

TENDENCIAS GENÉTICAS, AMBIENTALES Y FENOTÍPICAS EN UN REBAÑO BRAHMAN DE REGISTRO

GENETIC, ENVIRONMENTAL, AND PHENOTYPIC TRENDS IN A REGISTERED BRAHMAN HERD

Rafael Maria Román Bravo¹, Omar Gerardo Verde Sandoval², Benjamín Gómez Ramos³, Isaías de Jesús Díaz Maldonado³, Javier Oviedo Boyso¹, Verónica Trujillo Pahuá³

¹Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Morelia, México.

²Facultad de Ciencias Veterinarias Universidad Central de Venezuela, Maracay, República Bolivariana de Venezuela.

³Instituto Tecnológico Nacional de México/Instituto Tecnológico del Valle de Morelia, Morelia, Michoacán, México

Email: rafael.roman@umich.mx

Información del artículo

Tipo de artículo:
Artículo original

Recibido:
26/03/2024

Aceptado:
23/08/2024

Licencia:
CC BY-NC-SA 4.0

Revista
ESPAMCIENCIA
15(2):16-23

DOI:
https://doi.org/10.51260/revista_espamciencia.v15i2.483

Resumen

Con el propósito de estimar las tendencias genéticas, ambientales y fenotípicas para el peso a los 18 meses (P540) en ganado Brahman, se realizó esta investigación con 3558 registros electrónicos de la estación experimental "La Cumaca", perteneciente a la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Central de Venezuela. Las tendencias genéticas se estimaron bajo tres modalidades: a) por medio del doble de la diferencia de las pendientes de regresión estimadas con las medias anuales en la población y la pendiente dentro de padre en años para el carácter; b) usando análisis de regresión ponderada con las medias anuales derivadas del ajuste de modelos con agrupaciones de medios o hermanos completos y c) modelo animal simple. En los modelos se incluyeron los efectos de sexo, año y mes en que se registró el peso y el efecto del padre y de la madre con variantes por la eliminación de ancestros con el propósito de obtener las estimaciones de las tendencias por diferencias en las pendientes de regresión. La tendencia genética según la primera alternativa fue de 1,2614 Kg/año; usando medios hermanos el estimador fue de 3,0308 Kg/año en tanto que al usar agrupaciones de hermanos completos el cambio genético fue de 2,5332 Kg/año. En los tres casos se sobrestima el cambio genético anual de 0.829 Kg/año obtenido vía modelo animal; en referencia a la media de la población para el carácter los cambios son inferiores al 1%. En consecuencia, se sugiere revisar el procedimiento de selección.

Palabras clave: Progreso genético, cambio, peso, método de Smith, regresión.

Abstract

This study aimed to estimate the genetic, environmental, and phenotypic trends for 18-month weight (P540) in Brahman cattle. The research was conducted using 3,558 electronic records from the "La Cumaca" experimental station, part of the Faculty of Veterinary Sciences at the Central University of Venezuela. Genetic trends were estimated using three methods: a) by doubling the difference between the regression slopes estimated with the annual population means and the within-sire slope for the trait over years; b) using weighted regression analysis with the annual means derived from models adjusted with half-sibling or full-sibling groupings; and c) simple animal model. The models included the effects of sex, year and month of weight recording, and the effects of the sire and dam, with variations involving the exclusion of ancestors to obtain trend estimates through differences in regression slopes. The genetic trend according to the first method was 1.2614 kg/year. Using half-sibling groups, the estimate was 3.0308 kg/year, while using full-sibling groups, the genetic change was 2.5332 kg/year. All three methods overestimated the annual genetic change, which was 0.829 kg/year using the animal model. The changes in reference to the population mean for the trait were less than 1%. Consequently, a revision of the selection procedure is suggested.

Keywords: Genetic progress, change, weight, Smith method, regression

INTRODUCCIÓN

Considerable investigación se ha realizado en poblaciones de animales con el objeto de estimar las tendencias en el tiempo para características de interés zootécnico. Sabiendo que el valor fenotípico es $P = G + E$, donde G es el valor genotípico y E es la desviación ambiental; el principio fundamental, es tratar de eliminar uno de los componentes o al menos parte de él y estimar el otro por diferencia de funciones lineales de los componentes del valor fenotípico. Estos cambios pueden ser estimados mediante el uso de costosos experimentos como el realizado en los Estados Unidos usando una línea control, apareada al azar y otra línea sujeta a selección, entonces la diferencia entre las pendientes de regresión en años es un estimador de la tendencia genética (Román *et al.*, 1999). Un procedimiento simple con datos de campo basado en el hecho de que los machos tengan progenie en años consecutivos, lo cual proporciona una continuidad de los genotipos por medio del cual los cambios pueden ser estimados, fue propuesto en investigaciones con cerdos por Smith (1962). Si la pendiente de regresión lineal de la población en el tiempo refleja el cambio fenotípico y si usando grupos de medios hermanos paternos se elimina el efecto genético del padre con el uso de la regresión intra - semental, con lo cual en el aporte de los medios hermanos al cambio anual solo refleja el aporte de las madres, el doble de la diferencia de ambas pendientes de regresión refleja la tendencia genética para la característica de interés.

