

GUEST AUTHORS

Mauricio A. Elzo¹
 Germán Martínez²
 Foción González²
 Hugoberto Huertas²

ABSTRACT

Variability and additive, non additive and total genetic predictions in the multibreed, Sanmartinero-Cebu beef cattle herd in La Libertad Research Center

Calf growth data from the Sanmartinero-Zebu multibreed herd located at the La Libertad Research Center were used to obtain estimations of additive genetic ratios (heritabilities), non additive genetic ratios (interactibilities), and additive, non additive, direct and maternal genetic correlations for birth weight, weaning weight (240 d), and postweaning gain (240 to 480 d). Additive and non additive genetic values were predicted for the three growth traits, for all sires used in the herd from 1971 to 1996. Multibreed methodology was used to compute estimates of covariance components and to predict sire genetic values. Heritability estimates in the Sanmartinero and Zebu breeds were 0.26 and 0.30 for birth weight direct, 0.10 and 0.08 for weaning weight direct, 0.44 and 0.37 for postweaning weight direct, 0.29 and 0.36 for birth weight maternal, 0.11 and 0.10 for weaning weight maternal, and 0.46 and 0.38 for postweaning weight maternal. Estimates of additive and non additive genetic correlations among all traits and genetic effects were low; most of them (38 of 45) were smaller than 0.10. Additive and total *direct* genetic predictions indicate that calves sired by Sanmartinero bulls were, in general, smaller at birth and at weaning, but had similar postweaning gains to calves from Zebu bulls. Additive and total *maternal* predictions, on the other hand, suggest that daughters of Sanmartinero sires had larger calves at birth that were heavier at weaning, and had larger postweaning gains than calves of daughters of Zebu sires. Non additive direct genetic predictions were larger than non additive maternal ones for both: Sanmartinero and Zebu sires. Additive and non additive maternal predictions for pre and postweaning gain, however, suggest that calves of dams of lower maternal ability (e.g., lower milk production) grew more postweaning than those of higher maternal ability. These results suggest that Sanmartinero cattle were competitive with Zebu cattle for growth traits, and demonstrated an excellent interbreed combining ability under the nutritional and management conditions of La Libertad.

Key words: Cattle, criollo, genetic evaluation, crossbreeding, variance components, genetic parameters.

1. University of Florida, P.O. Box 110910, Gainesville, FL, U.S.A.

2. Instituto Colombiano Agropecuario, C.I. La Libertad, Km 17 vía Puerto López, Colombia.

Variabilidad y predicciones genéticas aditivas, no aditivas y totales para la producción de ganado de carne en el rebaño multirracial Sanmartinero-Cebú de La Libertad

RESUMEN

Se utilizaron datos de crecimiento de terneros del rebaño multirracial Sanmartinero-Cebú localizado en el Centro de Investigaciones La Libertad, con el objeto de obtener la estimación de razones genéticas aditivas (heredabilidades), no aditivas (interactibilidades) y correlaciones genético aditivas, no aditivas, directas y maternas para peso al nacimiento, peso al destete (240 d), y ganancia de peso postdestete (240 a 480 d). Se obtuvieron también predicciones de valores genéticos aditivos y no aditivos de los tres caracteres de crecimiento para todos los toros usados en el rebaño entre 1971 y 1996. La metodología utilizada, tanto para el cálculo de la estimación de componentes de varianza y covarianza, como para las predicciones genéticas de toros, fue de tipo multirracial. La estimación de heredabilidades en las razas Sanmartinero y Cebú fue: 0.26 y 0.30 para peso al nacimiento directo, 0.10 y 0.08 para peso al destete directo, 0.44 y 0.37 para ganancia postdestete directa, 0.29 y 0.36 para peso al nacimiento materno, 0.11 y 0.10 para peso al destete materno y 0.46 y 0.38 para ganancia postdestete materno, respectivamente. Las estimaciones de correlaciones genéticas aditivas y no aditivas entre todos los caracteres y efectos genéticos fueron bajas; la mayoría de ellas (38 de 45) menores de 0.10. Las predicciones genéticas aditivas y totales *directas* indican que los toros Sanmartinero tuvieron, en general, terneros más pequeños al nacimiento, de menor peso al destete y de similar ganancia postdestete que en los terneros de toros Cebú. Las predicciones genéticas aditivas y totales *maternas*, por el contrario, sugieren que hijas de toros Sanmartinero tuvieron terneros más grandes al nacimiento, de mayor peso al destete y de mayor ganancia postdestete que terneros de hijas de toros Cebú. Las predicciones genéticas no aditivas directas fueron mayores que las no aditivas maternas para toros Sanmartinero y Cebú. Por su parte, las predicciones aditivas y no aditivas pre y postdestete maternas sugieren que terneros de madres de menor habilidad materna (e.g., menor producción de leche) crecieron más en el período postdestete. Estos resultados indican que animales Sanmartinero fueron competitivos con animales Cebú para caracteres de crecimiento y demostraron excelente habilidad combinatoria interracial bajo las condiciones de nutrición y manejo del Centro de Investigación La Libertad.

Palabras claves: ganado bovino, criollo, evaluación genética, cruzamientos, componentes de varianza, parámetros genéticos.

INTRODUCTION

LA RAZA Sanmartinera es una de las razas criollas con mayor aptitud y demanda para los propósitos de conservación y de explotación comercial en Colombia (Bejarano *et al.*, 1986; Martínez, 1997a, b). Una alternativa para estimular el uso de ganado Sanmartinero en particular, y de animales de razas Criollas en general, es a través de la documentación de sus valores genéticos para características reproductivas y productivas, tanto en apareamientos dentro de razas como entre razas, particu-

larmente con animales Cebú (principalmente de raza Brahman) que constituyen el grupo más numeroso en Colombia. Esta alternativa requiere un sistema de evaluación y selección genética que utilice información multirracial obtenida en rebaños experimentales y comerciales y de un sistema de apareamiento que considere: 1) Toros de referencia de varias razas y 2) Grupos contemporáneos multirraciales, i.e., compuestos de animales puros y cruzados.

El rebaño del Centro de Investigación La Libertad tiene suficiente variedad de tipos de apareamientos interraciales para realizar una evaluación multirracial de toros Sanmartinero (S), Cebú (C) y cruzados (2S 2C) apareados con vacas puras y cruzadas. Este estudio es equivalente al realizado en el rebaño multirracial Romosinuano-Cebú (Elzo *et al.*, 1998).

Los objetivos de este estudio fueron los de obtener: 1) La estimación de varianzas y covarianzas genéticas aditivas (A), no aditivas (N), directas (D) y maternas (M), ambientales (E) y fenotípicas (P), para peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD; 240 d) y ganancia de peso postdestete (GP; 240 a 480 d); 2) Razones genéticas aditivas (heredabilidades), no aditivas (interactividades) y correlaciones genéticas entre efectos genéticos aditivos, no aditivos, directos y maternos de PN, PD, y GP, así como correlaciones ambientales y fenotípicas entre estos tres caracteres de crecimiento; 3) Poder comparar las predicciones genéticas aditivas, no aditivas y totales para PN, PD y GP de los toros Sanmartinero, 2S 2C y Cebú.

Materiales y Métodos

Animales y Manejo

Los animales de este estudio pertenecían al rebaño multirracial Sanmartinero Cebú mantenido en el Centro de Investigaciones La Libertad. Este Centro tiene 1.335 hectáreas y se ubica en la región de Bosque Húmedo Tropical de la Orinoquia Colombiana, en el kilómetro 21 de la vía que conduce desde Villavicencio a Puerto López, en el Departamento del Meta. La Libertad está a una altura de 336 m sobre el nivel del mar, tiene una temperatura promedio de 27°C, humedad relativa de 79%, precipitación anual de 2787 mm y dos estaciones: una lluviosa (abril a noviembre) y otra seca (diciembre a marzo). Los suelos son representativos del piedemonte llanero, y se caracterizan por ser fuertemente ácidos (pH = 4.5), con alto contenido de aluminio intercambiable, de baja fertilidad y principalmente deficientes en Ca, P, N, Zn y Cu.

Los animales se mantuvieron bajo un sistema de pastoreo continuo en praderas de Braquiaria (*Brachiaria decumbens*), con acceso libre a una mezcla mineral de aproximadamente 8% de P. El apareamiento fue estacional (90 d), desde el 1º de mayo hasta el 31 de Julio (los meses de mayor precipitación). Los partos fueron en su mayoría entre enero y marzo (los meses de menor precipitación). Los terneros se mantuvieron con sus madres hasta

el destete a los 8 meses de edad. Desde los 8 a los 16 meses, los terneros machos y hembras se mantuvieron en potreros separados, con acceso libre a una mezcla de sales minerales. Las praderas usadas postdestete para las hembras tendieron a ser de mejor calidad que aquellas para machos. Esto se hizo con el objeto de tener un número suficiente de vaquillas en buena condición corporal para reemplazo. Todos los animales se vacunaron contra enfermedades infecciosas comunes en la región, y recibieron el manejo usual de tratamientos antiparasitarios internos y externos. Se tomó el peso a todos los terneros al nacimiento, al destete (8 meses) y a los 16 meses de edad. No hubo descarte de animales entre el nacimiento y los 16 meses de edad; los machos no escogidos como reproductores se castraron después de los 16 meses de edad.

Sistema de apareamiento y registros

El sistema de apareamiento usado en el rebaño Sanmartinero-Cebú fue de tipo dialélico incompleto. La Tabla 1 muestra los números de padres, abuelos maternos, madres y terneros por combinación de grupo racial del padre H grupo racial de la madre. Los grupos raciales de padres fueron Sanmartinero, 2S 2C, y Cebú. Los grupos raciales de madres fueron Sanmartinero, 2S 2C, 3S: C, y Cebú. Los grupos de toros de mayor representación a través de grupos de vacas fueron los de razas puras: Sanmartinero y Cebú. Hubo un total de 184 toros representados en el archivo de pedigree, de los cuales 17 fueron de pedigree solamente (no tuvieron ni hijos ni nietos en el conjunto de datos), 46 tuvieron nietos, 31 tuvieron solamente hijos, y 90 tuvieron hijos y nietos. El hecho de que un gran número de toros tuvieron hijos y nietos permitió separar los efectos genéticos directos y maternos en las predicciones genéticas y en el cómputo de los parámetros genéticos.

