



Acta Universitaria

ISSN: 0188-6266

actauniversitaria@ugto.mx

Universidad de Guanajuato

México

Valencia Posadas, Mauricio

Obtención del valor genético predicho en animales incluyendo el efecto del medio ambiente permanente

Acta Universitaria, vol. 13, núm. 3, septiembre-diciembre, 2003, pp. 47-56

Universidad de Guanajuato

Guanajuato, México

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=41613305>

- ▶ 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

Guanajuato, Gto., México

RESUMEN / ABSTRACT

El mejoramiento genético de los animales, con base en los registros de rendimiento e información genealógica, es un mecanismo fundamental para incrementar los rendimientos económicos de las explotaciones comerciales, a partir de la estimación de valores genéticos predichos (VGP's). Los VGP permiten identificar a los animales genéticamente superiores de una forma objetiva, para que sean utilizados como padres de la siguiente generación. En muchas partes del mundo se utiliza el procedimiento del mejor predictor lineal insesgado (MPLI) con un modelo animal por sus adecuadas propiedades para obtener los VGP's. En dichos modelos se suele incluir el efecto del medio ambiente permanente con el objeto de incrementar la precisión de los VGP's. En este trabajo se presenta un ejemplo desarrollado utilizando datos supuestos para obtener VGP's con el procedimiento MPLI y un modelo animal, donde se muestra la metodología, interpretación y uso que tienen los VGP's.

The genetic improvement of the animals based in productive records and genealogical information, is a fundamental mechanism to increase the economic income of the commercial farms, through the estimation of the predicted breeding values (VGP's). The VGP's allows the identification of animals genetically superior to be used as parents of the next generation. In many parts of the world the best linear unbiased predictor procedure (MPLI) is used as an animal model, for its appropriate properties, to obtain the VGP's. In these models the permanent environment effect is usually included in order to increase the accuracy of the VGP's. In this work a developed example is presented using supposed data to obtain VGP's with the MPLI procedure and an animal model where the methodology, interpretation and use of the VGP's are shown.

Recibido: 24 de Marzo de 2003

Aceptado: 1 de Julio de 2003

* Instituto de Ciencias Agrícolas, Universidad de Guanajuato. Ex-Hacienda El Copal, A.P. 311, Irapuato, Guanajuato, México.
Correo electrónico:
posadas@dulcinea.ugto.mx.

Obtención del Valor Genético Predicho en Animales Incluyendo el Efecto del Medio Ambiente Permanente.

Mauricio Valencia Posadas*.

INTRODUCCIÓN

En los programas de selección de los animales domésticos, la obtención de valores genéticos predichos (VGP), también conocido como evaluación genética, permite la identificación de los mejores animales, con objeto de que sean utilizados como reproductores, es decir como padres de la siguiente generación (Van Vleck, 1993). Los VGP's son obtenidos a partir de la información de los registros de producción, sea el caso de la producción total de leche por lactancia medida en kilogramos, así como de los datos genealógicos, que es la información que incluye las relaciones de parentesco entre los animales (pedigrí).

Para obtener VGP's, en diferentes partes del mundo (Robinson y Chesnais, 1989; Wiggans y VanRaden, 1998) se utiliza la metodología del mejor predictor lineal insesgado (MPLI) a través del uso de un Modelo Animal (MA), el cual evalúa simultáneamente a toros y vacas (Henderson, 1984). El procedimiento MPLI tiene las propiedades de obtener en sus predicciones varianza mínima, está basado en la teoría estadística de los modelos lineales mixtos, su predicción es lineal e insesgada y la correlación entre los valores predichos y los valores reales es máxima. Tiene además la ventaja de poder incluir varias características en el mismo proceso de evaluación. MPLI puede corregir efectos ambientales como hato-año-estación, así como el proceso de selección. Debido a estas propiedades, el MPLI asociado a un MA se ha convertido en el método de elección para calcular VGP's (Henderson, 1989; Van Vleck, 1993; Boldman *et al.*, 1995).

Algunas características productivas pueden ser medidas o registradas varias veces en diferentes momentos de la vida de un mismo animal. Por ejemplo, el tamaño de la camada al nacimiento en cerdos, es decir el número total de lechones nacidos, se puede medir en cada parto, y otro ejemplo es la producción de leche de

PALABRAS CLAVE: Evaluación genética; MPLI; Modelo animal; Valor genético, Ambiente permanente.