Posteriormente, debido a mejoras en las posibilidades computacionales, se introdujeron otros métodos, usando el principio de los cuadrados mínimos y técnicas de absorción Harvey (1960), con el propósito de corregir errores introducidos por factores no genéticos (Burnside y Legates, 1967; Powell y Freeman, 1974). En la actualidad, las mejores estimaciones de los cambios anuales son obtenidas por la vía del modelo animal y sus variantes las cuales dan predicciones de los valores genotípicos directamente con los que se pueden estimar las tendencias genéticas con los promedios de los valores genotípicos de cada año, las tendencias ambientales se pueden estimar de las constantes anuales ajustadas por los valores genotípicos y la fenotípica como la suma de las anteriores (Parra-Bracamonte *et al.*, 2007b; Verde, 2016; Dangar *et al.*, 2018).

La respuesta a la selección es el producto de la heredabilidad del carácter y la superioridad de los progenitores Falconer y MacKay (2006), pero esto da el progreso por generación, lo que interesa para acelerar el mejoramiento animal es la tendencia genética anual. Se ha señalado la posibilidad de progreso por selección para el peso a los 18 meses con estimaciones de la heredabilidad en el rango de 0,20 a 0,50 (Manrique, 2004; Parra Bracamonte *et al.*, 2007a; Guillen *et al.*, 2012; Arias *et al.*, 2013). Los valores publicados para el cambio genético son

bajos así se han reportado tendencias genéticas de 0,608 kg/año con media poblacional de 352 kg para la raza Brahman en México, en tanto que en Venezuela el reporte fue de 0,734 kg/año con una media de la población para el carácter de 363,6 Kg (Verde, 2016), en ambos casos el cambio anual representa menos del 1% de las respectivas medias poblacionales.

Lo expuesto anteriormente ha motivado la presente investigación que pretende lograr los siguientes objetivos: a) estimar los componentes de varianza y el índice de herencia para el peso a los 540 días y b) estimar las tendencias genéticas, ambientales y fenotípicas para la misma variable en el ganado Brahman de la estación experimental “La Cumaca”.

MATERIALES Y MÉTODOS

Esta investigación se realizó usando los registros electrónicos de la base de datos de la estación experimental “La Cumaca” Dr Ali Benavides Zapata, adscrita a la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Central de Venezuela (UCV), la cual se ubica en el estado Yaracuy, en la zona centro occidental del país (Verde, 2016).

Para este propósito se utilizaron 3558 registros de pesos ajustados a los 540 días (P540) de la progenie de 98 toros y 1296 madres, registrados en el periodo 1970 – 2002, debido a que se eliminaron del análisis aquellos registros provenientes de toros que solo tuvieron progenie en un solo año, con el propósito de tomar como base de comparación el método propuesto por Smith (1962). Este método es simple de usar, los valores esperados para los cambios anuales coinciden con el propuesto posteriormente usando principios de cuadrados mínimos y programas computacionales eficientes (Harvey, 1960; 1990). Sin embargo, en la metodología propuesta por Burnside y Legates (1967) no proscribió la eliminación de padres con progenies en un solo año; esto supone posibilidades de sesgos en los estimadores. En esta investigación solo se usaron los datos de la progenie de los toros con registros en al menos dos años consecutivos y poder de esta forma estimar la regresión intra - padre en años para el P540.

Los animales Brahman de “La Cumaca” son muy apreciados en Venezuela, por su calidad genética, ya que, en la fundación del rebaño se importaron al país toros y hembras de las mejores ganaderías de los Estados Unidos de América. El programa de mejoramiento genético ha estado a cargo de la cátedra de genética animal de la UCV, en las fases iniciales la selección estuvo basada en índices de selección por crecimiento y con el advenimiento del modelo animal en las predicciones del mérito genético de los reproductores son basados en el modelo animal. En el citado programa se ha tenido el cuidado de llevar un estricto control reproductivo para mantener en un mínimo los niveles de consanguinidad, asegurando además la

correcta identificación de los progenitores de cada animal Verde (2016).

Métodos estadísticos

En forma explícita el modelo para familias de hermanos completos se presenta a continuación, las variantes usadas se mostrarán posteriormente:

$$y_{ijklmn} = \mu + P_i + M(P)_{j:i} + A_k + E_l + S_m + \xi_{ijkl\bar{n}}$$

y_{ijklmn} = registro del peso ajustado a los 18 meses, en el n^{mo} animal, del m^{mo} sexo, nacido en el l^{mo} mes, en el k^{mo} año, procedente del apareamiento de la j^{ma} vaca, con el i^{mo} semental.

μ = constante común a todas las observaciones, usualmente referida como la media de la población.