Los datos de crecimiento usados para este estudio fueron medidos en terneros puros y cruzados nacidos en La Libertad entre los años 1971 y 1996. Hubo 2756 terneros, al menos con un carácter (PN, PD, GP) representado en el archivo de datos usado para los análisis. Con fines computacionales, los animales se asignaron a cinco grupos raciales de acuerdo a sus fracciones alélicas de Sanmartinero y Cebú. Estos cinco grupos raciales fueron: grupo 1 = (1 - 0.81)S, grupo 2 = (0.80 - 0.61)S, grupo 3 = (0.60 - 0.41)S, grupo 4 = (0.40 - 0.21)S, y grupo 5 = (0.20 - 0.00)S. Los grupos raciales de toros representados

en el rebaño fueron Sanmartinero (grupo 1), 2R 2C (grupo 3), y Cebú (grupo 5). Los grupos raciales de vacas fueron Sanmartinero (grupo 1), 2R 2C (grupo 3), 3S: C (grupo 4), y Cebú (grupo 5).

Grupos contemporáneos y conectividad

Con el objeto de poder comparar todos los animales en un conjunto de datos, se requiere que existan conexiones entre las unidades básicas de comparación para cada carácter. Estas unidades básicas de comparación son los grupos contemporáneos y las conexiones se realizaron a través de padres y de abuelos maternos representados por lo menos en dos grupos contemporáneos. Estos grupos se definieron como grupos de terneros nacidos en un mismo año (1 = 1971 a 26 = 1996) y estación dentro de año (1 = enero a marzo; 2 = abril a junio; 3 = julio a septiembre; 4 = octubre a diciembre), de un mismo sexo (1 = machos; 2 = hembras) y sujetos a las mismas condiciones de manejo y alimentación (1 sólo sistema = pastoreo con suplemento de sales minerales). Se crearon 104 grupos contemporáneos en el conjunto de datos. Debido a que el manejo y la alimentación fue similar durante todos los períodos de crecimiento, la asignación de los terneros a grupos contemporáneos fue la misma para PN, PD, y GP. Con el objeto de ilustrar la conectividad en el rebaño Sanmartinero-Cebú, la Tabla 2 muestra la representación de varios toros de los tres grupos raciales que contribuyeron a crear conectividad a través de años. Los toros Sanmartinero crearon la mayoría de las conexiones, seguidos por los toros Cebú y los toros 2S 2C.

Caracteres

Se consideraron tres caracteres de crecimiento: PN, PD y GP. Los registros de PD de cada ternero fueron ajustados a los 240 días de edad, usando una fórmula similar a la recomendada por la Federación para el Mejoramiento del Ganado de Carne de Estados Unidos para ajuste de PD a los 205 días (BIF, 1996). Los pesos de los terneros a los 16 meses de edad se ajustaron a 480 d, también utilizando una fórmula equivalente a la recomendada por BIF para ajuste de peso a los 550 días (BIF, 1996). Las GP se calcularon como las diferencias entre los pesos de los terneros ajustados a los 480 días y aquellos ajustados a los 240 d. Estos registros de PN, PD y GP así ajustados, fueron utilizados para estimar: 1.) Los componentes de varianza y covarianza, 2) La heredabilidad, interactividades y correlaciones genéticas, ambientales y fenotípicas, y 3) Las predicciones genéticas de los

Tabla 1. Número de padres, abuelos maternos, vacas y terneros por combinación de grupo racial del padre H grupo racial de la madre.

Grupo racial de la madre	Grupo racial del padre		
	Sanmartinero	2S 2C	Cebú
Sanmartinero	88 ^a	0	14
	99 ^b	0	14
	410 ^c	0	80
	1309 ^d	0	147
2S 2C	14	10	18
	0	7	6
	39	68	75
	92	242	242
3S:C	14	0	0
	0	0	0
	29	0	0
	88	0	0
Cebú	41	1	22
	24	0	35
	75	1	11
	264	1	371

^a Número de padres^b Número de abuelos maternos^c Número de madres^d Número de terneros**Tabla 2.** Conectividad del rebaño multirracial Sanmartinero-Cebú a través de los años

Año	Grupo Racial									
	Toros Sanmartinero					Toros SMHC		Toros Cebú		
	59035	66073	69171	78097	85103	74105	73171	539	5209	75085
71-72	x							x		
73-74	x							x		
75-76	x	x						x	x	
77-78	x	x	x			x			x	
79-80	x	x	x			x	x		x	
81-82	x	x	x				x		x	x
83-84		x	x	x			x		x	x
85-86			x	x						x
87-88				x						x
89-90				x						x
91-92				x	x					x
93-94				x	x					x
95-96				x	x					x

toros para efectos aditivos y no aditivos directos y maternos.

Estimación de Componentes de Varianza y de Covarianza Multirraciales

Los componentes de varianza y covarianza se estimaron utilizando un procedimiento estadístico de máxima verosimilitud restringida a poblaciones multirraciales (MREMLEM: Elzo, 1994, 1996; Elzo and Wakeman, 1998). El tamaño pequeño y la estructura del conjunto de datos Sanmartinero-Cebú permitió estimar solamente las varianzas y covarian-

zas para dos caracteres simultáneamente. En consecuencia, se realizaron tres análisis separados: 1) PN y PD, 2) PN y GP y 3) PD y GP. Estos tres análisis produjeron tres estimadores para cada varianza y un estimador para cada covarianza. Se promediaron múltiples estimaciones de varianzas para obtener un sólo valor. Estas medias de varianzas y valores únicos de covarianzas constituyeron el conjunto final de estimadores de varianzas y covarianzas para PN, PD y GP. Este conjunto de varianzas y covarianzas se usó posteriormente para estimar los parámetros genéticos aditivos y noaditivos, ambientales y fenotípicos.

Modelo multirracial

Se utilizó un modelo de padre y abuelo materno (PAM) tanto para estimar componentes de varianza y covarianza, como para predecir valores genéticos. El modelo PAM es una aproximación al modelo animal que considera al padre y al abuelo del ternero en el modelo genético en lugar del ternero y de la madre del ternero. Se prefirió utilizar el modelo PAM en lugar del modelo animal, por la mayor estabilidad numérica observada en análisis de poblaciones multirraciales pequeñas cuando los caracteres exhiben efectos directos y maternos.

El modelo para cada carácter (PN, PD y GP) incluyó efectos ambientales fijos, efectos fijos de regresión de grupos raciales, efectos genéticos aleatorios y efectos residuales. Los efectos fijos ambientales fueron: Grupo contemporáneo del ternero (año H estación H sexo del ternero H unidad de manejo) y edad de la madre, dentro de la subclase sexo del ternero H grupo racial de la madre, en el cual se modeló en función de la fracción de alelos Sanmartinero en la madre. Los efectos fijos de regresión de grupos raciales fueron: 1) Intrarraciales aditivos directos (como función de la fracción de alelos Sanmartinero en los padres, más 0.5 multiplicado por la fracción de alelos Sanmartinero en los abuelos maternos). 2) Intrarraciales aditivos maternos (como función de la fracción de alelos Sanmartinero en los abuelos maternos). 3) Intralocus interracial no aditivos directos Sanmartinero/Cebú, (como función de las probabilidades de alelos Sanmartinero y

Cebú en un locus en la progenie de los toros). 4) Intralocus interracial no aditivos maternos Sanmartinero/Cebú, (como función de las probabilidades de alelos Sanmartinero y Cebú en un locus en las hijas de los abuelos maternos). 5) Los de los grupos de las abuelas maternas (como función de las fracciones de alelos Sanmartinero en las abuelas maternas).

Los efectos de regresión intrarraciales aditivos de grupo, estiman la diferencia entre los grupos raciales Sanmartinero y Cebú. Las regresiones interracial S/C estiman la diferencia promedio entre interacciones interracial S/C e intrarraciales S/S y C/C dentro de cada locus, sumada sobre todos los loci que afectan un carácter, incluyendo información de todas las combinaciones de grupos raciales de padres y madres. Los efectos aleatorios fueron: 1) Genético aditivos directos del padre, 2) Genético aditivos directos del abuelo materno, 3) Genético aditivos maternos del abuelo materno, 4) Genético no aditivos

directos del padre, (como función de las interacciones S/C en los hijos del padre), 5) Genético no aditivos maternos del abuelo materno, (como función de las interacciones S/C en las hijas del abuelo materno del ternero), y 6) Residuales, (efectos genéticos y ambientales aleatorios no incluidos explícitamente en el modelo).

El modelo consideró todas las covarianzas entre efectos aditivos directos y maternos y entre efectos no aditivos directos y maternos. Se supuso que: 1) Los efectos aditivos y no aditivos no estaban correlacionados, 2) Los efectos residuales estaban correlacionados solamente dentro de terneros, pero no entre terneros. El modelo multirracial utilizado para los análisis de pares de caracteres (PN y PD, PN y GP, y PD y GP) se describe en detalle a continuación*.

