

ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA PARA CARACTERES BINARIOS DE FERTILIDAD EN EL VACUNO DE LECHE

O. González-Recio*, L.A. García-Cortés**, R. Alenda*

* Departamento de Producción Animal - E.T.S.I. Agrónomos (UPM).

** Departamento de Mejora Genética y Biotecnología. INIA. Madrid.

Introducción

La fertilidad es uno de los objetivos de selección que están adquiriendo más importancia en el vacuno de leche. Habitualmente se ha medido mediante caracteres continuos que indican intervalos y con caracteres umbrales referidos a tasas de preñez. Estos caracteres son principalmente la tasa de no retorno en un determinado periodo y el éxito de la inseminación. Según GROEN *et al.* (1998), la tasa de no retorno debería ser analizada en todos los países, para incluirla en una valoración internacional junto a otros indicadores de fertilidad. Esta evaluación internacional está prevista que se implemente dentro de pocos años (WALL *et al.*, 2003).

Los caracteres umbrales presentan problemas en la estimación de componentes de varianza mediante metodología lineal, puesto que contradicen algunos requisitos de los modelos lineales. Por esto, algunos autores (THOMPSON, 1979; GIANOLA, 1982) citan que la forma más apropiada de tratar estos caracteres es aplicar un modelo umbral mediante metodología bayesiana. El modelo macho se ha considerado habitualmente preferible al modelo animal (HOESCHELE y TIER, 1995), principalmente por el problema que se genera al tener grupos

de comparación pequeños en los efectos fijos o bien en los que todas las observaciones pertenecen a la misma categoría del carácter (GCE) (MORENO *et al.*, 1997). Es de esperar que aplicando un modelo animal con un adecuado tratamiento de los grupos de comparación se lleguen a los mismos resultados.

El objetivo de este trabajo es realizar una estimación de componentes de varianza para las tasas de no retorno a 56 y 90 días y para el éxito en la primera inseminación mediante metodología umbral con un modelo animal. De este modo analizar la viabilidad del modelo animal para caracteres umbrales e implementar posteriormente una estimación de correlaciones genéticas con otros caracteres de fertilidad cuya importancia económica haya sido estudiada (GONZÁLEZ-RECIO *et al.*, 2004). Con dichos resultados se podrá elaborar un índice de selección que tenga en cuenta una función de costes generados por la fertilidad y que incluya los caracteres más adecuados.

Material y métodos

Se utilizaron los datos históricos del control lechero hasta septiembre de 2003 y los

registros de inseminaciones artificiales desde 1986 de las comunidades autónomas del País Vasco y Navarra. Tras editar los archivos se trabajó con un total de 120.713 lactaciones y 225.085 registros de inseminaciones generados por 63.160 vacas. La genealogía estuvo constituida por 91.770 animales.

Los caracteres umbrales analizados fueron las tasas de no retorno a 56 (tnr56) y a 90 días (tnr90) y el éxito en la primera inseminación (EPIA).

Se aplicó un modelo umbral (GIANOLA, 1982), con una distribución subyacente continua para los valores genéticos. Dicha distribución se asumió normal y se fijaron valores arbitrarios para el umbral y la varianza del error ($t=0$, $\sigma_e^2=1$). Sobre la variable subyacente se aplicó un modelo animal para el análisis de componentes de varianza. Como efectos fijos se incluyeron la lactación-edad y el mes de parto. Los días a la primera inseminación fueron usados como covariable. Además se incluyeron los efectos aleatorios del rebaño-año de parto, efecto permanente, animal y el error. El rebaño-año de parto se analizó como aleatorio para paliar el problema de los niveles con pocas observaciones y de los GCE. Además, si en un grupo de rebaño-año todas las observaciones presentaban la misma categoría del carácter, este grupo se hizo móvil hasta un periodo de un año.

Se implementó un muestreo de Gibbs con metodología bayesiana usando lenguaje fortran 90, integrando la variable subyacente mediante un aumento de datos (SORENSEN *et al.*, 1995). Las varianzas se muestrearon de una ji cuadrado inversa. Los resultados fueron verificados con datos simulados.