P_i = efecto del i^{mo} semental, (i=1, ..., 98)

$M(P)_{j:i}$ = efecto anidado de la j^{ma} madre dentro del j^{mo} semental (j=1, ..., 1296)

A_k = efecto del k^{mo} año del registro del P540, (k= 1970, ... 2002)

E_l = efecto del l^{mo} mes de efectuado el registro (l= 6, ..., 12)

S_m = efecto del m^{mo} sexo del animal (m=0,...1), para hembras y machos respectivamente.

$\xi_{ijkl\bar{n}}$ = efecto de los factores no controlados en la investigación sobre las unidades experimentales usualmente referido como residual.

No se realizó intento de incluir el efecto de la interacción año por meses por cuanto en la estación experimental se tiene definida una temporada de montas de manera que los partos se concentran en los meses de julio a diciembre de cada año por razones de manejo. Se ajustaron cuatro modelos saber: en el modelo I, se incluyeron los efectos de sexo, año y mes en que se registró el peso y el efecto del padre; el modelo II fue similar pero el efecto de padre fue excluido; bajo estas condiciones se supone que las medias anuales según el modelo I contienen los cambios ambientales más la mitad de los efectos genéticos aditivos, dado por la contribución de la hembra con la cual se apareó el semental, en tanto que las correspondientes al modelo II, contiene los cambios fenotípicos, en consecuencia, el doble de la diferencia de las pendientes de regresión según ambos modelos, permite obtener una estimación de la tendencia genética; la tendencia fenotípica se estimó directamente de la pendiente de regresión en año según el modelo II y la tendencia ambiental por diferencia. Así mismo, se obtuvo siguiendo el mismo procedimiento las tendencias genéticas usando un modelo III, similar al I,

con la diferencia de que se incluyeron los efectos del padre y la madre anidada dentro del primero. Al incorporar los efectos de ambos progenitores se presentó un problema grave de confusión en los efectos de años debido a la desigualdad en el número de observaciones, razón por la cual se decidió introducir el efecto de año como una variable continua lineal, de esta manera y para tener similitud en el procedimiento de análisis se decidió ajustar un modelo IV, similar al modelo I con la diferencia que el efecto de año se introdujo en forma continua. Bajo estas condiciones la diferencia entre las pendientes de regresión usando las medias anuales según los modelos IV y III proporciona directamente un estimador del cambio genético anual (Burnside y Legates, 1967). Los análisis se realizaron con el Procedimiento para Modelos Mixtos, para la estimación de los componentes de varianza vía Máxima Verosimilitud Restringida (REML), los análisis de regresión fueron realizados con el Procedimiento Lineal General del Sistema de Análisis estadístico SAS (2015). Finalmente para propósitos de predicciones de valores genéticos y estimación de componentes de Varianza se utilizó el programa WOMBAT de Meyer (2022).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el cuadro 1 se presentan los componentes de varianza para padres y el residual estimados por medio de un intervalo de confianza del 95% para familias de medios hermanos paternos bajo REML, SAS (2015). La correlación intraclase entre miembros de este grupo familiar sugiere que el 21,22% de la variabilidad total es de naturaleza genética aditiva existiendo por lo tanto posibilidades de progreso genético implementando planes de selección eficientes en machos y hembras del rebaño, el valor encontrado es similar al reportado por Parra-Bracamonte *et al.*, (2007a) para la misma raza en México, pero considerablemente inferiores a los publicados previamente en el rango entre 28-50% en otras poblaciones (Manrique, 2004; Guillen *et al.*, 2012; Arias *et al.*, 2013).

Cuadro 1. Estimadores por Máxima Verosimilitud Restringida de los componentes de varianza, y proporciones del total, para el peso a los 540 días en ganado Brahman de la estación experimental “La Cumaca”

| | Comp. | Intervalo de Confianza 95% | | Prop. |
|-------|--------|----------------------------|-----------|--------|
| | | Lím. Inf. | Lím. Sup. | |
| Padre | 49,12 | 32,04 | 84,73 | 0,0528 |
| Error | 880,75 | 840,49 | 923,98 | 0,9472 |
| Total | 929,87 | | | |

Comp.= componente de Varianza; Prop.=proporción del total

El relativamente bajo índice de herencia en esta población, pudiera estar relacionado: en primer lugar con el método de estimación por cuanto se asumió que los animales no

estaban emparentados, lo cual es hasta cierto punto incorrecto; en segundo lugar por el incremento de la consanguinidad que se ha producido en este rebaño “cerrado” desde su fundación hasta el año 2002, como se puede ver en el cuadro 2, donde se presentan los detalles de la evolución de la consanguinidad en el periodo 1970-2002, se observa un considerable incremento en el porcentaje de animales consanguíneos a partir de 1985, a pesar de que los valores promedio son inferiores al 5%, los niveles de consanguinidad entre los animales consanguíneos fluctúan entre 3 y 25,9%. El efecto genético de la consanguinidad es aumentar la homocigosidad

y en consecuencia contribuir a la reducción en la variabilidad aditiva (Falconer y MacKay, 2006), lo cual pudiera contribuir a explicar la diferencia entre ambos estimadores. Destaca el hecho de que los nacimientos del año 2002, el 95,65% de la progenie es el producto del apareamiento entre animales emparentados, con bajos niveles, pero la proporción de animales originados del apareamiento de progenitores emparentados es demasiado elevada, pudiendo traer consecuencias adversas en un futuro inmediato, es necesario la implementación de un programa eficiente para el control de la consanguinidad (Román et al., 2024).