El modelo multirracial usado para los análisis Sanmartinero-Cebú fue similar al modelo usado en los análisis del rebaño Romosinuano-Cebú de Turipaná (Elzo *et al.*, 1998) y a aquel empleado en los análisis

$$*y = Xb + Z_{ga}g_a + Z_{gn}g_n + Z_{mgd}g_{mgd} + Z_a g_a + Z_n g_n + e$$

$$\begin{bmatrix} Y \\ s_a \\ s_n \\ e \end{bmatrix} \sim MVN \left[\begin{bmatrix} Xb + Z_{ga}g_a + Z_{gn}g_n + Z_{mgd}g_{mgd} \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} Z_a G_a Z'_a + Z_n G_n Z'_n + R & Z_a G_a & Z_n G_n & R \\ G_a Z'_a & G_a & 0 & 0 \\ G_n Z'_n & 0 & G_n & 0 \\ R & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \right]$$

donde:

y = vector de registros ordenados por carácter dentro de ternero (i.e., PN y PD, PN y GP y PD y GP),

b = vector de grupos contemporáneos (b_{cg}) y de edades de madres dentro del sexo del ternero (b_{adx}),

g_a = vector de grupos genéticos intrarraciales aditivos Sanmartinero directos (g_{Sad}) y maternos (g_{Sam}),

g_n = vector de grupos genéticos interracial no aditivos Sanmartinero/Cebú directos ($g_{S/Cnd}$) y maternos ($g_{S/Cnm}$),

g_{mgd} = vector grupos genéticos maternos de abuelas maternas,

s_a = vector de efectos genéticos aditivos directos (s_{ad}) y maternos (s_{am}) de toros,

s_n = vector de efectos genéticos no aditivos directos (s_{nd}) y maternos (s_{nm}) de toros,

e = vector de efectos residuales,

X = matriz que relaciona registros de terneros: 1) A elementos del vector b_{cg} (1's and 0's), y 2) A elementos del vector b_{adx} a través de la fracción esperada de alelos Sanmartinero en la madre del ternero,

Z_{ga} = matriz que relaciona registros de terneros: 1) A elementos del vector g_{Sad} a través de la fracción esperada de alelos Sanmartinero en el padre y el abuelo materno del ternero ($p_{Ss} + .5p_{Sm}$), 2) a elementos del vector g_{Sam} , a través de la fracción esperada de alelos Sanmartinero en el abuelo materno del ternero (p_{Sm}), donde p = probabilidad, y los subíndices S = Sanmartinero, C = Cebú, s = padre, y m = abuelo materno,

Z_{gn} = matriz que relaciona registros de terneros: 1) A elementos del vector g_{nd} , a través de la probabilidad de que el ternero tenga alelos Sanmartinero y Cebú en un locus ($p_{Ss} p_{Cd} + p_{Cs} p_{Sd}$), y 2) A elementos del vector g_{nm} , a través de la probabilidad de que la madre del ternero tenga alelos Sanmartinero y Cebú en un locus ($P_{Ssd} P_{Cdd} + p_{Csd} p_{Sdd}$), donde los subíndices d = madre, sd = padre de la madre, y dd = madre de la madre,

Z_a = matriz que relaciona registros de terneros: 1) A elementos del vector s_{ad} a través del padre (1) y del abuelo materno (.5), y 2) A elementos del vector s_{am} a través del abuelo materno (1),

Z_n = matriz que relaciona registros de terneros: 1) A elementos del vector s_{nd} , a través de la probabilidad de que el ternero tenga alelos Sanmartinero y Cebú en un locus ($p_{Ss} p_{Cd} + p_{Cs} p_{Cd}$), y 2) A elementos del vector s_{nm} , a través de la probabilidad de que la madre del ternero tenga alelos Sanmartinero y Cebú en un locus ($P_{Ssd} p_{Cdd} + p_{Csd} p_{Sdd}$), y

Z_{mgd} = matriz que relaciona registros de terneros a elementos del vector g_{mgd} , a través de la fracción esperada de alelos Sanmartinero en la abuela materna.

sis del rebaño Angus-Brahman de la Universidad de Florida (Elzo y Wakeman, 1998); excepto por la presencia de efectos genéticos interracial aditivos en este último caso, debido a la existencia de progenitores cruzados en el rebaño multirracial Angus-Brahman.

Procedimiento de cálculo.

La estrategia computacional incluyó los siguientes pasos: 1) Construcción de las ecuaciones multirraciales de modelos mixtos (EMMM), 2) Obtención de soluciones para las EMMM, 3) Obtención de predicciones de efectos residuales, 4) Estimación de las matrices de covarianzas genéticas y ambientales y 5) Cómputo de los parámetros genéticos. Se utilizaron reglas de cómputo multirraciales para obtener las inversas de las matrices de covarianzas aditivas (Elzo, 1990a) y no aditivas (Elzo, 1990b) para construir las EMMM. Las covarianzas multirraciales utilizadas por estas reglas computacionales fueron obtenidas con las fórmulas 3, 4, 5, y 6 presentadas en Elzo y Wakeman (1998). Se construyeron las EMMM, almacenando solamente los elementos diferentes de cero (línea, columna, elemento), y se resolvieron utilizando procedimientos de cómputo para matrices ralas (FSPAK; Pérez-Enciso *et al.*, 1994). Posteriormente, se obtuvieron predicciones de efectos residuales utilizando la fórmula indicada en Elzo (1994; Apéndice).

Se utilizaron las predicciones genéticas aditivas y no aditivas directas y maternas y residuales como fuente de información para estimar covarianzas genéticas y ambientales, utilizando un algoritmo Generalizado de Esperanza-Maximización (GEM; Dempster *et al.*, 1977), aplicado a poblaciones multirraciales (MREMLEM; Elzo, 1996; Elzo y Wakeman, 1998; Elzo *et al.*, 1998). Con el objeto de que las estimaciones de varianzas y covarianzas estuvieran dentro de rangos aceptables (varianzas positivas, correlaciones entre -1 y 1), se calcularon primero las Descomposiciones de Cholesky (Golub y Van Loan, 1989) de cada matriz de covarianzas y después, por multiplicación de las matrices de Cholesky por sus respectivas transpuestas, se calcularon las matrices de las mismas covarianzas. En otras palabras, primero se calcularon las raíces cuadradas de cada matriz de covarianzas, y después se elevaron al cuadrado para obtener sus estimativos.

Las varianzas y covarianzas genéticas y ambientales se estimaron en su totalidad, lo cual garantizó que las estimaciones de heredabilidades estuvieran dentro de los

límites (0.1). El algoritmo MREMLEM estimó las varianzas y covarianzas a través de aproximaciones sucesivas (Harville, 1977). No se calcularon errores estándar de estimación de componentes de varianza y covarianza, debido a que los procedimientos GEM no permiten hacerlo. Sin embargo, debido a la estructura dialéctica incompleta, al pequeño tamaño del archivo multirracial Sanmartinero-Cebú, y al gran número de varianzas y covarianzas que se requiere estimar en un análisis multirracial, se esperaría que los errores estándar de las varianzas y covarianzas, así como fueran grandes los parámetros genéticos, ambientales y fenotípicos multirraciales estimados.

Los valores preliminares de varianzas y covarianzas usados en los análisis de dos caracteres fueron los siguientes: 1) Para varianzas y covarianzas genéticas aditivas y no aditivas, directas y maternas intracarácter, se usó la estimación de varianzas y covarianzas genéticas aditivas y no aditivas, directas y maternas de análisis de caracteres individuales (i.e., PN directo y materno, PD directo y materno, y GP directo y materno), 2) Para covarianzas entre efectos aditivos y no aditivos directos y maternos, de diferentes caracteres se usaron ceros (e.g., covarianza entre PN aditivo directo y PD aditivo materno), y 3) Para varianzas y covarianzas ambientales se usaron varianzas y covarianzas no-correctadas, calculadas usando los PN, PD y GP de las progenies de toros Sanmartinero y Cebú en el conjunto conectado de datos. El criterio de convergencia fue el mismo usado por Elzo y Wakeman (1998) y Elzo *et al.*, (1998), i.e. que la razón entre la suma de los cuadrados de las diferencias entre los valores estimados de varianzas y covarianzas en iteraciones GEM i e $i-1$, y la suma de cuadrados de las estimaciones de varianzas y covarianzas en la iteración GEM $i-1$, fuera menor que 10^{-4} . Los cómputos se realizaron en una máquina Dell Dimension XPS Pro2000 con 128 megabytes de memoria.

Varianzas, covarianzas y parámetros genéticos multirraciales

En cada ciclo de iteración, el programa MREMLEM estimó 5 matrices de covarianzas base: a) 2 aditivas (Sanmartinero, Cebú), b) 1 no aditiva (S/C) y c) 2 ambientales (Sanmartinero, Cebú). Debido a que los análisis fueron de dos caracteres cada uno, el número total de varianzas y covarianzas base estimadas fue 36; i.e., 10 aditivas directas y maternas intrarraciales Sanmartinero, 10 aditivas directas y maternas intrarraciales Cebú, 10 no aditivas directas y maternas interracial S/C, 3

ambientales intrarraciales Sanmartinero y 3 ambientales intrarraciales Cebú. Por ejemplo, las 10 covarianzas de cada matriz genética base (aditivas, no aditivas), estimadas para PN y PD fueron: var(PND), cov(PND, PDD), cov(PND, PNM), cov(PND, PDM), var(PDD), cov(PDD, PNM), cov(PDD, PDM), var(PNM), cov(PNM, PDM), var(PDM). Las correspondientes 3 covarianzas ambientales fueron: var(PN), cov(PN, PD), y var(PD). Conjuntos de covarianzas similares fueron estimados para los pares de caracteres PN y GP, y PD y GP.

Estos estimativos de varianzas y covarianzas base fueron utilizados para calcular razones de varianzas aditivos (heredabilidades), no aditivos (interactividades), correlaciones genéticas aditivas, no aditivas, ambientales y fenotípicas, de manera similar a las obtenidas en el rebaño multirracial Angus-Brahman de la Universidad de Florida, E. U. A. (Elzo y Wakeman, 1998), y en el rebaño multirracial Romosinuano-Cebú de Turipaná, Colombia (Elzo *et al.*, 1998).