KEYWORDS: Genetic evaluation; BLUP; Animal model; Breeding value; Permanent environment.

una vaca, que se puede medir en cada lactancia. Tales caracteres se dice que son repetibles y tienen asociado un efecto llamado de Medio Ambiente Permanente (MAPE), que junto con el genotipo del individuo, determinan el potencial productivo del animal. Los efectos permanentes corresponden a una fracción del medio ambiente los cuales influyen en el desempeño de los animales durante todo el tiempo; esto es una desviación que se debe a factores ambientales que ejercen el mismo efecto sobre todas las medidas del rendimiento a lo largo de la vida del individuo. Puede ser el caso de la producción de leche en diferentes lactancias en el ganado lechero.

En el mejoramiento de los bovinos productores de leche se ha utilizado ampliamente un MA con registros repetidos, o de repetibilidad, para obtener VGP's para la producción de leche, donde se utiliza regularmente información de varias lactancias (Henderson, 1984). Cuando un animal tiene dos registros, en el modelo de repetibilidad se considera como si fueran dos características (modelo equivalente). Actualmente existen varios programas que predicen el valor genético de los animales, haciendo uso de los archivos de datos y pedigree, por ejemplo el MTFFREML (Boldman *et al.*, 1995) y el ASREML (Gilmour *et al.*, 1998), entre otros.

A pesar de que con los programas disponibles se pueden obtener las soluciones para los VGP's de manera rutinaria y convencional, de que el MAPE es un término relativamente usual, pero no claro, entre los técnicos relacionados al mejoramiento animal y a pesar de que la literatura relacionada a la obtención de VGP's utilizando un modelo de repetibilidad es abundante, en la mayoría de los casos no se especifican los procedimientos para obtener dichos VGP's haciendo uso de un modelo que incluya al efecto de MAPE, ni detallan la construcción de las matrices que permiten obtener las soluciones una vez que se resuelve el sistema de ecuaciones.

El objetivo del presente trabajo es obtener VGP's utilizando la metodología MPLI-MA, haciendo uso de información supuesta de datos

repetidos de producciones de animales, donde se muestra la metodología, interpretación y uso que tienen los VGP's .

Fundamentos Teóricos

Uno de los objetivos del mejoramiento genético de los animales, como en el caso de la selección, es la obtención del VGP que tiene un animal para producir. Si un individuo produce mucho, cabe esperarse que su aptitud genética para producir sea buena. Sin embargo, puede ocurrir que un animal que produce poco tenga, asimismo, buena aptitud genética pero las circunstancias ambientales (como mala alimentación, clima adverso, enfermedades, etc.) no le permitan expresar ese potencial.

Con las técnicas estadísticas actuales es posible combinar toda la información disponible sobre los individuos de una población: su producción propia (o valor fenotípico), las circunstancias ambientales que incidieron en el proceso de producción, como manejo del rebaño, el año, la estación del año en que produjo el registro, así como las relaciones de parentesco entre los animales a evaluar, con el fin de obtener el VGP del individuo.

La forma de combinar esta información es mediante la utilización de modelos matemáticos del tipo:

$$\text{Fenotipo} = \text{Genotipo} + \text{Medio Ambiente} \quad (\text{Modelo 1})$$

donde:

Fenotipo = suma de los efectos genéticos y medio ambientales de manera independiente, cuantificable o medible, por ejemplo el porcentaje de grasa en la leche o el peso de un animal (kg).

Genotipo = valor genético del individuo, expresado en las mismas unidades que el fenotipo.

Medio Ambiente = es el valor que tienen, en términos de producción, las circunstancias medio ambientales, es decir todo aquello que no es genético.

Debido a que en la producción animal se observan diferencias en el fenotipo de los individuos, es posible que los componentes del Modelo 1 muestren variación. Si se considera que el estudio de la variación se puede hacer en términos de la varianza, el *Modelo 1* podría quedar como:

$$\sigma^2_f = \sigma^2_G + \sigma^2_{MA} \quad (Modelo\ 2)$$

donde:

σ^2_f = Varianza Fenotípica,

σ^2_G = Varianza Genética,

σ^2_{MA} = Varianza de Medio Ambiente.

Asimismo, los componentes de σ^2_G son:

$$\sigma^2_G = \sigma^2_a + \sigma^2_d + \sigma^2_i \quad (Modelo\ 3)$$

donde:

σ^2_a = Varianza aditiva,

σ^2_d = Varianza de dominancia,

σ^2_i = Varianza de epistasis o de interacción.

Los modelos de evaluación genética utilizan generalmente los efectos genéticos aditivos, que son aquellos que se deben al efecto independiente de cada alelo, mientras que la dominancia se debe a interacciones dentro de cada locus y la epistasis a interacciones entre alelos localizados en diferentes loci. El alelo puede entenderse como la forma particular de un gene en un locus específico, locus es el lugar específico del cromosoma en el que se ubica un gene y loci es el plural de locus. En términos generales la variación aditiva es la más importante para la selección animal ya que es la única que se hereda, es cuantificable a partir de los registros de datos productivos y porque determina las relaciones genéticas entre individuos (Montaldo y Barría, 1998).

