

ANÁLISIS GENÉTICO MULTICARACTER DEL CRECIMIENTO EN VACUNO PIRENAICO

González-Rodríguez A., Altarriba J., Moreno C., Varona L.

Unidad de Genética Cuantitativa y Mejora Animal. Universidad de Zaragoza. 50013. E-mail: aldemarango69@yahoo.es

INTRODUCCIÓN

El principal carácter de interés en los esquemas de mejora de vacuno de carne es el peso del individuo al sacrificio (Golden. et al., 1998; MacNeil, 2003; Bouquet et al., 2010), pero desafortunadamente no se encuentra disponible en los candidatos a la selección. Como consecuencia, uno de los criterios de selección más ampliamente utilizados es el peso de los animales vivos a lo largo del crecimiento, bajo la hipótesis de una correlación genética favorable con el peso al sacrificio (Meyer et al., 1993; Bennett et al., 1996; Altarriba et al., 2009; Bouquet et al., 2010). En este sentido, el programa de mejora genética que aplica la Confederación Nacional de Asociaciones de Vacuno Pirenaico (CONASPI) utiliza datos entre los 110 y 310 días (Altarriba et al., 1996; Varona et al., 1997).

En este trabajo se pretende estudiar la estructura de correlaciones genéticas y residuales entre los pesos a distintas edades y los incrementos de peso en varias fases del crecimiento, con el objetivo de describir genéticamente el proceso de crecimiento con mayor precisión.

MATERIAL Y METODOS

Datos: En este trabajo se han utilizado 25,894 pesos correspondientes a individuos entre 80 y 160 días de edad que se atribuyeron al carácter peso a los 120 días (P120), 18,283 pesos procedentes de individuos entre 170 y 250 días de edad asignados al carácter peso a los 210 días (P210), y 23,204 pesos al sacrificio obtenidos en el matadero atribuidos al peso entre 250-480 días de edad (PSAC), transformados al dividir el peso de canal fría por el rendimiento en canal medio de la población. Los pesos de animales vivos fueron proporcionados por CONASPI, mientras que los registros de peso al sacrificio fueron obtenidos mediante el Sistema de Identificación y Movimiento de Ganado Bovino (SIMOGAN). Además se calculó el incremento de peso entre 120 y 210 días (Δ 120-210) y entre 210 días y el peso vivo al sacrificio (Δ 210-PSAC) para aquellos individuos de los cuales se disponía de las dos informaciones. En la Tabla 1 se presenta un resumen de las medias y desviaciones típicas fenotípicas.

Por otra parte, se utilizó un fichero genealógico de 94,931 individuos, proporcionado por CONASPI.

Modelo estadístico: Los datos fueron analizados utilizando modelos animales bicarácter para los caracteres tomados de dos en dos.

El modelo de análisis para P120, P210 y Δ 120-210 fue:

$$y_{ijklm} = N_i + S_j + R_l + b \cdot EDAD_m + u_m + e_{ijklm}$$

Donde N es la estación de nacimiento -4 niveles-, S es el sexo - 2 niveles-, R es la explotación -348 niveles para P120, 386 niveles para P210 y 231 niveles para Δ 120-210-, b es la covariable sobre la edad a P120 y P210 y los días entre las dos pesadas en Δ 120-210, respectivamente, u es el efecto genético aditivo y e el efecto residual.

El modelo de análisis para PSAC y Δ 210-PSAC fue:

$$y_{ijklm} = N_i + S_j + M_k + R_l + b \cdot EDAD_m + u_m + e_{ijklm}$$

Donde N es la estación de nacimiento -4 niveles-, S es el sexo - 2 niveles-, M es el matadero -14 niveles-, R es la explotación -623 niveles para PSAC y 177 para Δ 210-PSAC-,

b es la covariable sobre la edad al sacrificio (PSAC) y los días transcurridos (Δ 210-PSAC), u es el efecto genético aditivo y e el efecto residual.