Predicción de valores genéticos multirraciales

El modelo utilizado para obtener predicciones de valores genéticos fue el mismo que se utilizó para las estimaciones de varianzas y covarianzas. Se calcularon 3 tipos de diferencias esperadas de las progenies multirraciales (DEPM): 1) Genéticas aditivas (DEPMA), 2) Genéticas no aditivas (DEPMN) y 3) Genéticas totales (DEPMT). Debido a que los grupos genéticos aditivos y no aditivos de los toros se estimaron independientemente de las predicciones de sus partes aleatorias, las DEPMA y DEPMN se estimaron como una suma ponderada del valor estimado del grupo genético al cual un toro pertenece, más la predicción de su valor aleatorio. La fórmula usada para calcular las DEPMA fue:

$$\hat{u}_{ai} = p_{Si} \hat{g}_{Sa} + \hat{s}_{ai}$$

donde: \hat{u}_{ai} = DEPMA directa o materna del toro i , p_{Si} = fracción esperada de alelos de la raza Sanmartinero en el grupo racial del toro i , \hat{g}_{Sa} = estimación de cuadrados medios generalizados de g_{Sa} B g_{Ca} , y \hat{s}_{ai} = mejor predictor lineal insesgado de s_{ai} .

La fórmula de cálculo de las DEPMN fue:

$$\hat{u}_{ni} = (p_{Si} p_{Cd} + p_{Ci} p_{Sd}) (\hat{g}_n + \hat{s}_{ni})$$

donde: \hat{u}_{ni} = DEPMN directa o materna del toro i , p_{xi} = fracción esperada de

alelos de la raza X (X = Sanmartinero, Cebú), en el grupo racial del toro i , p_{xd} = fracción esperada de alelos de la raza X (X = Sanmartinero, Cebú), en las vacas del grupo racial d cruzadas con el toro i , \hat{g}_n = estimación de cuadrados medios generalizados de $g_{S/Cn}$ $B .5(g_{S/Sn} + g_{C/Cn})$, y \hat{s}_{ni} = mejor predictor lineal insesgado de s_{ni} . Las DEPMT se calcularon como la suma de las DEPMA y DEPMN de cada toro para cada carácter y efecto genético aditivo, no aditivo, directo, y materno. La expresión usada para calcular las DEPMT fue simplemente:

$$\hat{u}_{ij} = \hat{u}_{ai} + \hat{u}_{ni}$$

donde : \hat{u}_{ti} = DEPMT directa o materna del toro i , \hat{u}_{ai} = DEPMA directa o materna del toro i , y \hat{u}_{ni} = DEPMN directa o materna del toro i . Los valores genéticos aditivos de los toros miden las diferencias esperadas de las progenies de los toros, relacionadas con la base multirracial aditiva del rebaño Sanmartinero-Cebú. La

base multirracial aditiva del rebaño Sanmartinero-Cebú es el promedio genético de los valores aditivos de todos los toros, de todos los grupos raciales presentes en el rebaño (i.e., Sanmartinero, 2S 2C, y Cebú). Las predicciones de los valores genéticos no aditivos de los toros, indican las diferencias esperadas de las progenies de un toro cruzado con vacas de una composición racial específica, con respecto a la base multirracial no aditiva del rebaño Sanmartinero-Cebú. La base multirracial no aditiva del rebaño Sanmartinero-Cebú se definió, como el promedio del valor genético no aditivo de todas las interacciones intrarraciales S/S y C/C, de todos los toros en el rebaño Sanmartinero-Cebú.

Los valores de DEPMN y DEPMT se pueden usar para comparar toros de cualquier composición racial Sanmartinero y Cebú, apareados con vacas de cualquier composición racial Sanmartinero y Cebú. Para facilitar la presentación y discusión de los resultados de esta investigación, se

calcularon los valores de DEPMN y DEPMT bajo el supuesto de que, todos los toros se aparearon con vacas 2S 2C. Este es el único caso donde la probabilidad de existencia de alelos S y C en un locus es 2 para toros de todas las fracciones Sanmartinero y Cebú, lo cual simplifica las comparaciones a través de toros de varias composiciones raciales.

Resultados y Discusión

Estimación de Varianzas, Covarianzas y Parámetros Genéticos

Las estimaciones de varianzas y covarianzas y de parámetros genéticos aditivos, no aditivos, ambientales y fenotípicos para PN, PD, y GP se presentan en las Tablas 3,4,5 y 6. La Tabla 3. contiene la estimación de varianzas y covarianzas aditivas de las razas Sanmartinero y Cebú y las no aditivas intrarraciales S/C, y la Tabla 4. presenta las estimaciones de varianzas y covarianzas ambientales y fenotípicas de las dos razas puras Sanmartinero y Cebú.

Tabla 3. Estimaciones de varianzas y covarianzas genéticas aditivas y no aditivas para peso al nacimiento, peso al destete y ganancia de peso postdestete.

Carácter 1*	Carácter 2	Varianzas y covarianzas genéticas (kg ²)		
		Intrarraciales aditivas		Interraciales no aditivas
		S	C	S/C
PND	PND	2.51	5.18	3.65
	PDD	0.97	1.22	0.57
	GPD	0.08	-0.19	0.48
	PNM	-0.43	-1.47	0.09
	PDM	-0.52	-0.75	-0.05
PDD	GPM	0.19	-0.08	0.30
	PDD	52.84	49.07	48.54
	GDP	-0.64	1.50	-0.83
	PNM	0.04	-0.44	0.06
	PDM	-27.31	-29.03	-2.32
GPD	GPM	1.7	3.27	1.38
	GPD	145.95	147.34	159.63
	PNM	0.01	0.09	0.07
	PDM	-0.64	-1.46	-0.15
	GPM	-28.98	-37.88	5.29
PNM	PNM	2.77	4.43	4.21
	PDM	0.51	-0.43	0.39
	GPM	0	-0.40	0.11
PDM	PDM	61.84	61.74	48.17
	GPM	-1.81	-10.22	-2.00
GPM	GPM	151.51	151.82	182.91

* D = directo(a); M = materno(a).

Tabla 4. Estimación de varianzas y covarianzas ambientales para peso al nacimiento, peso al destete y ganancia de peso postdestete.

Carácter 1	Carácter 2	Varianzas y covarianzas ambientales (kg ²)	
		Intrarracial	Interracial
		S	C
PN	PN	4.72	8.91
	PD	29.67	50.74
	GP	-4.29	3.05
PD	PD	453.58	560.66
	GP	-103.48	-61.85
GP	GP	63.86	136.24

Tabla 5. Estimación de heredabilidades y correlaciones genéticas aditivas intrarraciales, e interactibilidades y correlaciones genéticas no aditivas interraciales para peso al nacimiento, peso al destete y ganancia de peso postdestete.

Parámetro ^a	Efecto genético		
	Intrarracial aditivo	Intrarracial aditivo	Interracial no aditivo
	S	C	S/C
$v_x(\text{PND})/v_p(\text{PN})$	0.26	0.30	0.22
$r_x(\text{PND}, \text{PDD})$	0.08	0.08	0.04
$r_x(\text{PND}, \text{GPD})$	0.00	-0.01	0.02
$r_x(\text{PND}, \text{PNM})$	-0.16	-0.31	0.02
$r_x(\text{PND}, \text{PDM})$	-0.04	-0.04	0.00
$r_x(\text{PND}, \text{GPM})$	0.01	0.00	0.01
$v_x(\text{PDD})/v_p(\text{PD})$	0.10	0.08	0.08
$r_x(\text{PDD}, \text{GPD})$	-0.01	0.02	-0.01
$r_x(\text{PDD}, \text{PNM})$	0.00	-0.03	0.00
$r_x(\text{PDD}, \text{PDM})$	-0.48	-0.53	-0.05
$r_x(\text{PDD}, \text{GPM})$	0.02	0.04	0.01
$v_x(\text{GPD})/v_p(\text{GP})$	0.44	0.37	0.30
$r_x(\text{GPD}, \text{PNM})$	0.00	0.00	0.00
$r_x(\text{GPD}, \text{PDM})$	-0.01	-0.02	0.00
$r_x(\text{GPD}, \text{GPM})$	-0.19	-0.25	0.03
$v_x(\text{PNM})/v_p(\text{PN})$	0.29	0.26	0.25
$r_x(\text{PNM}, \text{PDM})$	0.04	0.03	0.03
$r_x(\text{PNM}, \text{GPM})$	0.00	-0.02	0.00
$v_x(\text{PDM})/v_p(\text{PD})$	0.11	0.10	0.08
$r_x(\text{PDM}, \text{GPM})$	-0.02	-0.11	-0.02
$v_x(\text{GPM})/v_p(\text{GP})$	0.46	0.38	0.35

^a v = varianza; r = correlación; subíndices X = efecto genético (i.e., intrarracial aditivo S, intrarracial aditivo C, interracial no aditivo S/C), y P = fenotípico; D = directo; M = materno.

Las varianzas y covarianzas en estas dos Tablas se usaron para calcular las estimaciones de heredabilidades y correlaciones aditivas intrarraciales Sanmartinero y Cebú y las interactibilidades y correlaciones no aditivas interraciales S/C (Tabla 5). Las varianzas y covarianzas ambientales y fenotípicas de la Tabla 4., se usaron para calcular las estimaciones de correlaciones ambientales y fenotípicas de las razas Sanmartinero y Cebú (Tabla 6).

Varianzas y covarianzas genéticas aditivas, heredabilidades y correlaciones genéticas aditivas.

La estimación de varianzas y covarianzas aditivas para los tres caracteres de crecimiento (PN, PD, y GP) en las razas Sanmartinero y Cebú, tuvieron valores muy similares (Tabla 3). Lo mismo sucedió con los valores de varianzas y covarianzas ambientales de estas dos razas (Tabla 4). En consecuencia, las heredabilidades y las correlaciones genéticas aditivas en las razas Sanmartinero y Cebú también tuvieron valores parecidos. Las heredabilidades para PN directo y materno y GP directo y materno, fueron medianas (0.26 a 0.30), mientras que las de PD directo y materno, fueron

bajas (0.08 a 0.10). Estas estimaciones de heredabilidad indican que bajo las condiciones ambientales (suelo, clima, manejo, alimentación) de La Libertad, se esperaría que la selección de animales para PN y G diera resultados más rápidos que la selección para PD.