Retomando el *Modelo 1*, el Medio Ambiente (MEAM) puede ser clasificado en dos, MEAM temporal y MEAM permanente. Como su

nombre lo indica, los efectos temporales tienen una duración corta de tiempo y pueden variar de manera aleatoria de un período a otro, por ejemplo las variaciones en la calidad y cantidad de los forrajes producidos y posteriormente consumidos por el ganado, podrán influir de manera temporal sobre los rendimientos en la cantidad de leche para ese período de producción en un animal. Como se había señalado anteriormente, los efectos de MAPE afectan entonces permanentemente la producción de los animales. El efecto de ambiente permanente es incluido en los modelos de evaluación genética para representar factores no genéticos (como una enfermedad o un mejor manejo dentro del rebaño) que tienen influencia en los rendimientos de un animal pero no se transmiten a la descendencia.

A partir del *Modelo 2*, la varianza fenotípica puede ser dividida en una varianza dentro de individuos y una varianza asociada entre individuos. El componente dentro de individuos es enteramente ambiental en origen, causado por diferencias temporales del ambiente entre diferentes comportamientos productivos, denominada varianza de ambiente temporal y asociada a la varianza del error (σ^2_e). El componente entre individuos es parcialmente ambiental y parcialmente genético, siendo la parte ambiental causada por circunstancias que afectan a los individuos permanentemente (σ^2_{pe}), (Falconer y Mackay, 1996).

En los estudios genéticos, concretamente en la estimación del valor genético, la σ^2_{MA} es una fuente de error que puede reducir la precisión al estimar dichos VGP's. Por tal motivo, el mejorador o experimentador tratará de reducirla tanto como sea posible. En la producción animal, los factores nutricionales y climáticos entre otros, son las causas de variación ambiental más comunes, pero puede existir una causa de variación sustancial no genética cuya causa sea desconocida.

En la práctica se puede conocer el fenotipo de los individuos a partir de sus registros productivos. Para poder predecir el VGP aproxi-

mado, tenemos que usar algunos valores o componentes del fenotipo de los individuos, o de sus parientes, esto es, a partir del fenotipo se puede predecir el valor genético.

Algunos factores ambientales pueden propiciar errores al comparar las producciones de distintos animales. Se ha observado por ejemplo que en el ganado productor de leche, las vacas que paren en los meses del año más fríos (por ejemplo de octubre a enero), dan significativamente más leche que las que paren en meses más cálidos. También, las vacas que tienen entre los 54 y 80 meses de edad, producen más leche que las vacas de otras edades. De la misma forma, vacas que se ordeñan 2 veces al día, pueden producir de un 15 a un 25% más de leche, que aquellas que se ordeñan una vez al día. Un último ejemplo es en las vacas que producen leche durante 350 días, cuya producción total por lactancia quizá sea mayor que en las vacas que producen solamente durante 275 días.

Para hacer comparaciones homogéneas de animales y evitar errores al realizar las evaluaciones genéticas, es necesario ajustar las lactancias de las vacas utilizando factores de corrección o también conocidos como factores de ajuste. Una vez hechos los ajustes, suponemos que las vacas se encuentran bajo las mismas condiciones de producción, por ejemplo misma edad, época de parto, número de ordeñas y días en lactación. Un criterio internacional estándar para realizar las evaluaciones genéticas es utilizar producciones de leche por lactancia corregidas a edad-mes de parto, 305 días de ordeña y a dos ordeñas. Para conocer detalles sobre estos procedimientos puede consultarse a Valencia y colab., (1999) y Valencia y colab., (2002).

Como se había señalado, los programas disponibles que permiten obtener los VGP's, sea el caso del MTDFREML, requieren de dos archivos, los datos de producción y el archivo de pedigree. La información que contiene el archivo de datos suele incluir: la identificación del animal y del rancho o propietario, fecha de parto(s) y nacimiento, número de parto, sexo, fechas de mediciones y las producciones o rendimientos

de los animales, entre otras. El archivo de pedigree contiene la identificación del animal, la de su padre y madre, y pueden incluir otras características como raza, familia, etc.