Para simplificar la notación, se considerará sólo el modelo sobre la escala subyacente (λ), siendo el resto del análisis estándar (X , W_r , W_p , Z = Matriz de incidencia de los efectos fijos, rebaño-año, efecto permanente y animal, respectivamente; β , r , p , u , ε = estimas de los efectos fijos, rebaño-año, efecto permanente, aditivo y error, respectivamente).

$$\lambda = X\beta + W_r r + W_p p + Zu + \varepsilon$$

y se aplicó el teorema de Bayes:

$$p(\beta, r, p, u, \sigma_u^2, \sigma_p^2, \sigma_r^2 | y) \propto$$

$$p(y | \beta, r, p, u, \sigma_u^2, \sigma_p^2, \sigma_r^2) p(u | \sigma_u^2) p(p | \sigma_p^2) p(r | \sigma_r^2) p(\sigma_u^2) p(\sigma_p^2) p(\sigma_r^2)$$

La longitud de la cadena fue de 100.000 muestras, descartando las 10.000 primeras. A partir de este momento se guardaron las muestras cada diez iteraciones. En total se obtuvieron un total de 9.000 muestras por cada variable.

Se calculó el error de Monte Carlo de las distribuciones posteriores de la varianza genética y la heredabilidad de los tres caracteres, usando el tamaño efectivo de las mismas (GEYER, 1992)

Resultados y discusión

La incidencia y el porcentaje de niveles del Rebaño-año que fueron GCE se muestran en el cuadro 1, para cada carácter. Esta incidencia no fue extrema para ninguno de los caracteres, siendo la más alta para la tnr90, con un 80 % de observaciones en la categoría de preñez (1). También la tnr90 fue el carácter que presentó mayor porcentaje de GCE con un 21 %, a pesar de realizar los grupos móviles. La tnr56 y el EPIA presentaron menores porcentajes de GCE

(10 y 3% respectivamente). Por tanto la peor estructura de los datos se presentó para la tnr90, pero dentro de unas condiciones aceptables.

El cuadro 2 muestra la media, la mediana y la moda de las distribuciones posteriores para la heredabilidad y la repetibilidad de los caracteres analizados. Se estimó una heredabilidad media de 0.055, 0.060 y 0.039 para la tnr56, tnr90 y EPIA, respectivamente. Similares resultados se obtuvieron para la moda y la mediana, mostrando que las posteriores resultaron ser distribuciones normales. Los intervalos de confianza al 95 % de las heredabilidades fueron (0.042, 0.067) para la tnr56, (0.047, 0.073) para la tnr90 y (0.027, 0.052) para EPIA. HOEKSTRA *et al.* (1994) obtuvieron una heredabilidad de 0.04 para la tnr56. Similares resultados para EPIA se muestran en otros trabajos usando metodología lineal (HOEKSTRA *et al.*, 1994; PRYCE *et al.*, 1997) y umbral (KADARMIDEEN *et al.*, 2000). PETERSEN *et al.* (2002) estimaron heredabilidades algo superiores para la tnr90 y EPIA usando modelo umbral.

Se calculó el error de Montecarlo para la heredabilidad y varianza genética de todos los caracteres (cuadro 3). El tamaño efectivo de las cadenas de muestreo estuvo entre 12 y 20. A pesar de ser un tamaño efectivo pequeño, el error de Montecarlo

no fue elevado en ningún caso, tomando valores de 0.002.

La tnr90 presentó los valores del error de predicción más elevados para los valores genéticos (resultado no mostrado). Este resultado, unido a una peor estructura de los datos en cuanto a incidencia y GCE, no recomienda que sea el carácter escogido para implementar una valoración genética, a pesar de presentar la mayor heredabilidad. Los valores del error de predicción más bajos (resultados no mostrados) junto con la mejor estructura de los datos fueron para el EPIA. Sin embargo la tnr56 presentó mayor heredabilidad. Sería conveniente estudiar si alguno de estos dos caracteres debería ser incluido en las valoraciones internacionales en función de sus relaciones con otros caracteres.

Estos resultados muestran la viabilidad de aplicar un modelo animal a caracteres umbrales en vacuno de leche cuando se tratan los efectos y los problemas de comparación extrema adecuadamente. Estos resultados son preliminares a una estimación de componentes de varianza con un modelo animal multicarácter que permita combinar caracteres umbrales y lineales. De esta manera, y atendiendo a las recomendaciones internacionales, se podrá elaborar un índice de fertilidad que incluya los caracteres más adecuados para su posterior inclusión en un índice de funcionalidad.