Las bajas heredabilidades de PD directo y materno indican que las condiciones ambientales predestete son restrictivas, tanto para la madre (producción de leche), como para el ternero (crecimiento propio), y que estas condiciones ambientales afectan tanto a madres Sanmartinero, como Cebú y a las cruzadas SC. Baja heredabilidad para PD directo y materno también se encontró en el rebaño multirracial Romosinuano-Cebú en Turipaná (Elzo *et al.*, 1998). En ambos casos, el sistema de alimentación predestete se realizó con base en praderas con acceso a sales minerales solamente. Esto sugiere que madres y terneros en ambos lugares, están bajo condiciones insuficientes de alimentación para que puedan expresar sus potenciales genéticos maternos y directos, respectivamente.

Si fuera económicamente factible, posiblemente se les podría dar un suplemento

de proteína y energía a los terneros, y un suplemento de energía a las madres. Bajo mejores condiciones de alimentación, las diferencias genéticas directas y maternas de los toros se harían más evidentes y la heredabilidad de PD directo y materno, aumentarían de valor, lo cual facilitaría la selección de toros para PD directo y materno. Bajo condiciones de alimentación predestete con suplementación de proteína y energía, la heredabilidad de PD directo y materno fueron medianas (0.25 a 0.29) y algo más amplias que las de PN directo y materno (0.22 a 0.23), en el rebaño multirracial Angus-Brahman de la Universidad de Florida.

Los altos valores de heredabilidad para GP directa y materna se debieron a que las varianzas ambientales para GP fueron más pequeñas que sus varianzas genéticas directas y maternas en ambas razas puras, especialmente en Sanmartinero. Estas varianzas ambientales para GP en Sanmartinero y Cebú fueron incluso menores que las correspondientes para PD, lo cual estaría indicando que las condiciones ambientales postdestete (alimentación principalmente), fueron aún más severas que aquellas predestete. En comparación, en el

Tabla 6. Estimación de correlaciones ambientales y fenotípicas para peso al nacimiento, peso al destete y ganancia de peso postdestete.

Correlación	Raza	
	Sanmartinero	Cebú
Ambiental		
$r_E(\text{PN}, \text{PD})$	0.64	0.72
$r_E(\text{PN}, \text{GP})$	-0.25	0.09
$r_E(\text{PD}, \text{GP})$	-0.61	-0.22
Fenotípica		
$r_P(\text{PN}, \text{PD})$	0.43	0.49
$r_P(\text{PN}, \text{GP})$	-0.07	0.03
$r_P(\text{PD}, \text{GP})$	-0.25	-0.14

rebaño Romosinuano-Cebú (Elzo *et al.*, 1998), las varianzas ambientales de GP fueron similares a las de PD, y los estimados de los valores de heredabilidad para G directas y maternas fueron más bajas (0.07 a 0.23) que en el rebaño Sanmartinero-Cebú, especialmente GP materna en la raza Cebú (0.07 en el rebaño RC y 0.38 en el rebaño SC).

La varianza de GP materna estimaría el remanente de la variación materna predestete que continuaría afectando al ternero postdestete. Desde el punto de vista del ternero, es un efecto ambiental semi-permanente si desaparece después de algunos meses, o permanente si no desaparece. Se esperaría que terneros que recibieron más leche de sus madres predestete serían más pesados al destete, requerirían más tiempo para acostumbrarse a alimentarse de pasto solamente y, probablemente, perderían más peso en condiciones desfavorables de alimentación postdestete. Indicadores de que esto está ocurriendo, serían los valores *negativos* de correlaciones genéticas aditivas entre: 1) PD directo y GP materna, 2) GP directa y GP materna y 3) PD materno y GP materna. Los valores de estas correlaciones en el rebaño Sanmartinero-Cebú fueron inconclusos pero en la dirección apropiada; la correlación entre PD directo y GP materna fue prácticamente cero, y las correlaciones entre GP directa y GP materna, y entre PD materno y GP materna fueron negativas, pero bajas. Si el algoritmo hubiese permitido el cómputo de errores estándares, ambas correlaciones no hubieran diferido significativamente de cero.

Resultados similares fueron obtenidos con razas *Bos indicus* (Eler *et al.*, 1995; Diop, 1997) y en el rebaño multirracial Romosinuano-Cebú de Turipaná (Elzo *et al.*, 1998). El problema de interpretación de las varianzas y covarianzas de efectos post destete maternos, se complica aún más con la existencia de crecimiento compen-

satorio post destete, el cual, seguramente está confundido con los efectos maternos remanentes post destete.

La estimación de covarianzas aditivas directas y maternas *entre caracteres diferentes* fueron cercanas a cero (menores que 0.10), indicando que en el rebaño Sanmartinero-Cebú, valores genéticos de un carácter (e.g., PN directo) no dan prácticamente información alguna del valor genético de otro carácter (e.g., PD materno). La estimación de covarianzas aditivas entre efectos directos y maternos, *dentro de caracteres*, fueron negativas y bajas en ambas razas puras (-0.16 a -0.53), lo que sugiere que: 1) Las vacas grandes Sanmartinero, Cebú y cruzadas SC, produjeron terneros proporcionalmente más pequeños que vacas chicas; lo cual, podría ser una indicación de que las vacas grandes de ambas razas estarían controlando el peso de sus terneros al nacimiento. 2) El potencial genético de crecimiento predestete de los terneros de vacas Sanmartinero, Cebú y cruzadas SC, fue mayor que la habilidad materna de sus madres, y que la cantidad de leche materna recibida por las crías, fue insuficiente para la completa expresión de su potencial de crecimiento. 3) Terneros que recibieron una mayor cantidad de leche predestete ganaron menos peso postdestete, comparado con animales que recibieron menos leche predestete.

Varianzas y covarianzas genéticas no aditivas, interactividades y correlaciones genéticas no aditivas.

La estimación de varianzas genéticas interracial no aditivas, tuvieron valores similares a las genéticas intrarraciales aditivas Sanmartinero y Cebú. Por lo tanto, la estimación de interactividades para los efectos directos y maternos de PN, PD y GP, fueron similares a la heredabilidad de los efectos directos y maternos de estos tres caracteres. Los valores de interactividad de PN directo y materno y GP directa y ma-

terna, fueron medianos (0.22 a 0.35), y aquellos de PD directo y materno fueron pequeños (0.08). Los valores de interactividades para PN directos y maternos fueron similares a los estimados en el rebaño Romosinuano-Cebú de Turipaná (Elzo *et al.*, 1998), y en el rebaño Angus-Brahman de la Universidad de Florida (Elzo y Wakeman, 1998). La estimación de interactividades para PD directo y materno fueron similares solamente a los del rebaño Romosinuano-Cebú, y aproximadamente un 50% más pequeños que los obtenidos en el rebaño Angus-Brahman. Finalmente, la estimación de interactividad para GP directa (0.30) y materna (0.35), fueron 2.5 a 3 veces más grandes en el rebaño Sanmartinero-Cebú que en el Romosinuano-Cebú.

Las correlaciones genéticas interracial no aditivas directas y maternas S/C, fueron todas cercanas a cero para PN, PD y GP (-0.05 a 0.04). Valores similares fueron estimados en el rebaño Romosinuano-Cebú de Turipaná para estos tres caracteres (Elzo *et al.*, 1998), y levemente mayores en el rebaño Angus-Brahman de la Universidad de Florida para PN y PD (Elzo y Wakeman, 1998). Los valores de interactividad estimados aquí indican que: 1) Existió un alto nivel de interacción interracial S/C en este rebaño, 2) Hubo una alta habilidad combinatoria entre toros y vacas de diferentes razas, 3) Los modelos multirraciales de evaluación genética de animales para usar en el rebaño Sanmartinero-Cebú deben incluir efectos interraciales no aditivos S/C. Esto implica que cada toro va a tener 3 tipos de predicción genética multirracial: aditiva (DEPMA), no aditiva (DEPMN) y total (DEPMT). Estas mediciones objetivas de la alta habilidad combinatoria demostrada por los toros Sanmartinero con vacas Cebú y viceversa, deberían incentivar el uso de animales Sanmartinero para producir terneros cruzados con Cebú. El consiguiente aumento en la demanda de toros

y vacas Sanmartinero ayudaría, no solamente a la conservación de esta raza Criolla, sino también a incrementar su tamaño poblacional.

Correlaciones ambientales y fenotípicas.

Las correlaciones ambientales tuvieron valores un poco más altos, pero del mismo signo que las correlaciones fenotípicas. Las correlaciones más altas fueron las ambientales entre PN y PD, las cuales tuvieron valores medianos y positivos (0.64 para Sanmartinero, y 0.72 para Cebú), indicando que el ambiente prenatal y predestete no-materno tuvo influencia positiva sobre el crecimiento en estos períodos. Las correspondientes correlaciones fenotípicas entre PN y PD fueron 0.43 para Sanmartinero y 0.49 para Cebú. Las correlaciones ambientales y fenotípicas entre PN y GP fueron negativas y pequeñas en Sanmartinero (-0.25 ambiental, y -0.07 fenotípica), y positivas y cercanas a cero en Cebú (0.09 ambiental y 0.03 fenotípica). Finalmente, las correlaciones ambientales y fenotípicas entre PD y GP fueron todas negativas, tanto para Sanmartinero (-0.61 ambiental, -0.25 fenotípica), como para Cebú (-0.22 ambiental, y -0.14 fenotípica). Estas correlaciones negativas entre PD y GP sugieren la existencia de crecimiento

compensatorio entre los 240 y los 480 días de edad. Tal como se indicó anteriormente, el crecimiento compensatorio en este período postdestete va a estar, al menos en parte, confundido con los efectos maternos remanentes. Similares correlaciones negativas entre PD y GP existieron en el rebaño Romosinuano-Cebú de Turipaná (Elzo *et al.*, 1998). Correlaciones ambientales negativas entre PD y GP, entre el destete y el año de edad, han sido estimadas en varias razas cruzadas *Bos taurus* H Brahman en E. U. A. (Kriese *et al.*, 1991), Simmental (Garrick *et al.*, 1989), y en razas cruzadas australianas (Africander, Africander H Brahman; Mackinnon *et al.*, 1991).