Cuadro 2. Niveles de consanguinidad en el ganado Brahman de registro la estación experimental “La Cumaca” en el periodo 1970 -2002

| Año | n | | Niveles de Consanguinidad | | |
|------|-------|---------|---------------------------|-----------|-----------|
| | Total | % cons, | \bar{F}_i | F_{min} | F_{max} |
| 1970 | 87 | 0,00 | 0 | 0 | 0 |
| 1971 | 104 | 0,00 | 0 | 0 | 0 |
| 1972 | 103 | 0,00 | 0 | 0 | 0 |
| 1973 | 113 | 0,00 | 0 | 0 | 0 |
| 1974 | 114 | 0,00 | 0 | 0 | 0 |
| 1975 | 148 | 0,00 | 0 | 0 | 0 |
| 1976 | 125 | 2,40 | 16,6667 | 12,500 | 25,000 |
| 1977 | 132 | 3,03 | 6,2500 | 6,250 | 6,250 |
| 1978 | 85 | 3,53 | 8,3333 | 6,250 | 12,500 |
| 1979 | 119 | 2,52 | 4,6873 | 1,562 | 6,250 |
| 1980 | 98 | 4,08 | 4,2968 | 1,562 | 6,250 |
| 1981 | 134 | 4,48 | 2,4737 | 0,781 | 6,250 |
| 1982 | 76 | 17,11 | 3,4855 | 0,781 | 6,250 |
| 1983 | 121 | 4,13 | 2,0310 | 0,781 | 3,125 |
| 1984 | 101 | 0,00 | 0 | 0 | 0 |
| 1985 | 127 | 12,60 | 1,9288 | 0,391 | 6,250 |
| 1986 | 63 | 33,33 | 2,1204 | 0,195 | 8,594 |
| 1987 | 133 | 37,59 | 2,1855 | 0,195 | 13,281 |
| 1988 | 116 | 42,24 | 1,1997 | 0,098 | 6,250 |
| 1989 | 154 | 42,86 | 1,3923 | 0,049 | 16,016 |
| 1990 | 147 | 60,54 | 1,0830 | 0,049 | 8,398 |
| 1991 | 116 | 59,48 | 0,7296 | 0,098 | 6,250 |
| 1992 | 123 | 72,36 | 1,1653 | 0,024 | 13,306 |
| 1993 | 123 | 77,24 | 1,4077 | 0,024 | 16,309 |
| 1994 | 143 | 76,22 | 1,4075 | 0,024 | 25,293 |
| 1995 | 112 | 76,79 | 1,1442 | 0,061 | 7,080 |
| 1996 | 79 | 84,81 | 0,8771 | 0,098 | 4,309 |
| 1997 | 67 | 74,63 | 1,4702 | 0,024 | 7,812 |
| 1998 | 102 | 78,43 | 1,8155 | 0,021 | 13,281 |
| 1999 | 78 | 78,21 | 2,3414 | 0,195 | 8,612 |
| 2000 | 70 | 84,29 | 1,6071 | 0,006 | 13,235 |
| 2001 | 86 | 91,86 | 1,9683 | 0,006 | 12,814 |
| 2002 | 69 | 95,65 | 2,4920 | 0,034 | 8,570 |

Tendencias

Método de Smith

A pesar de ser simple, la aplicación del método de Smith (1962) resulta un tanto laboriosa en comparación con otras metodologías, con su aplicación se estimó el cambio genético anual para el P540 de $1,2614 \pm 0,0104$ Kg/año, derivado de la siguiente forma: primero se estimó la

pendiente de regresión anual de la población $\hat{b}_{PY} = 1,1313 \pm 0,0764$, con los 3558 registros disponibles, esto representa por lo tanto el cambio fenotípico. Seguidamente se procedió a realizar el análisis para obtener la pendiente de regresión dentro de toro, obteniéndose un estimador combinado ponderado con los recíprocos de las sumas de cuadrados corregidas para años cuyo valor fue $\hat{b}_{WY} = 0,5006$ (Damon y Harvey, 1987), de esta forma el estimador del cambio genético anual fue de

$\hat{\Delta}_G = 2(\hat{b}_{PY} - \hat{b}_{WY})$ tal como se indicó previamente; el error estándar del estimador de la tendencia genética es aproximado tal como lo propuso Smith (1962) y usado por Rosales y Tewolde (1993).