El análisis se realizó mediante inferencia Bayesiana mediante el procedimiento de muestreo de Gibbs y utilizando el programa TM (Legarra et al., 2008). Se asumieron distribuciones uniformes para efectos sistemáticos y componentes de varianza y covarianza, en el análisis, se simuló una única de cadena de 225,000 iteraciones, de las cuales se descartaron la primeras 25,000.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las heredabilidades, correlaciones genéticas y residuales para los cinco caracteres se presentan en la Tabla 2.

En estos resultados se confirma la presencia de una heredabilidad superior o igual a 0.30 para todos los caracteres, de acuerdo con las estimaciones de la bibliografía en la misma (Varona et al., 1997; Altarriba et al., 2009) o distintas poblaciones (Bennett et al., 1996; Rios Utrera & Van Vleck, 2004; Bouquet et al., 2010).

En cuanto a las correlaciones genéticas, se observa una relación positiva y elevada entre los pesos a distintas edades (P120 y P210), pero de magnitud más moderada cuando se relacionan con el peso al sacrificio (0.38 entre P120 y PSAC y 0.48 entre P210 y PSAC). Estos resultados cuestionan la eficiencia de un esquema de selección basado exclusivamente en datos obtenidos en distintas fases de crecimiento y refuerzan la importancia de la utilización del PSAC procedente del sistema SIMOGAN en animales emparentados, como se propuso anteriormente en Altarriba et al. (2009).

Las correlaciones genéticas y residuales entre los incrementos de peso y el peso inmediatamente posterior (Δ 120-210 y P210 y Δ 210-PSAC y PSAC) son positivas y muy elevadas, pero las correlaciones genéticas entre los incrementos de peso y los pesos previos son bajas o nulas (0.18 entre P120 y Δ 120-210, -0.01 entre P120 y Δ 210-PSAC y -0.02 entre P210 y Δ 210-PSAC), indicando que la valoración genética para pesos en fases de crecimiento tiene muy poca capacidad predictiva sobre el comportamiento posterior.

Además, son destacables las correlaciones residuales negativas en torno a -0.30 entre P210 y Δ 210-PSAC y entre Δ 120-210 y Δ 210-PSAC. La presencia de estas correlaciones residuales negativas indican la existencia de un crecimiento compensatorio en la población Pirenaica, que es despreciado por las estrategias habituales de evaluación genética.

En el futuro, se pretende explorar la relación entre estos caracteres utilizando modelos recursivos (Gianola & Sorensen, 2004; Varona et al., 2007), en particular con su versión no lineal (Lopez de Maturana et al., 2009; Ibañez-Escriche et al., 2010) con el objetivo de obtener predictores del valor genético que consideren los efectos del crecimiento compensatorio y que permitan generar una predicción más adecuada del carácter objetivo a la selección.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Altarriba, J., Yagüe, G., Moreno, C. & Varona, L. 2009. *Livest. Sci.* 125:115-120. • Altarriba, J., Varona, L., Moreno, C., Yagüe, G. & Pastor, F. 2006. *Anim. Res.* 55: 55-63. • MacNeil, M. D. 2003. *J. Anim. Sci.* 81: 2425-2433. • Altarriba, J., García Cortes, L. A., Moreno, C. & Varona, L. 1996. *ITEA* 92: 107-116. • Bennett, G. L. & Gregory, K. E. 1996. *J. Anim. Sci.* 74: 2598-2611. • Varona, L., Moreno, C., García Cortés, L. A. & Altarriba, J. 1996. *Livest. Sci.* 47: 201-209. • Meyer, K., Carrick, M. J. & Donnelly, B. J. 1993 *J. Anim. Sci.* 71: 2614-2622. • Rios Utrera, A. & Dale Van Vleck, L. 2004. *Genet. Mol. Res.* 3: 380-394. • Golden, B. L., Garrick, D. J., Newman, S. & Enns, R. M. Economically relevant traits a framework for the next generation of EPDs, Review <http://www.beef.org.nz/research/breeding/beefert.pdf> • Bouquet A., Fouilloux M.-N., Renand G. & Phocas F. 2010 *Livest. Sci.* 129:38-48. • Gianola D. & Sorensen D. 2004 *Genet.* 167:1407-1424. • Varona L., Sorensen D., & Thompson R. 2007 *Genet.* 177:1791-1799. •