Predicción de valores genéticos multirraciales

Los valores multirraciales de predicción permiten la comparación de toros de uno o más grupos raciales, apareados con vacas de uno o más grupos raciales, en términos de las predicciones de sus valores genéticos aditivos (DEPMA), no aditivos (DEPMN) y totales (DEPMT). Múltiples valores predichos van a existir de DEPMN y DEPMT por toro, uno por cada grupo racial de hembras con las cuales un toro se cruce.

Para simplificar la comparación de va-

lores predichos de DEPMN y DEPMT entre toros en esta investigación, se calcularon estos valores bajo el supuesto de que todos los toros se habían apareado con vacas 2S 2C, ya que sólo en éste caso, la probabilidad de tener interacciones interraciales S/C en un locus, es igual para toros de todos los grupos raciales (Sanmartinero, Cebú y S H C de cualquier fracción S y C). Con el objeto de ilustrar las similitudes y las diferencias entre los tres grupos raciales de toros presentes en el rebaño Sanmartinero-Cebú. La Tabla 7 presenta las medias y los rangos de las diferencias esperadas entre las progenies multirraciales para PN directo y materno, PD directo y materno y GP directa y materna, cuando los toros se cruzaron con vacas 2S 2C. Las correlaciones existentes entre estas predicciones aditivas, no aditivas, y totales se presentan en la Tabla 8.

Con el propósito de describir con más detalle los cambios que ocurrieron en el rebaño multirracial entre los años 1971 y 1996, se incluyen tres figuras en las que se graficaron los valores predichos de los toros para todos los caracteres y efectos genéticos, ordenados por grupo racial (Sanmartinero, 2S 2C, y Cebú), y número de toro en el archivo de pedigree dentro del grupo racial. Cada figura tiene seis gráficos: 1) DEPMTotales Directas, 2) DEPMTotales

Tabla 7. Medias y rangos de diferencias esperadas de las progenies multirraciales aditivas, no aditivas y totales de toros apareados con vacas 2S 2C para peso al nacimiento, peso al destete y ganancia de peso postdestete

Efecto Genético (kg) ^a	Grupo racial del toro		
	Sanmartinero	2S 2C	Cebú
PNAD	-1.9 (-2.9, -0.9) ^b	-0.9 (-2.3, 0.3)	.0 (-0.8, 1.4)
PNND	1.2 (0.5, 1.9)	1.0 (0.0, 2.2)	1.2 (0.4, 2.1)
PNTD	-0.7 (-2.3, -0.8)	0.1 (-2.3, 2.5)	1.2 (-0.1, 3.0)
PDAD	-4.0 (-8.5, 0.8)	-2.2 (-6.5, 2.2)	0.0 (-3.9, 3.0)
PDND	9.3 (5.1, 13.2)	9.7 (5.4, 12.9)	9.1 (5.7, 12.3)
PDTD	5.3 (-0.9, 14.0)	7.5 (-1.1, 14.8)	9.1 (2.0, 13.8)
GPAD	-0.5 (-6.6, 8.7)	-0.5 (-3.6, 2.9)	0.2 (-8.3, 8.3)
GPND	9.7 (4.9, 18.6)	8.8 (4.7, 11.9)	9.7 (5.4, 16.0)
GPTD	9.1 (1.1, 20.1)	8.3 (1.7, 14.8)	9.9 (-2.9, 17.3)
PNAM	2.9 (2.1, 4.4)	1.2 (-0.9, 1.7)	-0.1 (-1.4, 1.2)
PNNM	-0.1 (-1.3, 0.9)	-0.1 (-0.7, 0.9)	-0.1 (-1.3, 0.8)
PNTM	2.8 (1.0, 4.3)	1.1 (-1.6, 2.6)	-0.2 (-2.2, 1.2)
PDAM	10.9 (5.0, 15.0)	4.4 (-.4, 7.3)	-0.1 (-3.4, 3.3)
PDNM	6.8 (4.7, 9.7)	5.7 (2.5, 7.6)	6.7 (4.5, 8.7)
PDTM	17.7 (12.0, 24.7)	10.2 (2.1, 14.4)	6.8 (1.1, 11.1)
GPAM	3.6 (-4.8, 11.7)	2.5 (-3.6, 11.6)	0.0 (-5.5, 6.2)
GPNM	-7.6 (-14.4, -0.7)	-6.3 (-13.8, 2.4)	-7.6 (-13.3, -3.4)
GPTM	-4.0 (-13.6, 5.0)	-3.9 (-16.9, 14.0)	-7.6 (-15.0, 1.5)

^a AD(M) = aditivo directo (materno); ND(M) = no aditivo directo (materno); TD(M) = total directo (materno).

^b Promedio (mínimo, máximo) de las diferencias esperadas de las progenies de los toros.

Tabla 8. Correlaciones entre diferencias esperadas de las progenies multirraciales aditivas, no aditivas y totales de toros apareados con vacas 2S 2C para peso al nacimiento, peso al destete y ganancia de peso postdestete.

Efecto Genético	Efecto Genético*											
	PNND	PDND	GPND	PNNM	PDNM	GPNM	PNTD	PDTD	GPTD	PNTM	PDTM	GPTM
PNAD	0.20	0.07	0.06	0.07	-0.09	0.06	0.96	0.64	0.12	-0.82	-0.85	-0.36
PDAD	0.22	0.22	0.02	0.14	-0.17	0.26	0.73	0.92	0.05	-0.64	-0.83	-0.08
GPAD	0.04	-0.03	0.14	0.06	-0.14	0.12	0.12	0.03	0.81	-0.08	-0.13	-0.04
PNAM	-0.01	0.03	0.05	0.10	0.10	0.04	-0.79	-0.56	-0.04	0.98	0.86	0.45
PDAM	-0.09	-0.03	-0.01	-0.03	0.26	-0.12	-0.82	-0.71	-0.09	0.84	0.99	0.29
GPAM	0.14	0.15	-0.08	0.06	-0.14	0.25	-0.42	-0.16	-0.14	0.55	0.41	0.88
PNND		0.05	0.35	0.19	-0.05	0.29	0.47	0.20	0.23	0.03	-0.09	0.25
PDND			0.35	0.19	-0.05	0.29	0.47	0.20	0.23	0.03	-0.09	0.25
GPND				0.20	-0.03	0.31	0.15	-0.07	0.69	0.09	-0.01	0.09
PNNM					-0.04	0.38	0.11	0.15	0.16	0.30	-0.04	0.23
PDNM						-0.37	-0.09	-0.18	-0.11	0.09	0.40	-0.29
GPNM							0.14	0.33	0.27	0.12	-0.17	0.67

* AD(M) = aditivo directo (materno); ND(M) = no aditivo directo (materno); TD(M) = total directo (materno).

Totales Maternas, 3) DEPM Aditivas Directas, 4) DEPM Aditivas Maternas, 5) DEPM No Aditivas Directas y 6) DEPM No Aditivas Maternas. La Figura 1 contiene los gráficos para PN, la Figura 2 aquellos para PD y la Figura 3 los gráficos de GP. Los primeros 122 toros de cada gráfico son Sanmartinero (letra S en la abscisa), los siguientes 13 toros son S H C (letra X en la abscisa), y los últimos 49 toros son Cebú (letra C en la abscisa).

El error estándar de las predicciones genéticas multirraciales aditivas, y no aditivas fueron grandes, tal como se esperaba, dado el pequeño conjunto de datos y el número reducido de cruzamientos por toro. Los promedios y rangos del error estándar de las predicciones de todos los toros fueron 0.8 (0.5, 1.1) kg para PN Aditivo Directo, 3.5 (2.0, 4.2) kg para PD Aditivo Directo, 5.3 (2.8, 6.7) kg para GP Aditiva Directa, 0.9 (0.4, 1.1) kg para PN Aditivo Materno, 4.2 (2.3, 5.1) kg para PD Aditivo Materno, 5.8 (2.7, 7.3) kg para GP Aditiva Materna, 0.8 (0.4, 1.0) kg para PN No aditivo Directo, 3.2 (2.0, 3.6) kg para PD No aditivo Directo, 5.2 (2.7, 6.4) kg para GP No aditiva Directa, 0.9 (0.5, 1.1) kg para PN No aditivo Materno, 3.4 (2.2, 3.8) kg para PD No aditivo Materno, 5.9 (2.9, 7.0) kg para GP No aditiva Materna.

Predicciones Genéticas Multirraciales Aditivas

El grupo de toros Sanmartinero tuvo menores promedios de DEPMA directos para PN y PD, que el de toros 2S 2C y Cebú (Tabla 7). El promedio de DEPMA directos para GP de los toros Sanmartinero, sin embargo, fue igual al de los toros 2S 2C y menor que el de los toros Cebú, para GP. Los toros Cebú tuvieron las DEPMA directas más grandes de los tres grupos de to-

ros, para los tres caracteres de crecimiento en este estudio (PN, PD, y GP), y los toros 2S 2C ocuparon un lugar intermedio entre los toros de las dos razas puras. Los valores multirraciales aditivos de predicción maternos, por el contrario, se comportaron de manera opuesta. Los promedios de DEPMA maternos de los toros Sanmartinero fueron los más elevados para PN, PD y GP, seguidos por aquellos de los toros 2S 2C, y los de toros Cebú, que fueron los menores de los tres grupos raciales de toros. Estos valores de DEPMA indican que, en promedio: 1) Progenies de toros Cebú usados entre 1971 y 1995 en La Libertad, tuvieron una habilidad propia aditiva de crecimiento mayor que progenies de toros Sanmartinero usados en este mismo período, y 2) Hijas de toros Sanmartinero usados entre 1971 y 1995 tuvieron una mayor habilidad materna aditiva (e.g., mayor producción de leche), que hijas de toros Cebú usados durante esos años.