Para obtener VGP's utilizando el procedimiento MPLI y un MA, se debe resolver un sistema de ecuaciones conocidas como Ecuaciones de Modelo Mixto (EMM), (Henderson, 1984). Cuando la predicción se hace utilizando registros repetidos de animales, este sistema de ecuaciones requiere de dos parámetros poblacionales: heredabilidad y repetibilidad. La heredabilidad (b^2), nos permite establecer para un carácter determinado la importancia relativa del medio ambiente y herencia en el fenotipo. En un sentido práctico, la b^2 es la proporción de la varianza fenotípica que se debe a las diferencias genotípicas entre individuos, es decir, es la fracción de la varianza fenotípica que se debe a la variación genética aditiva. El valor de éste parámetro es de 0 a 100%.

La b^2 puede estimarse a partir de la ecuación (Van Vleck y colab., 1987; Falconer y Mackay, 1996):

$$b^2 = \sigma_a^2 / \sigma_f^2$$

donde:

σ_a^2 = varianza genética aditiva,

σ_f^2 = varianza fenotípica; de manera que

$$\sigma_f^2 = \sigma_a^2 + \sigma_e^2$$

La repetibilidad (r) puede entenderse como la correlación entre medidas repetidas del mismo animal. Es una indicación del grado en que la superioridad de un animal en base a un registro, será observada en medidas subsecuentes del mismo animal. Está relacionada con el grado en que las diferencias entre individuos para una característica sean permanentes, esto es, permanezcan a lo largo de toda su vida del individuo (Van Vleck y colab., 1987). El valor de r va de 0 a 100%.

La r puede estimarse a partir de la ecuación (Van Vleck y colab., 1987; Falconer y Mackay, 1996):

$$r = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2}{\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2}$$

donde:

σ_a^2 = varianza genética aditiva,

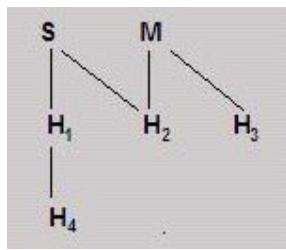
σ_{pe}^2 = varianza de ambiente permanente,

σ_e^2 = varianza del error o residual.

Entonces para este caso, $\sigma_f^2 = \sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2 + \sigma_e^2$.

MATERIALES Y MÉTODOS

Para la obtención de VGP's se requiere de un archivo de pedigrí y uno de datos productivos. En este trabajo se supuso que el pedigrí pudo estar representado en el siguiente diagrama de flechas:



En donde S=semental; M=madre; H_1 , es hija de S, H_2 , es hija de S y M, H_3 es hija de M y H_4 es hija de H_1 y nieta de S. Asimismo se consideraron 3 niveles de efectos fijos, como puede ser el caso de hato, año o estación de partos en ganado lechero.

Se supuso también que los rendimientos de los animales fueron de producción de leche, la cual fue medida en kg:

$$Y_{M11} = 10$$

$$Y_{M22} = 11$$

$$Y_{M33} = 12$$

$$Y_{H121} = 11$$

$$Y_{H132} = 12$$

$$Y_{H221} = 12$$

$$Y_{H321} = 13$$

$$Y_{H332} = 14$$

$$Y_{H411} = 15$$

$$Y_{H432} = 16$$

Se puede observar que M tuvo tres registros, por ejemplo lactancias, y las hijas (H_i) 1, 2, 3 y 4 tuvieron 2, 1, 2 y 2 registros, en forma respectiva. Obviamente S no tiene registro productivo porque no produce leche, pero la metodología MPLI-MA permite obtener su VGP.

El modelo a utilizar, representado en forma matricial es de la forma (Henderson, 1984):

$$y = Xb + Zu + Z_p p + e$$

donde:

y = vector nx1 de observaciones de producción de leche,

X = matriz incidencia conocida nxp de efectos fijos,

b = vector de efectos fijos desconocido px1,

Z = matriz incidencia de efectos aleatorios que incluye animal nxq,

u = vector de soluciones de los efectos aleatorios de animal qx1 (VGP's),

Z_p = matriz incidencia de efectos aleatorios que incluye ambiente permanente nxq,

p = vector de soluciones de los efectos aleatorios de MAPE qx1,

e = vector aleatorio (error) nx1.

Para obtener las soluciones, se supuso además que: $\sigma_e^2 = 36$, $\sigma_a^2 = 12$, $\sigma_{pe}^2 = 6$, $b^2 = 12/54 = 0.22$, $r = 18/54 = 0.33$.

Las EMM que se deben resolver son:

Matriz 'C'	Vector de soluciones (vs)	Ecuaciones lado derecho (eld)
------------	-------------------------------	-------------------------------

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'Z_p \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\lambda & Z'Z_p \\ Z_p'X & Z_p'Z & Z_p'Z_p + I\gamma \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \\ \hat{p} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ Z'y \end{bmatrix}$$

A^{-1} es la inversa de la matriz de relaciones genéticas aditivas, $\lambda = \sigma_e^2 / \sigma_a^2 = 3$; $\gamma = \sigma_e^2 / \sigma_{pe}^2 = 6$, e I es una matriz identidad.

