

Parámetros genéticos para características de canal medidas por ultrasonido en bovinos cruzados en el sur del Cesar, Colombia



Carlos Alberto Martínez¹
Ariel Jiménez Rodríguez^{1,3}
Mauricio A. Elzo²
Carlos Manrique Perdomo¹



1. Grupo de Estudio en Mejoramiento y Modelación Animal GEMA, Departamento de ciencias para la producción animal, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá DC

2. Department of Animal Sciences, University of Florida, Gainesville, FL

3. Asociación Colombiana de Criadores de Ganado Cebu ASOCEBU



Introducción

- Se tiene planeado el aumento en el número de bovinos en el país y en los niveles de productividad (1)
- Uso del cruzamiento en zonas de trópico bajo
- 72% del hato Nacional es Cebu principalmente Brahman (1)
- Caracteres de canal medidos por US son útiles en programas de MGA. Importancia económica y correlación con rendimientos en términos de carne despostada (2, 3, 4, 5)
- Pocos trabajos para caracteres de US en Colombia (6, 7)

(1) FEDEGAN 2006; (2) Houghton y Turlington, 1992; (3) Wilson, 1992; (4) Hassen et al., 2003; (5) Fischer et al., 2006; (6) Bolívar et al., 2011; (7) Martínez et al., 2011

Materiales y métodos

• Población:

Novillas y vacas Brahman gris de tercer parto (1200) elegidas según chequeo reproductivo

Apareamientos al azar mediante IATF con 37 TOROS toros de 9 razas:

Cebuinas: Brahman Gris, Brahman Rojo y Guzerat

Taurinas Criollos: BON y Romosinuano

Taurinas Europeos: Braunvieh, Limousin, Normando y Simmental

• Nacimientos: Entre 2008 y 2009, 352 machos y hembras

Número de toros por grupo racial y número de terneros por grupo racial y año de nacimiento

Raza del padre	Número de toros	Grupo racial del ternero	Número de Terneros		
			2008	2009	TOTAL
BON	3	BONXBG	21	12	33
BV	3	BVXBG	13	9	22
BG	12	BGXBG	64	36	100
GZ	3	GZXBG	18	10	28
LIM	3	LIMXBG	21	15	36
NM	3	NMXBG	22	15	37
BR	4	BRXBG	27	8	35
ROM	3	ROMXBG	18	11	29
SIME	3	SIMEXBG	22	10	32
TOTAL	37		226	126	352



Materiales y métodos

• Manejo:

Dos haciendas ubicadas en la microrregión del sur del Cesar

50 msnm, temperatura media anual de 28°C y humedad relativa de 80%

Bosque muy seco tropical

Pastoreo rotacional con suplementación mineral 8% de fósforo

Materiales y métodos

Praderas: Brachipará (*Brachiaria plantaginea*), Guinea (*Panicum máximum*) y Angleton (*Dichantium aristatum*)

Periodo de descanso de 60 días

Destete entre los 7 y 8 meses

Machos: Castración al año de edad

Materiales y métodos

- Caracteres y registros:

Medidas ultrasónicas de área de ojo del lomo (AOL) y grasa dorsal (GD) a edades promedio de 337.8 y 443.6 días (AOL12, AOL15, GD12 y GD15)

Equipo Aquila modelo Easote de Pie Medical con sonda ASP 18 y almohadilla de acople (1)

Obtención de mediciones: Programa Echo Image Viewer (1)

Técnico certificado ASOCEBU

(1) Pie Medical Equipment B.V., Maastricht, Limburg, The Netherlands

Materiales y métodos

- Análisis genéticos:

Modelos animales bi-carácter (6 modelos)

Efectos fijos:

Número de partos de la madre, Grupo contemporáneo (subclase: año, época, sexo, hacienda), edad del animal (lineal y cuadrático), fracción de heterocigosis, fracción esperada de alelos de cada grupo genético (Taurino ó Cebuino)

Materiales y métodos

Efectos aleatorios:

Efecto genético aditivo de cada animal

Efecto de ambiente permanente para los modelos AOL12-AOL15 y GD12-GD15



Materiales y métodos

Modelo en notación matricial:

$$y = \begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} \quad \beta = \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} \quad u = \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} \quad e = \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

$$X = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \quad Z = \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix}$$

$$y = X\beta + Zu + e$$

Materiales y métodos

Supuestos de distribución:

$$\begin{bmatrix} y \\ u \\ e \end{bmatrix} \sim \text{NMV} \left[\begin{bmatrix} X\beta \\ - \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZGZ' + R & ZG & R \\ - & GZ' & G \\ R & 0 & R \end{bmatrix} \right]$$

$$G = (A \otimes G_A) \oplus (I \otimes C_p) \quad R = I \otimes C_e$$

$$G_A = \begin{bmatrix} \sigma_{A1}^2 & \sigma_{A1,2} \\ \sigma_{A1,2} & \sigma_{A2}^2 \end{bmatrix} \quad C_p = \begin{bmatrix} \sigma_{p1}^2 & \sigma_{p1,2} \\ \sigma_{p1,2} & \sigma_{p2}^2 \end{bmatrix} \quad C_e = \begin{bmatrix} \sigma_{e1}^2 & \sigma_{e1,2} \\ \sigma_{e1,2} & \sigma_{e2}^2 \end{bmatrix}$$

Materiales y métodos

Estimación de componentes de varianza:

Vía máxima verosimilitud restringida (1)

Procedimiento libre de derivadas para encontrar el máximo de la función de verosimilitud restringida

Programa: MTDFREML (2)

(1) Patterson y Thompson, 1971
(2) Boldman et al., 1995

Materiales y métodos

Valores iniciales

Estimadores MVR obtenidos de un modelo de padre para la varianza aditiva

Covarianzas: Valores cercanos a cero

Varianza de AP y residual: Valores arbitrarios basados en la varianza total y aditiva

Se cambiaron los diferentes valores iniciales para asegurar máximo global y no local (1)

(1) Boldman et al., 1995

Resultados

Número de registros por grupo racial del ternero para características de ultrasonido

Carácter	Grupo racial del ternero								
	BON	BV	BG	GZ	LIM	NM	BR	ROM	SIME
	X	X	X	X	X	X	X	X	X
	BG	BG	BG	BG	BG	BG	BG	BG	BG
AOL12	16	12	56	10	20	16	19	12	14
AOL15	13	6	36	9	9	14	15	9	14
GD12	16	12	56	10	20	16	19	12	14
GD15	13	6	36	9	9	14	15	9	14

Resultados

Estadísticas descriptivas

Carácter	n	Media	EEM	DE	CV(%)
AOL12	175	44.75	0.67	8.84	19.76
AOL15	125	45.82	0.71	7.95	17.35
GD12	175	2.65	0.11	1.48	55.82
GD15	125	2.23	0.10	1.15	51.47

Resultados

Heredabilidades (diagonal), correlaciones genéticas aditivas (sobre la diagonal) y covarianzas genéticas aditivas (bajo la diagonal) para las 4 medidas de ultrasonido estudiadas

	AOL12	AOL15	GD12	GD15
AOL12	0.28	0.99	0.81	0.78
AOL15	7.8	0.08	0.69	0.72
GD12	3.15	1.38	0.38	0.98
GD15	1.74	0.53	0.33	0.34

Aunque no se computaron los errores estándar se espera que sean considerables dado el número de datos empleado

Comentarios finales

Los resultados deben considerarse con cuidado debido al número de datos

Estos sugieren que las características estudiadas pueden ser mejoradas vía selección y por la magnitud y dirección de las correlaciones genéticas, que la selección sobre alguna de ellas producirá una respuesta en la misma dirección para las demás

Comentarios finales

Se requiere validación de los resultados con conjuntos de datos mas grandes y en poblaciones que involucren mas tipos de apareamientos

Actualmente se tienen resultados involucrando un mayor numero de medidas en el tiempo empleando modelos de regresión aleatoria:

Martínez et al. (Sin publicar)

Comentarios finales

Es importante coleccionar datos en las diferentes poblaciones multirraciales del país

Para ello se requiere un trabajo coordinado entre los productores, asociaciones ganaderas e investigadores

Con el presente estudio se dio un ejemplo de cómo realizar este tipo de alianzas