Estos patrones de DEPMA aditivos directos y maternos promedios, fueron similares a los resultados obtenidos en el rebaño Romosinuano-Cebú de Turipaná (Elzo *et al.*, 1998). Las DEPMA aditivas para PN directo y materno, y PD directo en el rebaño Angus-Brahman de la Universidad de Florida, siguieron las mismas tendencias que en los rebaños Sanmartinero-Cebú y Romosinuano-Cebú: Brahman tuvo los menores valores promedios de DEPMA directos y maternos; toros cruzados Angus H Brahman tuvieron valores intermedio, y toros Angus tuvieron los valores de DEPMA más altos (Elzo y Wakeman, 1998). Sin embargo, se observó la tendencia opuesta para PD materno, i.e., los valores promedio de toros aumentaron de Angus

a Brahman, lo cual indica que las vacas Brahman del rebaño multirracial Angus-Brahman, tuvieron una habilidad materna predestete superior (y probablemente produjeron más leche), a vacas Angus y cruzadas Angus-Brahman, de tal manera que satisficieron mejor las necesidades nutricionales de sus terneros (puros y cruzados).

Los rangos de las DEPMA aditivas directas de los tres grupos raciales de toros en el rebaño Sanmartinero-Cebú se superpusieron, lo cual indica que hubo toros Sanmartinero, 2S 2C y Cebú, cuyos valores de DEPMA para PN, PD y GP fueron similares (Tabla 7). La super imposición de los rangos de DEPMA aditivas maternas fue menos completa. Los rangos de DEPMA aditivas maternas para PN y PD del grupo de toros Sanmartinero y Cebú no se superimpusieron, lo cual indica que la habilidad materna (e.g., producción de leche) de las hijas de los toros Sanmartinero, usados en este rebaño fue superior a la de las hijas de los toros Cebú.

El segundo par de gráficos en las Figuras 1, 2 y 3, muestran la distribución de los valores de las DEPMA aditivas directas y maternas para PN, PD y GP, respectivamente. También muestran en mayor detalle las tendencias de los valores de las DEPMA aditivas directas y maternas entre toros de los tres grupos raciales; además, presentan las tendencias genéticas debidas al uso de toros entre 1971 y 1995, ya que los toros se ordenaron de acuerdo a su primera aparición como ancestros (padres o abuelos maternos) dentro de cada grupo racial. Estos gráficos muestran claramente que la mayoría de los toros Cebú fue superior a los toros Sanmartinero y 2S 2C para PN y PD aditivo directo, pero no para

GP aditivo directo, donde existieron toros Sanmartinero con DEPMA similares o superiores a algunos toros Cebú. Lo opuesto se observa en los gráficos de las DEPMA aditivas maternas, donde la mayoría de los toros Sanmartinero fueron superiores a los toros Cebú y 2S 2C para los tres caracteres de crecimiento. El gráfico de las DEPMA aditivas maternas para GP, sugiere que las hijas de toros Sanmartinero prepararon mejor a sus terneros (probablemente produjeron más leche), para el periodo postdestete que las hijas de toros Cebú y 2S 2C.

Predicciones genéticas multirraciales no aditivas y totales.

Los promedios de las DEPMA no aditivas directas y maternas, fueron similares para los grupos de toros Sanmartinero, 2S 2C y Cebú (Tabla 7). Los promedios de las DEPMA no aditivas *directas* fueron todos positivos, lo cual indica que terneros cruzados Sanmartinero H Cebú y Cebú H Sanmartinero fueron, en promedio, más pesados al nacimiento y al destete, y tuvieron ganancias de peso postdestete mayores que terneros de raza pura de estos mismos toros Sanmartinero y Cebú. Estos valores promedio de DEPMA no aditivos directos fueron similares en signo y magnitud a los obtenidos para PN y PD, y de igual signo, pero aproximadamente un 30% menores a los obtenidos para GP en el rebaño Romosinuano-Cebú de Turipaná (Elzo *et al.*, 1998). Los promedios de las DEPMA no aditivas *maternas* fueron negativos y cercanos a cero para PN, positivos y de valores similares a los no aditivos directos para PD, y negativos y de magnitudes similares a los de PD para GP. Estos valores de DEPMA no aditivos maternos, indican que las hijas cruzadas de padres de raza pura Sanmartinero y Cebú, tuvieron terneros: 1) De pesos similares al nacimiento, 2) Más pesados al destete y 3) Crecieron menos entre los 240 y los 480 días de edad, comparados con terneros de hijas de raza pura de estos toros. Estos promedios de DEPMA no aditivos maternos fueron del mismo signo, pero de menor magnitud a los obtenidos en el rebaño Romosinuano-Cebú de Turipaná (Elzo *et al.*, 1998).

Los promedios de las DEPMA totales: 1) Aumentaron de Sanmartinero a 2S 2C, y a Cebú para PN y PD directo, 2) Disminuyeron de Sanmartinero a 2S 2C y a Cebú para PN y PD materno, 3) Fueron positivos y similares en los tres grupos raciales de toros para GP directa, y 4) Tuvieron valores negativos, similares en toros Sanmartinero y 2S 2C y algo mayor en Cebú,

para GP materna. Estos patrones de promedios de DEPMA totales directos y maternos también fueron similares a los encontrados en el rebaño Romosinuano-Cebú de Turipaná, especialmente para PN directo y materno y PD directo (Elzo *et al.*, 1998). Excepto por las DEPMA totales que aumentan de Angus a Brahman, los valores de DEPMA no aditivos y totales directos y maternos en el rebaño multirracial Angus-Brahman de la Universidad de Florida (Elzo y Wakeman, 1988), también tuvieron un patrón similar al de los rebaños Romosinuano-Cebú y Sanmartinero-Cebú.

Las tendencias de las DEPMA para PN y PD en los rebaños multirraciales Sanmartinero-Cebú, Romosinuano-Cebú, y Angus-Brahman indican que existe una notable similitud en el comportamiento genético de los alelos de estas tres razas *Bos taurus* y alelos Brahman (los animales Cebú en los rebaños colombianos fueron

Brahman) en términos aditivos y no aditivos. Los dos últimos gráficos de las Figuras 1, 2 y 3, muestran las predicciones genéticas no aditivas directas (izquierda), y maternas (derecha), de los toros Sanmartinero, 2S 2C, y Cebú, y los dos primeros de cada Figura presentan las correspondientes predicciones genéticas totales directas y maternas. Los gráficos de los valores de DEPMA no aditivos para PN muestran claramente la gran diferencia que existió entre los valores predichos de efectos maternos comparados con los de efectos directos. Posibles explicaciones para estos patrones de predicciones no aditivas en el rebaño Sanmartinero-Cebú serían: 1) Que hubo poca variabilidad no aditiva materna para PN, 2) Que el ambiente en el cual estaban las vacas no permitió la expresión de los efectos no aditivos maternos para PN, y 3) Que tanto vacas Sanmartinero como Cebú limitaron el peso al nacimiento de sus terneros

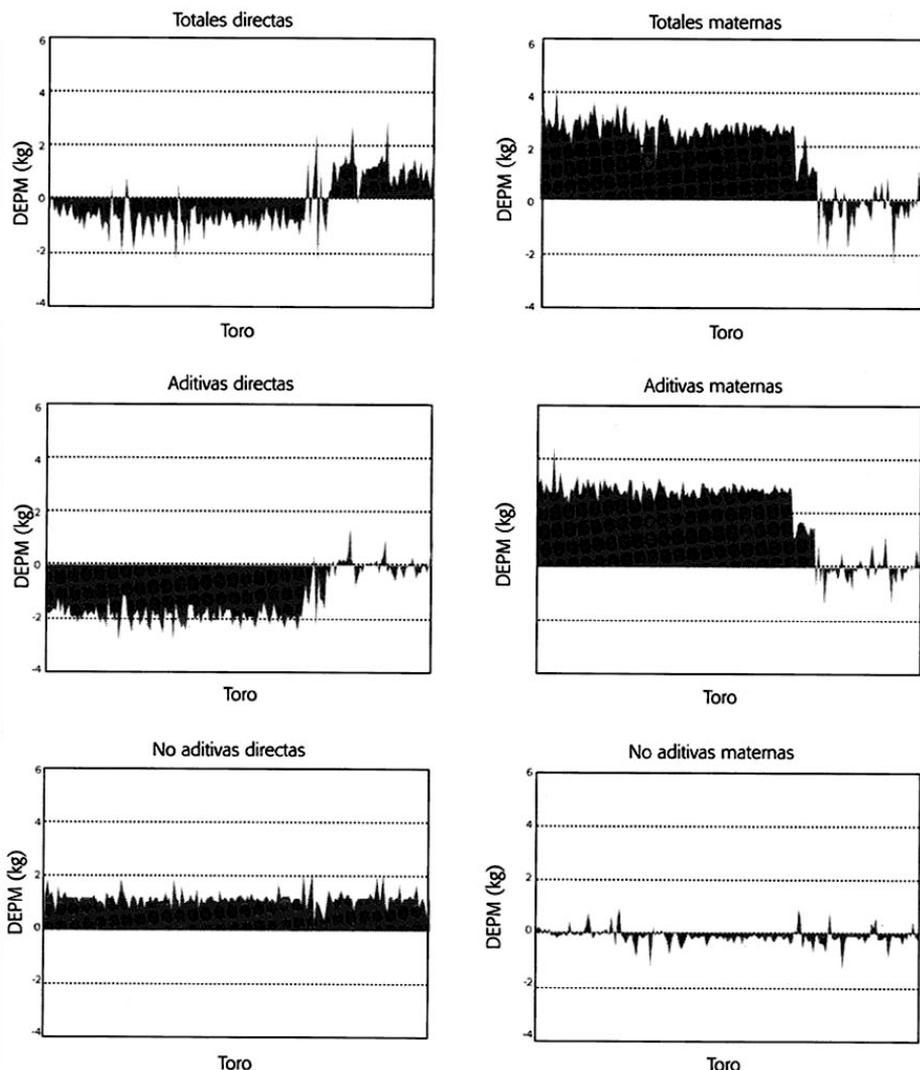


Figura 1. DEPMA de toros para peso al nacimiento

bajo las condiciones nutricionales en que estuvieron durante la preñez. Dado que los valores de las DEPM aditivas para PN fueron mayores que las no aditivas, los gráficos de las DEPM totales se asemejaron a las predicciones aditivas. Toros Cebú mostraron valores de DEPM totales para PN mayores que aquellos de toros Sanmartinero y toros 2S 2C tuvieron valores tanto altos como bajos.