Las soluciones de los VGP's se obtienen como: $\boldsymbol{vs} = \mathbf{C}^{-1} * \mathbf{eld}$

En el modelo de repetibilidad se supone que la correlación genética es igual a uno entre pares de registros, que la correlación ambiental es igual entre todos los pares de registros, y que los efectos no aditivos van incluidos en el ambiente permanente. Se supone además que σ_e^2 y σ_{pe}^2 se distribuyen normal e independientemente.

La construcción de las matrices y las operaciones para obtener $\hat{\beta}$, \hat{u} y \hat{p} quedan de la siguiente forma:

$$\mathbf{X} = \begin{matrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{matrix}$$

$$\mathbf{Z} = \begin{matrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{matrix}$$

$$\mathbf{Z}_p = \begin{matrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \end{matrix}$$

En esta matriz \mathbf{Z}_p se aumentó una columna de ceros, correspondiente al animal sin registros (S).

$$\mathbf{Y} = \begin{matrix} 10 \\ 11 \\ 12 \\ 11 \\ 12 \\ 12 \\ 13 \\ 14 \\ 15 \\ 16 \end{matrix}$$

$$\mathbf{A} = \begin{matrix} 1.0000 & 0 & 0.5000 & 0.5000 & 0 & 0 \\ 0 & 1.0000 & 0.2500 & 0 & 0.5000 & 0.5000 \\ 0.5000 & 0.2500 & 1.0000 & 0.2500 & 0.1250 & 0.5000 \\ 0.5000 & 0 & 0.2500 & 1.0000 & 0 & 0 \\ 0 & 0.5000 & 0.1250 & 0 & 1.0000 & 0.2500 \\ 0 & 0.5000 & 0.5000 & 0 & 0.2500 & 1.0000 \end{matrix}$$

Sin \mathbf{A} , no tiene sentido usar un modelo de repetibilidad, ya que a través de ésta es posible diferenciar la varianza aditiva y la varianza del ambiente permanente. El efecto de ambiente permanente es común a los registros de un individuo y \mathbf{A} proporciona información del individuo más la de todos sus parientes.

$$\mathbf{A}^{-1} = \begin{matrix} 1.8333 & 0 & -1.0000 & -0.6667 & 0 & 0.5000 \\ 0 & 1.6667 & 0 & 0 & -0.6667 & -0.6667 \\ -1.0000 & 0 & 2.0000 & 0 & 0 & -1.0000 \\ -0.6667 & 0 & 0 & 1.3333 & 0 & 0 \\ 0 & -0.6667 & 0 & 0 & 1.3333 & 0 \\ 0.50000 & -0.6667 & -1.0000 & 0 & 0 & 1.8333 \end{matrix}$$

Esta matriz (\mathbf{A}^{-1}) corresponde a la inversa de la matriz de relaciones genéticas aditivas entre los seis individuos incluidos en el ejemplo.

$$\mathbf{A}^{-1} \boldsymbol{\lambda} = \begin{matrix} 5.5000 & 0 & -3.0000 & -2.0000 & 0 & 1.5000 \\ 0 & 5.0000 & 0 & 0 & -2.0000 & -2.0000 \\ -3.0000 & 0 & 6.0000 & 0 & 0 & -3.0000 \\ -2.0000 & 0 & 0 & 4.0000 & 0 & 0 \\ 0 & -2.0000 & 0 & 0 & 4.0000 & 0 \\ 1.5000 & -2.0000 & -3.0000 & 0 & 0 & 5.5000 \end{matrix}$$

$$X'X = \begin{pmatrix} 2 & 0 & 0 \\ 0 & 4 & 0 \\ 0 & 0 & 4 \end{pmatrix}$$

$$X'Z_p = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

$$Z_p'X = \begin{pmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

$$Z_p'Z_p = \begin{pmatrix} 3 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

$$Z_p'Z_p + A^{-1}\lambda = \begin{matrix} 8.5000 & 0 & -3.0000 & -2.0000 & 0 & 1.5000 \\ 0 & 7.0000 & 0 & 0 & -2.0000 & -2.0000 \\ -3.0000 & 0 & 7.0000 & 0 & 0 & -3.0000 \\ -2.0000 & 0 & 0 & 6.0000 & 0 & 0 \\ 0 & -2.0000 & 0 & 0 & 6.0000 & 0 \\ 1.5000 & -2.0000 & -3.0000 & 0 & 0 & 5.5000 \end{matrix}$$

Esta matriz resultante ($Z_p'Z_p + A^{-1}\lambda$) asocia a todos los individuos emparentados en el pedigree con y .