En la figura 1, se representa en líneas azules las rectas de regresión de los cambios anuales para los 98 toros usados en la estación experimental en el periodo de treinta y tres años, cada una de ellas contribuyendo a la estimación de $e + 1/2 g$, en donde e representa el componente ambiental y g el componente genético; en rojo se representa la pendiente de los cambios fenotípicos dados por $e + g$, se pueden ver fluctuaciones erráticas en las primeras, aspecto que es típico en experimentos de selección (Falconer y MacKay, 2006) en este rebaño se ha hecho énfasis por la selección por el peso a los 540 días, pero ambos pendientes sugieren una tendencia positiva.

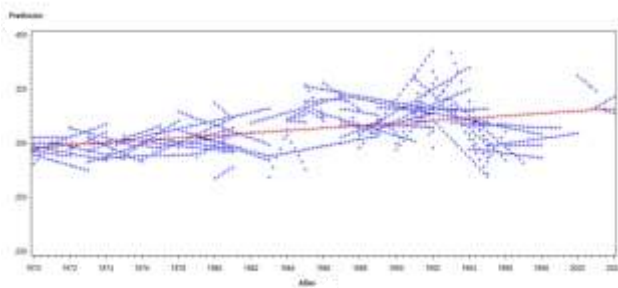


Figura 1. Representación de la pendiente fenotípica anual (línea roja) y líneas de regresión intra – padre para los 98 sementales usados en la estación experimental “La Cumaca” (líneas azules).

Estimación por Cuadrados Mínimos

En el cuadro 3 se presentan las pendientes de regresión calculadas con las medias anuales de los modelos I y II acompañado de sus errores típicos; usando el método propuesto por Burnside y Legates (1967); las cuales fueron estimadas directamente con las medias que se presentan en el cuadro 5. A pesar de las limitaciones computacionales, programas como el desarrollado por Harvey (1960) hacía posible correr estos modelos por la absorción por cuadrados mínimos o máxima verosimilitud de efectos del modelo. Tal como lo sostienen Burnside y Legates (1967), como se dijo anteriormente, los estimadores obtenidos según esta técnica, tienen la misma expectación teórica a los propuestos por Smith (1962), según esto el doble de la diferencia entre las pendientes del modelo II y modelo I es la tendencia genética, en este caso representado 3,03 kg/Año tendiendo a un cambio altamente significativo ($p \leq 0,01$), pero sobrestimando considerablemente su verdadero valor en comparación a la

tendencia genética real estimada con las predicciones del mérito genético según el modelo animal como veremos posteriormente.

Cuadro 3. Pendientes de regresión sin ajustar de las medias anuales, según los modelos I y II, en el rebaño Brahman registrado de la estación experimental “La Cumaca”

| Modelo | Estimadores | | | Pr. > t |
|-------------------|-------------|--------|-------|---------|
| | b | E,E | t* | |
| I | -0,4545 | 0,3712 | -1,22 | 0,2300 |
| II | 1,0609 | 0,3529 | 3,01 | 0,0052 |
| $2(b_{II} - b_I)$ | 3,0308 | | | |

A pesar de haber existido un cambio genético anual de 3,03 kg la tendencia fenotípica fue tan solo de 1,06 kg/año, lo cual refleja que no todo el potencial genético se expresó debido a que el mérito genético lo enmascara las condiciones ambientales y de manejo, ya que las condiciones “óptimas” para la completa expresión de los genes, no se les pueden proporcionar a los animales por razones de económicas. En estas estimaciones, el promedio del P540 fue de $313,29 \pm 42.54$ kg lo cual sugiere que el progreso genético anual fue tan solo de 0,97% de la media de la media del carácter, es decir no llega al 1% del promedio del carácter en la población; lo cual sugiere implementar y revisar los programas de selección en ambos sexos.

En el cuadro 4, se presentan las mismas tendencias ponderadas por el recíproco las varianzas de cada año, siendo estas muy similares a las reportadas en el cuadro 3; en el cuadro 4 se puede ver que los factores de ponderación no difieren mucho en magnitud para cada año asimismo, el número de observaciones no es muy desproporcionado, este estimador es solo ligeramente inferior al publicado para este rebaño en el periodo 1966 -1976, usando el mismo principio, con la diferencia que el modelo incluyó la interacción año por mes, además del ajuste por la edad de la madre al parto (Plasse et al., 1994).

Cuadro 4. Pendientes de regresión de las medias anuales, ajustada con el recíproco de las varianzas para años, según los modelos I y II, en el rebaño Brahman registrado de la estación experimental “La Cumaca”

| Modelo | Estimadores | | | Pr. > t |
|-------------------|-------------|--------|-------|---------|
| | b | E,E | t* | |
| I | -0,4918 | 0,4519 | -1,09 | 0,2848 |
| II | 1,0792 | 0,3583 | 3,01 | 0,0051 |
| $2(b_{II} - b_I)$ | 3,1420 | | | |