Lopez de Maturana E., Wu X.-L., Gianola D., Weigel K. A., & Guilherme J. M., 2009 Genet. 181:277-287 • Ibañez-Escriche N., Lopez de Maturana E., Noguera J., & Varona L. 2010 J. Anim. Sci. 88:3493-3503.

Agradecimientos: Los autores agradecen a la Confederación Nacional de Asociaciones de Vacuno Pirenaico (CONASPI) y al Sistema de Identificación y Movimiento de Ganado Bovino (SIMOGAN) por la disponibilidad de los datos utilizados.

Tabla 1. Medias y desviaciones típicas fenotípicas de los caracteres analizados.

Caracteres	Nº Datos	Media	Desviación Típica
P120	25,894	163.23	40.09
P210	18,283	265.25	56.34
PSAC	23,204	481.46	91.04
Δ P120-P210	8,815	119.34	41.28
Δ P210-PSAC	3,350	206.68	81.60

P120 (peso a los 120 días de edad), P210 (peso a los 210 días de edad), PSAC (peso al sacrificio), Δ P120-P210 (ganancia de peso entre 120-210 días de edad), Δ P210-PSAC (ganancia de peso entre 210 días de edad y peso al sacrificio).

Tabla 2. Media posterior (y desviación típica), estimación de las heredabilidades (Diagonal), correlación genética (triángulo superior), y correlación residual (triángulo inferior).

Carácter	P120	P210	PSAC	Δ 120-210	Δ 210-PSAC
P120	0.343 (0.016)	0.715 (0.027)	0.381 (0.050)	0.178 (0.064)	-0.014 (0.047)
P210	0.670 (0.010)	0.347 (0.019)	0.475 (0.047)	0.773 (0.026)	-0.020 (0.116)
PSAC	0.449 (0.023)	0.511 (0.026)	0.349 (0.022)	0.356 (0.082)	0.633 (0.062)
Δ 120-210	-0.038 (0.023)	0.763 (0.009)	0.263 (0.039)	0.292 (0.030)	-0.013 (0.127)
Δ 210-PSAC	0.047 (0.048)	-0.304 (0.044)	0.745 (0.024)	-0.321 (0.049)	0.334 (0.058)

P120 (peso a los 120 días de edad), P210 (peso a los 210 días de edad), PSAC (peso al sacrificio), Δ P120-P210 (ganancia de peso entre 120-210 días de edad), Δ P210-PSAC (ganancia de peso entre 210 días de edad y peso al sacrificio).

MULTIPLE TRAIT GENETIC ANALYSIS OF GROWTH IN THE PIRENAICA BEEF CATTLE BREED

ABSTRACT: The main objective of selection for beef cattle is weight at slaughter. Live weights throughout growth are currently used as selection criteria under the hypothesis of favorable genetic correlation with slaughter weight. In this study we used data for weight at 120 (P120) and 210 (P210) days and at slaughter (PSAC) to increase our knowledge about the genetic and environmental relationships between different phases of growth. We obtained a high and positive genetic correlation between P120 and P210, but lower between them and PSAC. Moreover, genetic correlations between gain of weight and the previous weight were null. Finally, it is remarkable the presence of negative residual correlations of around -0.30 between P210 and gain of weight from 210 days to slaughter or gains of weight between 120 to 210 days and 210 days to slaughter. The presence of these negative residual correlations suggests the existence of compensatory growth that is not considered in common strategies of genetic evaluation.

Keywords: Beef Cattle, Growth, Genetic correlation, Residual Correlation.