La matriz Z , se toma como base para obtener las soluciones de las EMM y las soluciones de las EMM del efecto animal se obtienen al construir $Z'Z + A^{-1}\lambda$, la cual incluye la matriz de relaciones genéticas aditivas y una relación de la varianza del error y la varianza aditiva. A diferencia del efecto animal, las soluciones del ambiente permanente se derivan de $Z_p'Z_p + I\gamma$, la que considera una matriz identidad y la relación de la varianza del error con la varianza del ambiente permanente.

$$I^*\gamma = \begin{pmatrix} 6 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 6 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 6 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 6 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 6 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 6 \end{pmatrix}$$

$$Z_p'Z_p + I\gamma = \begin{pmatrix} 9 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 8 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 7 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 8 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 8 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 6 \end{pmatrix}$$

$$C = \begin{matrix} 2.0 & 0 & 0 & 1.0 & 0 & 0 & 0 & 1.0 & 0 & 1.0 & 0 & 0 & 0 & 1.0 & 0 \\ 0 & 4.0 & 0 & 1.0 & 1.0 & 1.0 & 1.0 & 0 & 0 & 1.0 & 1.0 & 1.0 & 1.0 & 10 & 0 \\ 0 & 0 & 4.0 & 1.0 & 1.0 & 0 & 1.0 & 1.0 & 0 & 1.0 & 1.0 & 0 & 1.0 & 1.0 & 0 \\ 1.0 & 1.0 & 1.0 & 8.5 & 0 & -3.0 & -2.0 & 0 & 1.5 & 3.0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1.0 & 1.0 & 0 & 7.0 & 0 & 0 & -2.0 & -2.0 & 0 & 2.0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1.0 & 0 & -3.0 & 0 & 7.0 & 0 & 0 & -3.0 & 0 & 1.0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1.0 & 1.0 & -2.0 & 0 & 0 & 6.0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 2.0 & 0 & 0 & 0 \\ 1.0 & 0 & 1.0 & 0 & -2.0 & 0 & 0 & 6.0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 2.0 \\ 0 & 0 & 0 & 1.5 & -2.0 & -3.0 & 0 & 0 & 0 & 5.5 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 1.0 & 1.0 & 1.0 & 3.0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 9.0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1.0 & 1.0 & 0 & 2.0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 8.0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1.0 & 0 & 0 & 0 & 1.0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 7.0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1.0 & 1.0 & 0 & 0 & 0 & 2.0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 8.0 & 0 \\ 1.0 & 0 & 1.0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 2.0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 8.0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{matrix}$$

Las ecuaciones del lado derecho son:

$$eld = [X'y; Z'y; Z'y]$$

$$eld = \begin{matrix} 25 \\ 47 \\ 54 \\ 33 \\ 23 \\ 23 \\ 12 \\ 27 \\ 31 \\ 0 \\ 33 \\ 23 \\ 12 \\ 27 \\ 31 \\ 0 \end{matrix}$$

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la sección anterior se construyó la matriz C y el vector eld , que al invertir C y multiplicarla por eld se obtiene el vector de soluciones (vs), cuyos resultados se muestran a continuación:

$$vs = C^{-1} * eld$$

$$vs = \begin{matrix} 12.3980 & \hat{\beta}_1 \\ 12.1035 & \hat{\beta}_2 \\ 13.5104 & \hat{\beta}_3 \end{matrix}$$

Soluciones para el efecto fijo ($\hat{\beta}$)

$$\begin{matrix} -0.5485 & \hat{u}_M \\ -0.1123 & \hat{u}_{HI} \\ -0.2697 & \hat{u}_{H2} \\ -0.0104 & \hat{u}_{HB} \end{matrix}$$

Soluciones para el efecto animal (\hat{u}), es decir VGP's (en kg)

$$\begin{matrix} 0.6535 & \hat{u}_{HI} \\ -0.0384 & \hat{u}_S \end{matrix}$$

$$\begin{matrix} -0.3740 & \hat{p}_M \\ -0.2987 & \hat{p}_{HI} \\ 0.0237 & \hat{p}_{H2} \\ 0.1759 & \hat{p}_{HB} \\ 0.4731 & \hat{p}_{HI} \\ 0 & \hat{p}_S \end{matrix}$$

Soluciones para el efecto de MAPE

Se puede observar que el animal H4 fue el que tuvo mayor VGP (0.6535) y el único positivo, seguidos de los animales H3, S, H1, H2 y M, los cuales tuvieron valores genéticos negativos. Considerando que el animal S no tuvo registros productivos, se puede observar que en las soluciones del MAPE tuvo un valor de cero.