Cuadro 5. Medias ajustadas \pm errores estándar y factores de ponderación para el efecto de año según los modelos I y II, en ganado Brahman de registro de la estación experimental “La Cumaca”

| Años | Modelo I | | | Modelo II | | |
|------|-----------|--------------------|------------------------|-----------|--------------------|------------------------|
| | \bar{y} | $\sigma_{\bar{y}}$ | $1/\sigma_{\bar{y}}^2$ | \bar{y} | $\sigma_{\bar{y}}$ | $1/\sigma_{\bar{y}}^2$ |
| 1970 | 317,08 | 8,35 | 0,0143 | 294,36 | 3,59 | 0,0776 |
| 1971 | 328,11 | 8,04 | 0,0155 | 303,92 | 3,32 | 0,0907 |
| 1972 | 323,78 | 7,96 | 0,0158 | 306,91 | 3,37 | 0,0881 |
| 1973 | 316,31 | 7,41 | 0,0182 | 299,41 | 3,24 | 0,0953 |
| 1974 | 329,77 | 7,41 | 0,0182 | 310,26 | 3,23 | 0,0959 |
| 1975 | 317,68 | 6,96 | 0,0206 | 307,04 | 2,93 | 0,1165 |
| 1976 | 299,60 | 6,95 | 0,0207 | 288,04 | 3,10 | 0,1041 |
| 1977 | 325,83 | 6,80 | 0,0216 | 316,42 | 3,05 | 0,1075 |
| 1978 | 319,20 | 6,80 | 0,0216 | 312,31 | 3,64 | 0,0755 |
| 1979 | 320,13 | 6,77 | 0,0218 | 309,78 | 3,21 | 0,0970 |
| 1980 | 323,12 | 6,88 | 0,0211 | 313,32 | 3,47 | 0,0831 |
| 1981 | 325,73 | 6,45 | 0,0240 | 318,27 | 3,00 | 0,1111 |
| 1982 | 327,51 | 6,50 | 0,0237 | 319,32 | 3,80 | 0,0693 |
| 1983 | 299,08 | 5,69 | 0,0309 | 279,84 | 3,15 | 0,1008 |
| 1984 | 343,46 | 6,34 | 0,0249 | 323,10 | 3,35 | 0,0891 |
| 1985 | 348,32 | 5,94 | 0,0283 | 347,24 | 3,05 | 0,1075 |
| 1986 | 343,37 | 5,68 | 0,0310 | 342,71 | 4,13 | 0,0586 |
| 1987 | 340,97 | 5,43 | 0,0339 | 340,89 | 3,02 | 0,1096 |
| 1988 | 322,32 | 5,10 | 0,0384 | 320,18 | 3,19 | 0,0983 |
| 1989 | 322,68 | 4,36 | 0,0526 | 322,45 | 2,81 | 0,1266 |
| 1990 | 305,50 | 4,63 | 0,0466 | 308,41 | 2,90 | 0,1189 |
| 1991 | 347,70 | 4,86 | 0,0423 | 347,48 | 3,18 | 0,0989 |
| 1992 | 350,67 | 5,02 | 0,0397 | 350,55 | 3,12 | 0,1027 |
| 1993 | 360,25 | 5,16 | 0,0376 | 357,97 | 3,11 | 0,1034 |
| 1994 | 311,08 | 4,86 | 0,0423 | 320,59 | 2,87 | 0,1214 |
| 1995 | 285,31 | 5,38 | 0,0345 | 295,35 | 3,24 | 0,0953 |
| 1996 | 291,28 | 6,11 | 0,0268 | 305,42 | 3,70 | 0,0730 |
| 1997 | 272,24 | 6,55 | 0,0233 | 287,96 | 3,97 | 0,0634 |
| 1998 | 281,31 | 5,99 | 0,0279 | 303,34 | 3,33 | 0,0902 |
| 1999 | 314,97 | 6,48 | 0,0238 | 337,19 | 3,73 | 0,0719 |
| 2000 | 332,72 | 7,30 | 0,0188 | 362,79 | 3,92 | 0,0651 |
| 2001 | 304,76 | 7,55 | 0,0175 | 339,51 | 3,59 | 0,0776 |
| 2002 | 316,30 | 7,92 | 0,0159 | 346,28 | 3,73 | 0,0719 |

En el cuadro 6 se presentan las pendientes de regresión con la diferencia de que en el modelo III se incluyó además del padre, la madre, los cuales no fueron absorbidos en el resto de las ecuaciones de los otros efectos fijos con lo que resultó en una matriz de coeficientes relativamente grande. Las pendientes de regresión de las medias anuales, reflejan el cambio ambiental, como se señaló previamente, el efecto de años en los modelos III y IV fue incluido como una covariable lineal. La estimación de la tendencia genética según este método es computacionalmente muy demandante, ya que el número de grados de libertad del modelo fue de 3339 y por lo tanto computacionalmente muy demandante, así, el tiempo gastado por la Unidad Central de Proceso (CPU) fue de 11 minutos, 58 segundos y 48 centésimas de segundos en comparación con los 18 segundos gastados en ajustar el modelo II. Hoy en día pareciera poco por el mejoramiento tanto del “hardware” como el “software”, pero para la época de Smith (1962) era imposible correr este modelo aun en un “main frame” y aún en la época de Burnside y Legates (1967), sin absorción era prohibitivo. La diferencia entre las pendientes de regresión de los modelos IV y III estiman la

tendencia genética directamente, la cual es muy similar a la publicada por Plasse *et al.* (1994).

