estas suposiciones no aplican a las bases de datos analizadas, dado que se esperarían ciertas correlaciones genéticas entre las características consideradas en los criterios de selección con aquellas de interés en los objetivos de selección; asimismo, el desbalance en la información es por efectos de selección y las condiciones del mercado, dado que solo se envían los machos a la lidia. Los análisis multivariados, como el realizado en el presente

In addition, data imbalance is due to selection and market condition effects since only males are sent to bullfights.

Multivariate analysis, like the used in the present study, involves simultaneous evaluation for two or more traits, taking into account possible correlations (mainly genetic) and their implications in the selection response^(20,21). Bias is reduced because of sequential selection or data reduction as the age of the evaluated traits increases⁽²²⁾. This kind of analysis also increases prediction accuracy through use of additional data from correlated traits, and therefore, in improvements in expected genetic gains⁽²³⁾. Finally, by including data for different characteristics gathered in different environments, it allows analysis of the effects of the genotype x environment interaction⁽²¹⁾.

Figura 1. Tendencia de los valores genéticos predichos para las variables de tienta al caballo (TC), tienta a pie (TP), lidia al caballo (LC) y lidia a pie (LP) dentro de las ganaderías evaluadas

Figure1. Trends in predicted genetic values for horse *tienta* (TC), foot *tienta* (TP), horse bullfight (LC) and foot bullfight (LP) by ranch (SJO= San José; FMO= Fernando de la Mora; MCR= Montecristo; ENC= Los Encinos)



estudio, comprenden la evaluación simultánea de animales para dos o más características, tomando en cuenta las posibles correlaciones (genéticas, principalmente) y sus implicaciones en la respuesta a la selección^(20,21); reducen el sesgo debido a la selección secuencial o reducción de información conforme aumenta la edad de las características evaluadas⁽²²⁾; mejoran la exactitud de las predicciones debido al uso de información adicional a través de características correlacionadas, trascendiendo en mejoras de la ganancia genética esperada⁽²³⁾; permiten evaluar los efectos de la interacción genotipo x ambiente, por considerar datos medidos en diferentes ambientes para diferentes características⁽²¹⁾.

Las tendencias (Figura 1) de los VG fueron positivas y diferentes de cero (Cuadro 3; $P < 0.02$), con la excepción de LP en la ganadería

The VG trends (Figure 1) were positive and differed from zero (Table 3; $P < 0.02$); the exception being LP in FMO, which was equal to zero ($P > 0.05$). Annual increases, based on the linear regression coefficients (β ; Table 3), ranged from 0.004 to 0.076, with a 0.042 overall average. Magnitude of the annual increase, expressed as a percentage (%) of the mean of each trait ($(\beta / \bar{y}) \times 100$), varied from 0.19 % for LC in FMO to 1.5 % for TP in ENC. Similar genetic changes have been reported for behavioral variables such as aggressiveness, ferocity and mobility⁽³⁾. Differences in genetic trends between populations and traits can be due to differences in genetic parameters, producer-defined selection objectives, and specific selection methodologies. For producers, the importance of understanding VG data over time lays in the ability to monitor genetic progress, redefine selection criteria and

Cuadro 3. Estadísticos descriptivos de los valores genéticos predichos y sus exactitudes; así como, los coeficientes de regresión lineal sobre las tendencias de los valores genéticos

Table 3. Predicted genetic values, their accuracies, and linear regression coefficients over genetic value trends

Ranch	Var	Predicted genetic values				Accuracies			Genetic trends	
		\bar{x}	\bar{x}_{na}	Min	Max	\bar{y}	Min	Max	$\beta \pm SE$	Pr
SJO	TC	0.00	0.00	-2.46	2.43	0.38	0.01	0.92	0.063 \pm 0.01	$P < 0.01$
	TP	0.02	0.00	-2.30	2.15	0.38	0.01	0.91	0.051 \pm 0.01	$P < 0.01$
	LC	0.03	0.00	-1.88	1.75	0.38	0.01	0.90	0.043 \pm 0.01	$P < 0.01$
	LP	0.11	0.04	-2.05	1.91	0.35	0.01	0.85	0.034 \pm 0.01	$P < 0.01$
MCR	TC	0.10	0.00	-2.08	2.47	0.62	0.01	0.96	0.042 \pm 0.01	$P < 0.01$
	TP	0.67	0.55	-1.72	3.38	0.60	0.01	0.95	0.068 \pm 0.01	$P < 0.01$
	LC	0.25	0.18	-0.95	1.63	0.62	0.01	0.96	0.032 \pm 0.01	$P < 0.01$
	LP	0.65	0.59	-1.18	2.73	0.55	0.01	0.90	0.053 \pm 0.01	$P < 0.01$
FMO	TC	0.23	0.19	-1.21	1.55	0.45	0.01	0.94	0.030 \pm 0.01	$P < 0.01$
	TP	0.25	0.21	-1.17	1.57	0.45	0.01	0.94	0.039 \pm 0.01	$P < 0.01$
	LC	0.14	0.11	-0.79	0.99	0.42	0.01	0.90	0.011 \pm 0.00	$P < 0.02$
	LP	0.13	0.10	-1.22	1.27	0.39	0.01	0.89	0.004 \pm 0.01	$P > 0.05$
ENC	TC	0.43	0.22	-1.99	3.15	0.50	0.01	0.95	0.045 \pm 0.01	$P < 0.01$
	TP	0.46	0.27	-2.08	3.22	0.49	0.01	0.94	0.076 \pm 0.01	$P < 0.01$
	LC	0.21	0.10	-0.97	1.42	0.49	0.01	0.94	0.030 \pm 0.00	$P < 0.01$
	LP	0.33	0.25	-1.18	2.01	0.44	0.01	0.91	0.056 \pm 0.01	$P < 0.01$