Con estos resultados y en términos de selección, el único animal mejorador es H4 y el animal con peor desempeño fue M. El conocimiento de los VGP's, permite a los propietarios tomar decisiones sobre cuáles animales se mantendrán en el hato como reproductores y cuáles podrán ser desechados por sus bajos rendimientos. Si esto se hace continuamente, efectuando las rutinas adecuadas y en forma correcta sobre identificación, evaluación y selección de animales, entonces se podrá esperar un incremento en el nivel productivo de la población.

En la industria del mejoramiento genético, como en los bovinos productores de leche, las evaluaciones genéticas son presentadas como habilidades de transmisión predichas (HTP), expresadas en las unidades que fue medida la característica. La HTP es una predicción de la mitad del valor genético del animal, porque contribuye con el 50% de los genes para su descendencia, y es el valor genético que se espera que un animal transmita en promedio a su descendencia, esto es por ejemplo la cantidad de kg de leche que se espera observar en sus hijas, respecto a la descendencia de cualquier otro animal de la población evaluada. Por ejemplo, un macho con una HTP de 2 kg, se espera que tenga hijas que produzcan 1 kg más que un macho con una HTP de 1 kg. En los catálogos de toros de inseminación artificial de todas las compañías que comercializan semen, los VGP's también se presentan como HTP's o PTA's (de sus siglas en inglés Predicted Transmitting Ability o Habilidad de Transmisión Predicha), o bien como ETA's (Estimated Transmitting Ability o Habilidad de Transmisión Estimada), que para el caso es lo mismo.

Dado que en la selección se considera de sobremana la obtención de VGP's, irónicamente

las soluciones de los efectos de MAPE regularmente no son utilizadas, pero su inclusión en el modelo de evaluación repercute generalmente en un incremento en la precisión de los VGP's, respecto a aquellos obtenidos con un modelo 'simple' donde se utiliza información de solo un registro productivo, sea el caso de la inclusión en el análisis de sólo primeras lactancias. La precisión de los VGP's dependen principalmente del número de mediciones que tuvo un animal, del número y tipo de relaciones genéticas (parientes) que tuvo un animal, de la distribución que tuvieran las hijas, por ejemplo de un macho, en distintos rebaños o establecimientos y del valor de la b^2 . El uso de la inseminación artificial permite que un macho pueda tener muchos hijos o hijas en diferentes explotaciones, lo que propicia una conexión genética a través de rebaños. También, las evaluaciones genéticas son más precisas a medida que se utilizan todos los registros de pedigree disponibles. La inclusión de las relaciones de parentesco por vía materna permite aumentar la precisión de la evaluación genética, principalmente en el caso de sementales con pocas hijas. La influencia de cada pariente dentro de la evaluación genética de un animal depende del grado de parentesco. En machos jóvenes con pocas hijas, los ancestros y hermanas contribuyen de manera importante en la evaluación del semental pero a medida que aumenta el número de hijas de un animal, el peso de la información proporcionada por los parientes disminuye.

A mayor número de registros en un animal, por ejemplo lactancias, es más fácil separar el efecto de MAPE de la varianza genética aditiva. Sin embargo, en los datos obtenidos de poblaciones comerciales regularmente los animales tienen diferente número de mediciones. Bajo estas circunstancias, será necesario explorar el archivo de datos para conocer la distribución de registros para en su caso, definir el modelo a utilizar más adecuado.

En algunos países, por ejemplo Estados Unidos, Canadá o Alemania, la obtención de VGP's en ganado productor de leche se hace para varias

características en el mismo proceso de evaluación. Las características que se consideran son producción total de leche, producción de grasa y proteína en leche, el conteo de células somáticas en la leche, características relacionadas al tipo de los animales (conformación) y características de longevidad entre otras. El procedimiento MPLI-MA permite obtener los VGP's para cada una de las características en el mismo proceso de evaluación, que posteriormente se podrá combinar toda la información para generar un resultado único al que se denomina índice de selección. En éste, se considera además el valor económico de cada una de las características de manera que se puede ponderar su valor en función del beneficio económico que tenga. Algunos animales podrán resultar buenos, o positivos, para determinada característica y probablemente podrán resultar malos, o negativos para otras. En los Estados Unidos se estima un índice para el ganado lechero combinando la información y se le conoce como TPI (de sus siglas en inglés Type Production Index) o índice del tipo de producción. Utilizando el índice es posible identificar a los animales con mayor potencial genético para todas las características incluidas en la evaluación, de manera que su utilización podrá propiciar un mejoramiento de todas las características en los animales que se encuentran en el programa de selección.