Cuadro 6. Pendientes de regresión según modificación al método de Smith incluyendo ambos progenitores en el modelo I, en el rebaño Brahman registrado de la estación experimental “La Cumaca”.

| Modelo | Estimadores | | | |
|---|-------------|--------|------------|----------------|
| | <i>b</i> | E,E | <i>t</i> * | Pr. > <i>t</i> |
| III | -1,3973 | 1,6920 | -0,83 | 0,4098 |
| IV | 1,1359 | 0,0679 | 16,72 | 0,0001 |
| <i>b_{IV} - b_{III}</i> | 2,5332 | | | |

Modelo Animal

Los mejores estimadores de los cambios anuales son obtenidos en la práctica con el modelo animal, ya que al asumir un modelo infinitesimal, cambios en la varianza genética resultante de selección, de consanguinidad o deriva genética son considerados en las ecuaciones del modelo mixto al incluir la matriz de relación genética aditiva *A*, Mrode (2013). El estimador de la varianza

aditiva fue de 328,49 mientras que la sin varianza ambiental fue de 647,95 por lo tanto el estimador del índice de herencia fue de $0,34 \pm 0,04$; superior al estimado, sin considerar relaciones genéticas entre los animales de la población. Es importante destacar que, al ejecutar el análisis con el modelo animal, después del filtrado permanecieron el 98% de los animales, lo que demuestra la pulcritud con la cual se mantuvieron los libros de registros de la Estación Experimental “La Cumaca”. El mismo esmero es de destacar en el control de los apareamientos, ya que, siendo un rebaño cerrado, los niveles de consanguinidad son relativamente bajos, a pesar del elevado número de animales consanguíneos.

Las ecuaciones de predicción donde t representa los años fueron para las tendencias genéticas, ambientales y fenotípicas respectivamente: $\Delta_a = -1639,74 + 0,8291t$; $\Delta_e = -413,87 + 0,2084t$ y $\Delta_p = -2053,61 + 1,0375t$. Las tres se ilustran gráficamente en la figura 2 como desviaciones de la media poblacional, en donde se aprecia la clara tendencia positiva en los cambios anuales, con la tendencia genética por debajo de la tendencia fenotípica. Con la excepción de los cambios ambientales los otros fueron significativamente diferentes de cero ($p \leq 0,01$), esos cambios están en acuerdo con los resultados previos reportados por Verde (2016).

Cuadro 6. Estimadores de las tendencias genéticas, ambientales y fenotípicas en utilizando el modelo animal en el rebaño Brahman registrado de la estación experimental “La Cumaca”

| Modelo | Estimadores | | | Pr. > t |
|------------|-------------|--------|-------|---------|
| | b | E,E | t* | |
| Genética | 0,8229 | 0,0734 | 11,29 | 0,0001 |
| Ambiental | 0,2084 | 0,3574 | 0,58 | 0,5640 |
| Fenotípica | 1,0375 | 0,3591 | 2,93 | 0,0063 |

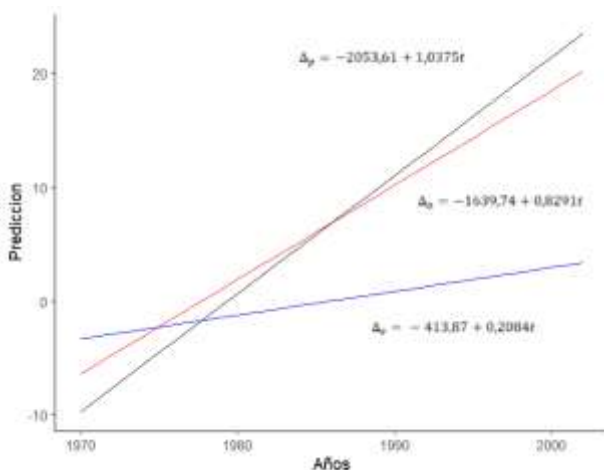


Figura 2. Tendencias genéticas, ambientales y fenotípicas, estimadas según un modelo animal para un rebaño Brahman de registro.

CONCLUSIONES

El índice de herencia para el peso ajustado a los 540 días estimado vía medios hermanos paternos es bajo, la varianza aditiva solo representa el 21,22% del total, por lo tanto, se espera que la respuesta a la selección sea lenta.

El estimador del índice de herencia para el mismo carácter vía modelo animal sugiere que la varianza aditiva representa un 34% de la variabilidad fenotípica.

El cambio genético anual fue inferior al 1% del promedio general del rebaño para el carácter. Es imprescindible revisar los programas de selección de los animales de reemplazo.