Cuadro 1. Porcentajes de incidencia (I) y de grupos de comparación extremos (GCE) para cada uno de los caracteres analizados

	TNR56	TNR90	EPIA
I (%)	70	80	48
GCE (%)	10	21	3

Cuadro 2. Media, mediana y moda de las distribuciones posteriores de la varianza genética (σ^2_g), varianza del rebaño (σ^2_r), heredabilidad (h^2) y repetibilidad (r) de los caracteres analizados

	σ^2_g	σ^2_r	h^2	r
TNR56				
MEDIA	0.066	0.122	0.055	0.068
MEDIANA	0.066	0.122	0.055	0.067
MODA	0.071	0.121	0.055	0.070
TRN90				
MEDIA	0.077	0.198	0.060	0.070
MEDIANA	0.077	0.198	0.060	0.071
MODA	0.076	0.197	0.059	0.076
EPIA				
MEDIA	0.044	0.067	0.039	0.057
MEDIANA	0.046	0.067	0.040	0.058
MODA	0.039	0.067	0.033	0.059

Cuadro 3. Tamaño efectivo (TE) y error de Montecarlo (EMC) de las distribuciones posteriores de la varianza genética (σ^2_g) y la heredabilidad (h^2) de los caracteres analizados

	TNR56		TNR90		EPIA	
	σ^2_g	h^2	σ^2_g	h^2	σ^2_g	h^2
TE	16	15	20	17	12	12
EMC	0.002	0.002	0.002	0.002	0.002	0.002

Bibliografía

GEYER C.J., 1992. Practical Markov chain Monte Carlo. Stat. Sci. 7: 473-511.

GIANOLA D., 1982. Theory and analysis of threshold characters. J. Animal Sci. 54: 1079-1096.

GONZÁLEZ-RECIO O., PÉREZ-CABAL M.A., ALENDA R., 2004. Economic Value of Female Fertility and its Relationship with Profit in Spanish Dairy Cattle. J. Dairy Sci. Aceptado.

GROEN A.F., SÖLKNER J., AUMANN J., DUCROCQ V., GENDLER N., STRANDBERG E., 1998. EU Concerted Action. Genetic Improvement of Functional Traits in cattle. Interbull, bull. No. 19: 9-18.

HOEKSTRA J., VAN DER LUGT A.W., VAN DER WERF J.H.J., OUWELTJES W., 1994. Genetic and phenotypic parameters for milk production and fertility traits in upgraded dairy cattle. Livestock Prod. Sci. 40(3): 225-232.

HOESCHELE I., TIER B., 1995. Estimation of variance components of threshold characters by marginal posterior modes and means via Gibbs sampling. Genet. Sel. Evol. 27: 519-540.

- KADARMIDEEN H.N., THOMPSON R., SIMM G., (2000). Linear and Threshold Model Genetic Parameters for Disease, Fertility and Milk Production in dairy cattle. *Animal Science* 71: 411-419
- MORENO C., SORENSEN D., GARCÍA-CORTES L.A., VARONA L., ALTARRIBA J., 1997. On biased inferences about variances components in the binary threshold model. *Genet. Sel. Evol.* 29: 145-160.
- PETERSEN T., STANER E., JUNG W., REINSCH N., KALM E., 2002. Genetic analysis of fertility disease traits and their relationship to reproduction traits in dairy cattle. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier (France). Communication 01-17.
- PRYCE J.E., VEERKAMP R.F., THOMPSON R., HILL W.G., SIMM G., 1997. Genetic Aspects of common disorders and measures of fertility in Holstein Friesian dairy cattle. *Animal Science* 63: 353-360.
- SORENSEN D., ANDERSEN S., GIANOLA D., KORSGAAD I., 1995. Bayesian inference in threshold model using Gibbs sampling. *Genet. Sel. Evol.* 27: 229-249.
- THOMPSON R., 1979. Sire evaluation. *Biometrics* 35: 339-353.
- WALL E., BROTHERSTONE S., WOOLLIAMS J.A., BANOS G., COFFEY M.P., 2003. Genetic Evaluation of Fertility using Direct and Correlated Traits. *J. Dairy Sci.* 86: 4093-4102.