Para realizar las evaluaciones genéticas es conveniente la participación de diferentes entidades oficiales y privadas para hacer más eficiente el desarrollo de éstas. En muchos países colaboran instituciones de educación superior e investigación, dependencias gubernamentales estatales, regionales o nacionales, pero sin lugar a dudas la piedra angular de estos esquemas participativos son las organizaciones de productores, representadas generalmente como asociaciones.

CONCLUSIONES

Los valores genéticos predichos permiten obtener un mejor ordenamiento de los animales,

lo que ayuda en la toma de decisiones para elegir a un animal como reproductor de una manera objetiva, o para venderlo por sus bajos rendimientos.

El efecto de ambiente permanente, asociado a registros repetidos en distintos momentos de la vida del animal, es incluido en los modelos de evaluación genética para representar factores no genéticos que tienen influencia en los rendimientos de un animal, pero éstos no se transmiten a la descendencia. La inserción del efecto del medio ambiente permanente en los modelos, repercute generalmente en un incremento en la precisión de los valores genéticos predichos, respecto a los que se obtienen de un modelo que utiliza información de un solo registro productivo de los animales.

La obtención de valores genéticos predichos involucra el conocimiento de algunos parámetros como la heredabilidad y repetibilidad de la(s) característica(s), así como el conocimiento de su valor económico relativo. El procedimiento del mejor predictor lineal insesgado se utiliza en muchas partes del mundo para obtener los valores genéticos predichos de los animales en distintas características, utilizando un modelo animal. Los valores genéticos predichos pueden ser obtenidos para machos y hembras y para varias características, en el mismo proceso de evaluación.

Para obtener VGP's resulta conveniente estudiar diferentes modelos y metodologías de evaluación para elegir los más adecuados y obtener los valores más precisos, congruentes con las necesidades que demanda la industria del mejoramiento genético y a la característica y especie animal donde se pretenden obtener.

En ausencia de sistemas de identificación, controles de producción y sistemas de evaluación modernos, no se pueden hacer comparaciones adecuadas de las poblaciones existentes en distintos lugares ni detectar y usar como reproductores los animales con valor genético predicho sobresaliente entre éstos.

REFERENCIAS

- Boldman, K.G., Kriese, L.A., Van Vleck, D., Van Tassell, C.P. and Kachman, S.D., (1995). A manual for use of MTDFREML. *A set of programs to obtain estimates of variances and covariances (Draft)*. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, p 114.
- Falconer, D.S. and Mackay, F.C., (1996). *Quantitative genetics*. Longman Ltd, Edinburgh, England, p 137.
- Gilmour, A. R., B. R. Cullis, S. R. Welham and R. Thompson. (1998). *ASREML Reference manual*. NSW Agriculture, Orange 2800, NSW, Australia. 150 pp.
- Henderson, C.R., (1984). *Application of linear models in animal breeding*. University of Guelph, Canada, p313.
- Henderson, C.R., (1989). Theoretical basis in computational methods for a number of different animal model. Animal Model Workshop. *J. Dairy Sci.* 71 (Suppl. 2):1-16.
- Montaldo, V.H. y Barría, P.N., (1998). Mejoramiento genético de animales. *Ciencia al Día* 1(2): 1-16. Disponible en: <http://www.ciencia.cl/CienciaAlDia/volumen1/numero2/articulos/articulo3.html>
- Robinson, J.A.B., Chesnais, J.P. (1989). Application of the animal model on a national basis to the evaluation of Canadian livestock. Animal Model Workshop. *J. Dairy Sci.* 71 (Suppl. 2): 70-78.
- Valencia, P.M., Ruiz, L.F., Montaldo, V.H., Keown, J.F., Van Vleck, L.D. (1999). Evaluación genética para la producción de leche en ganado Holstein en México. *Téc. Pec. Méx.* 37(3):1-8.
- Valencia, P.M., Dobler, L.J. and Arbiza, S.I. (2002). Sources of environmental variation affecting lactation and pre-weaning growth characteristics in Saanen goats. *Cuban Jo. Agricultural Sci.* 36(2): 117-122.
- Van Vleck, D., Pollak, J. and Oltenacu, B., (1987). *Genetics for the animal sciences*. W.H. Freeman and Company, USA, p 230.
- Van Vleck, D., (1993). *Selection index and introduction to mixed model methods*. CRC Press, USA, p 349.
- Wiggans, G.R., VanRaden, P.M. (1998). National cooperative dairy herd improvement program. USDA-animal model genetic evaluations. Disponible en: <http://www.inform.umd.edu/EdRes/Topic/AgrEnv/nddl/dairy>