El método propuesto por Smith y el modificado por Burnside y Legates sobrestiman la verdadera tendencia genética.

El método modificado incluyendo ambos progenitores además de ser computacionalmente muy demandante aún sobrestima el progreso genético real.

Se recomienda la migración de animales mejoradores de poblaciones superiores pues la consanguinidad puede comprometer la estabilidad del rebaño en el mediano plazo.

LITERATURA CITADA

- Arias, M., Romero B, R., Camaripano, L. Arriaga L. 2013. Parámetros Genéticos y no Genéticos para Caracteres de Crecimiento en un Rebaño Brahman Registrado. Rev. Fac. Cs. Vets. UCV. 54(2):78-88.
- Burnside, E. B., and Legates, J. E. 1967. Estimation of Genetic Trends in Dairy Cattle Populations. J. Dairy Sci. 50(9):1448-1457
- Damon, R. A, y Harvey, W. R. 1987. Experimental Design, Anova and Regression. Harper & Row, Publishers, Inc., New York, NY. Pp 197-199
- Dangar, N., and Vataliya, P. 2018. Reliable Methods of Estimation of Genetic, Phenotypic and Environmental Trend for Production Traits in Gir Cattle. Indian Vet. J. 95(03):35-39
- Falconer, D. S. y MacKay, T. F. C. 2006. Introducción a la genética cuantitativa. 4^{ta} Edición. Editorial ACRIBIA, S.A. Zaragoza España. 469 p.
- Guillén Trujillo A., Guerra Iglesias D., Ávila Serrano N., Palacios Espinosa A., Ortega Pérez R., Espinoza Villavicencio J. L. 2012. Parámetros y tendencias genéticas del peso al destete y a los 18 meses de edad en ganado Cebú bermejo de Cuba. Rev. Mex. Cienc. Pecu. 3(1):19-31

- Harvey, W. R. 1960. Least-Squares Analysis of Data with Unequal Subclass Numbers. Agricultural Research Service United States Department of Agriculture. ARS-20-8 157 p.
- Harvey, W. R. Harvey, W. R. 1990. User's Guide for LSMLMW and MIXMDL PC-2 Version. Mixed Model Least-Squares and Maximum Likelihood Computer Program. 90 p.
- Manrique C. 2004. Parámetros genéticos para características de peso del cebú Brahman en Colombia. *Rev Med Vet Zoot.* 51:95-98
- Meyer, K. 2022. WOMBAT: A Program for Mixed Model Analyses by Restricted Maximum Likelihood. USER NOTES. Animal Genetics and Breeding Unit, University of New England Armidale, NSW 2351, Australia. 136 p.
- Mrode, R. A. 2013. Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values. 3rd Edition. CABI, UK. pp 34-46
- Parra-Bracamonte, G. M., Martínez-González, J. C., Cienfuegos-Rivas, E.G., Javier García-Esquivel, F. J., Ortega-Rivas, E. 2007a. Parámetros genéticos de variables de crecimiento de ganado Brahman de registro en México. *Veterinaria México.* 38(2):217-229.
- Parra-Bracamonte, G. M., Martínez-González, J. C., García-Esquivel, F. J., González-Reyna, A. Briones-Encinia, F., Cienfuegos-Rivas, E. G. 2007b. Tendencias Genéticas y Fenotípicas de Características de Crecimiento en el Ganado Brahman de Registro de México. *Rev. Cient.* 17(3):262-267.
- Plasse, D., Verde, O., Beltran, J., Marquez, N., Capriles, A., Arriojas, L., Shultz, T., Braschi y Benavides, A. 1994. Tendencias anuales de producción e influencias genéticas y ambientales en un rebaño Brahman genéticamente cerrado. 2. Tendencias Fenotípicas, Genéticas y Ambientales. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 2(2): 125-139.
- Powell, R.L., and Freeman, A.E. 1974. Genetic Trend Estimators. *J. Dairy Sci.* 57(9): 1067-1075
- Román, R. M., Wilcox, C. J., Littell, C. J. 1999. Genetic trends for milk yield of Jerseys and correlated changes in productive and reproductive performance. *J Dairy Sci.* 82(1):196-204
- Román, R.M., Gómez Ramos, B., Nuncio Ochoa, M. G.J., Bermúdez Goómez, L.E. 2024. Un método práctico para el control de la consanguinidad en una población. *ALPA en el Campo.* 10(3):10-14
- Rosales, J., y Tewolde, A. 1993. Estimación del progreso genético en hatos de bovinos Holstein mexicanos. *Memorias científicas originales. Vet. Méx.,* 24 (3):185-188
- SAS Institute Inc. 2015. SAS/STAT® 14.1 User's Guide. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Smith, C. 1962. Estimation of genetic change in farm livestock using field records. *Animal Production.* 4(2):239-251
- Verde, O. G. 2016. La Estación Experimental "La Cumaca" y su Impacto en la Mejora Productiva de la Raza Brahman en Venezuela. *Rev. Fac. Cs. Vets. UCV.* 57(1):15-21.