SJO= San José; MCR= Montecristo; FMO= Fernando de la Mora; ENC= Los Encinos; TC = horse *tienta*; TP= foot *tienta*; LC= horse bullfight; LP= foot bullfight; \bar{x} = mean; \bar{x}_{na} = Median; Min= Minimum; Max= maximum; \bar{y} = mean; β = linear regression coefficient; SE= standard error; Pr= Probability values.

FMO que resultó ser igual a cero ($P>0.05$). La ganancia por año, con base en los coeficientes de regresión lineal (β ; Cuadro 3), fluctuó de 0.004 a 0.076, con un promedio general de 0.042. La magnitud de la ganancia por año, como parte porcentual (%) de la media de cada característica ($((\beta / y) \times 100)$), osciló de 0.19 % en LC de la ganadería FMO a 1.5 % en TP de la ganadería ENC. Cambios genéticos similares se han publicado en variables de comportamiento como agresividad, ferocidad y movilidad⁽³⁾. Las diferencias en las tendencias genéticas entre poblaciones y variables pueden deberse a diferencias en parámetros genéticos, objetivos de selección definidos por los criadores y metodologías específicas de selección aplicadas por los ganaderos. La importancia para los criadores, de conocer el comportamiento de los VG a través de los años, es evaluar el progreso genético, redefinir criterios y objetivos de selección, e incrementar el cambio genético con base en la utilización de los VG predichos. Para el análisis de las tendencias genéticas no se utilizaron grupos genéticos y su extensión al análisis multivariado⁽²⁴⁾ en función de: a) los pedigrís analizados están bien estructurados y completos, y además se derivan de un reducido número de ancestros fundadores⁽⁸⁾; b) en la información de comportamiento analizada no hay diferencias en los criterios de selección a través del tiempo, dado que solo una persona (el propietario de la ganadería) ha generado las valoraciones; c) no hay diferencias en la presión de selección a través de las variables analizadas; y, d) las variables analizadas son controladas por *loci* autosómicos y no se derivan de genes ligados al sexo. En el Cuadro 3 se presentan los estadísticos descriptivos de los VG predichos para cada variable de comportamiento analizada; la variabilidad en los VG sugiere su utilidad para la implementación de programas de selección, su utilización en la selección de reemplazos favorecería un mayor progreso genético.

CONCLUSIONES E IMPLICACIONES

Existen altas probabilidades de lograr cambios genéticos importantes en las características

objetivas, and augment genetic change in response to predicted VG values. Genetic groups were not used in the genetic trends analyses and its extension to the multivariate analyses⁽²⁴⁾, this, in response to four conditions. First, the analyzed pedigrees are well structured and complete, and derive from a small number of founding ancestors⁽⁸⁾. Second, no differences were present within selection criteria over time since a single person, the ranch owner, produced the evaluations. Third, selection pressure did not differ among the analyzed traits. Fourth and finally, the analyzed variables are controlled by autosomal loci and do not derive from sex-linked genes. The variability observed in the VG values suggests its use in implementing selection programs, and that its application in replacement selection would promote greater genetic progress.

CONCLUSIONS AND IMPLICATIONS

Possibilities of getting significant genetic changes through selection in the evaluated traits are high. Estimated heritabilities were medium to high and all genetic correlations, among selection criteria and objectives, were positive and high.

ACKNOWLEDGEMENTS

The authors thank the owners of the evaluated ranches for providing the genealogical and performance data for this study.

End of english version

evaluadas a través de selección, dado que las heredabilidades estimadas fueron de mediana a alta magnitud y todas las correlaciones genéticas, entre los criterios y objetivos de selección, fueron positivas y altas.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece a los propietarios de las ganaderías evaluadas el proporcionar la información genealógica y de comportamiento para el desarrollo del presente estudio.

LITERATURA CITADA

- Martínez NCA, Manrique PC, Elzo MA. La evaluación genética de vacunos: una percepción histórica. *Rev Colomb Cienc Pecu* 2012;25:293-311.
- Bourdon RM. Understanding animal breeding. First edition. New Jersey, USA; Prentice Hall; 1997.
- Silva B, Gonzalo A, Cañón J. Genetic parameters of aggressiveness, ferocity and mobility in the fighting bull breed. *Anim Res* 2006;55:65-70.
- Robinson GK. That BLUP is a good thing: the estimation of random effects. *Statist Sci* 1991;6:15-32.
- Domínguez-Viveros J, Núñez-Domínguez R, Ramírez-Valverde R, Ruiz-Flores A. Evaluación genética de variables de crecimiento en bovinos Tropicarne: II. Tendencias genéticas. *Agrociencia* 2003;37:337-343.
- Lanfranchi H. Ganaderías fundadoras en México e historia del toro bravo Mexicano. Asociación Nacional de Criadores de Toros de Lidia. México. México, D.F. 1992.
- Castillo GE. Nuestro toro. Asociación Nacional de Criadores de Toros de Lidia. México, DF. 2003.
- Domínguez-Viveros J, Rodríguez-Almeida FA, Núñez-Domínguez R, Ramírez-Valverde R, Ortega-Gutiérrez JA, Ruiz-Flores A. Análisis del pedigrí y efectos de la consanguinidad en el comportamiento del ganado de lidia mexicano. *Arch Zootec* 2010;59:63-72.
- Boldman KG, Kriese LA, Van Vleck LD, Van Tassell CP, Kachman SD. A Manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances (Draft). USDA. ARS. 1995.
- Kachman SD and Van Vleck LD. Technical note: calculation of standard errors of estimates of genetic parameters with the multiple-trait derivative-free restricted maximal likelihood programs. *J Anim Sci* 2007;85:2375-2381.
- SAS. SAS/STAT User's Guide (Release 9.0). Cary NC, USA: SAS Inst. Inc. 2005.
- Gianola D. Statistic in animal breeding. *J American Statist Assoc* 2000;95:296-299.
- Fries, L. Connectability in beef cattle evaluation: The heuristic approach used in MILC.FOR. In: Proc. 6th Wld Congr Genet Appl Livest Prod. Armidale, Australia. 1998.
- Domínguez-Viveros J, Rodríguez-Almeida FA, Ortega-Gutiérrez JA, Flores-Mariñelarena. Selección de modelos, parámetros genéticos y tendencias genéticas en las evaluaciones genéticas nacionales de bovinos Brangus y Saleras. *Agrociencia* 2009;107:107-117.
- Cardellino R, Rovira J. Mejoramiento genético animal. Primera edición. Montevideo, Uruguay; Editorial Agropecuaria Hemisferio Sur R L; 1987.
- González CE, Durán VC, Domínguez CJF. Heredabilidad y repetibilidad de la nota de tiente nota de lidia en una ganadería de reses bravas. *Arch Zootec* 1994;43:225-237.
- Silva B, Gonzalo A, Cañón J. Genetic parameters of behavior a traits in the bovine (*Bos taurus*). In: Proc. 7th Wld Congr Genet Appl Livest Prod. Montpellier, France. 2002.
- Le Neindre P, Trillat G, Sapa J, Menissier F, Bonnet JN, Chupin JM. Individual differences in docility in Limousin cattle. *J Anim Sci* 1995;73:2249-2253.
- Sartori C, Mantovani R. Genetics of fighting ability in cattle using data from the traditional battle contest of the Valdostana breed. *J Anim Sci* 2010;88:3206-3213.
- Meyer K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. *Genet Sel Evol* 1991;23:67-83.
- Thompson R, Meyer K. A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multiple trait selection. *Livest Prod Sci* 1986;15:299-313.
- Pollak EJ, Quaas RL. Monte Carlo study of genetic evaluations using sequentially selected records. *J Anim Sci* 1981;52:257-264.
- Pollak EJ, der Werf V, Quaas RL. Selection bias and multiple trait evaluation. *J Dairy Sci* 1984;67:1590-1595.
- Y Da y Grossman M. Multitrait animal model with genetic groups. *J Dairy Sci* 1991;74:3183-3195.