Los gráficos de las DEPM no aditivas para PD y GP presentan valores relativamente uniformes a través de toros y grupos raciales de toros (Figuras 2 y 3). Se destacan claramente los valores negativos de DEPM no aditivos maternos para GP, los cuales sugieren que las cantidades extras de leche recibidas por los terneros de vacas cruzadas, los dejaron menos preparados para adaptarse a las condiciones ambientales (climática, calidad de pastos) postdestete comparados con los terneros de vacas de las razas puras Sanmartinero

y Cebú. Los gráficos de las DEPM totales para PD y GP fueron similares a los de las DEPM no aditivas simplemente debido a la mayor magnitud de las predicciones no aditivas, con la excepción de PD materno donde el gráfico de las DEPM totales maternas se parece más al de las DEPM aditivas maternas. Estos gráficos de DEPM totales, muestran que hubo toros cuyos DEPM totales directos y maternos fueron similares en los tres grupos raciales. Toros Cebú tuvieron valores de DEPMTD un poco más grandes que aquellos de toros 2S 2C, y Sanmartinero. Lo opuesto ocurrió con los valores de DEPMTM, i.e., toros Sanmartinero tuvieron valores mayores de DEPMTM que toros 2S 2C, y Cebú. Para GP, los valores de DEPM totales directos fueron similares a través de todos los grupos raciales, y aquellos de DEPM totales maternos fueron menos negativos para toros Sanmartinero que 2S 2C, y Cebú. Estos patrones de predicciones de

GP sugieren que, si la selección de animales se realiza después de los 480 días de edad, toros Sanmartinero, 2S 2C, y Cebú van a estar representados en la población multirracial Sanmartinero-Cebú, dado que ninguno de estos tres grupos raciales fue completamente superior al resto.

Los gráficos de DEPM aditivos, no aditivos y totales para PN (Figura 1), PD (Figura 2), y GP (Figura 3), fueron extraordinariamente similares a los gráficos (no publicados) obtenidos con base en los datos del rebaño Romosinuano-Cebú del C.I. Turipaná, lo cual apoya el comentario hecho anteriormente acerca del comportamiento genético similar de toros Sanmartinero y Romosinuano en cruzamientos con Brahman.

Relaciones entre predicciones genéticas multirraciales aditivas, no aditivas y totales.

La Tabla 7 contiene las correlaciones entre las DEPM aditivas, no aditivas, y totales directas y maternas, dentro y entre carácter para PN, PD, y GP. Las correlaciones *dentro* de caracteres: 1) Fueron bajas y positivas (0.10 a 0.26) entre DEPM aditivas y no aditivas, lo que indica que el ordenamiento de los toros por DEPM aditivas fue marcadamente diferente a aquel por DEPM no aditivas, 2) Fueron altas y positivas (0.81 a 0.99) entre DEPM aditivas y totales indicando que el ordenamiento de toros por DEPM aditivas fue muy similar al de las DEPM totales, y 3) Fluctuaron entre bajas y medianas positivas (0.20 a 0.69), entre DEPM no aditivas y totales sugiriendo que el orden de los toros por DEPM no aditivas fue más parecido al de las DEPM totales que aquel por DEPM aditivas. Correlaciones entre efectos de *diferentes* caracteres fueron menores, aunque en su mayoría del mismo signo que aquellos dentro de un mismo carácter. Estas correlaciones fueron un poco más bajas que las obtenidas en el rebaño Romosinuano-Cebú de Turipaná (Elzo *et al.*, 1998), probablemente debido en parte al número menor de grupos raciales de vacas cruzadas con cada toro.

El hecho de que las correlaciones entre efectos, particularmente pertenecientes a diferentes caracteres, fueran en su mayoría mucho menores que 1, indica que hay toros de todo tipo de combinaciones de valores de DEPM aditivos, no aditivos, y totales en el rebaño Sanmartinero-Cebú. Esta gran variedad genética aditiva y no aditiva sugiere que se podría tener una buena respuesta a la selección para estos caracteres de crecimiento en este rebaño.

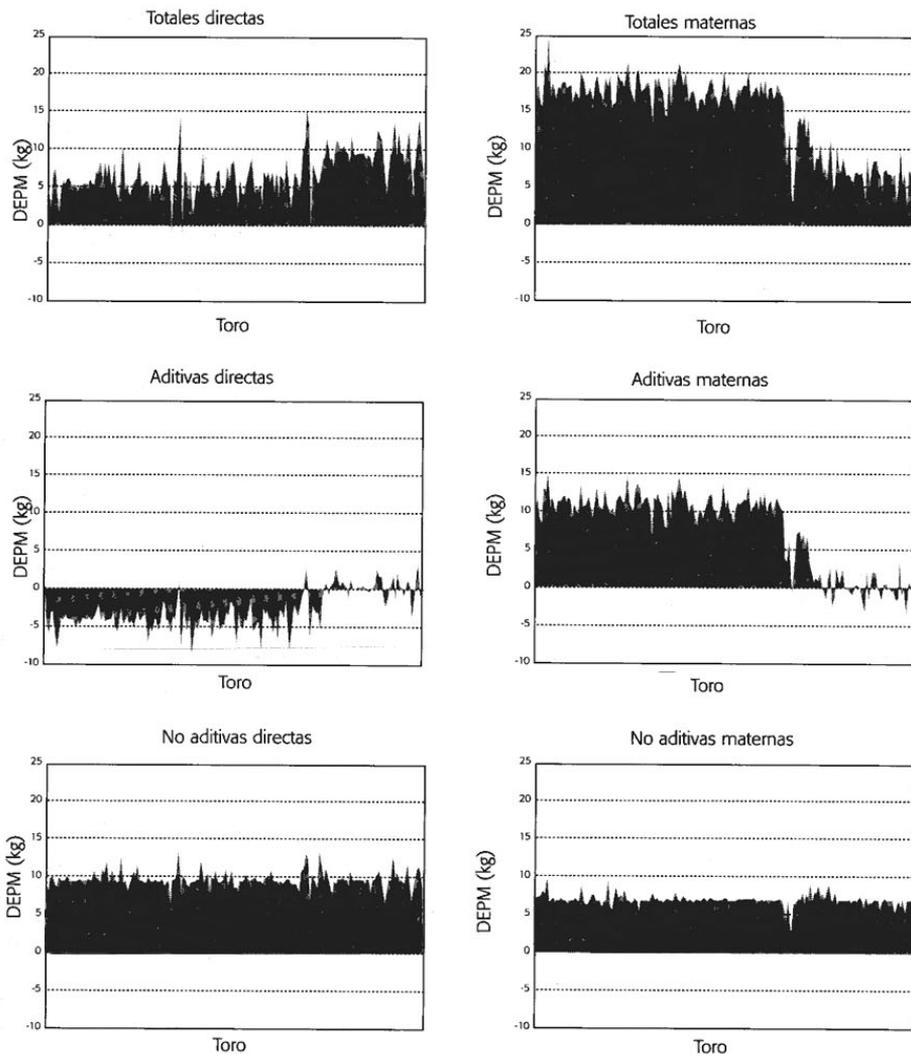


Figura 2. DEPM de toros para peso al destete

Sin embargo, el ambiente nutricional del rebaño Sanmartinero-Cebú podría ser una limitante, especialmente postdestete, por lo cual, un esfuerzo combinado de mejoramiento genético y ambiental podría ser la mejor opción para aumentar de manera consistente la producción de carne en este rebaño multirracial.

Consecuencias de la utilización de predicciones genéticas aditivas, no aditivas, y totales en poblaciones multirraciales.

Estos tres tipos de predicciones genéticas permiten comparar toros de cualquier composición racial de las razas base en una población multirracial (Sanmartinero y Cebú en este estudio), desde el punto de vista de sus predicciones genéticas aditivas, no aditivas y totales, cuando se han apareado, o se planea aparearlos, con vacas de una o varias fracciones de las razas base. Al realizar estas comparaciones es importante tener en mente los efectos genéticos involucrados en cada tipo de predicción multirracial. En primer lugar, las predicciones genéticas multirraciales aditivas predicen el valor genético aditivo promedio de los alelos de una o más razas (e.g., Sanmartinero y Cebú) que afectan un carácter en un individuo. En el caso del modelo de padre y abuelo materno usado en este estudio, este promedio se refiere a aquellos alelos contenidos en los gametos que un progenitor transmitió a sus progenies. Por esta razón, su uso es similar al de DE intrarraciales. Las DE unirraciales, por calcularse separadamente para cada raza pura, tienen *bases genéticas unirraciales* (únicas para cada raza), por lo tanto, es posible hacer comparaciones de animales *dentro de razas solamente*. Las DE multirraciales, por calcularse relacionadas con una *base genética multirracial*, permiten comparar toros de cualquier composición racial de las razas base. Si criadores de vacunos de raza pura o productores comerciales estuvieran interesados solamente en progreso genético aditivo, ellos podrían usar las DEPM aditivas independientemente de las DEPM no aditivas y totales.

En segundo lugar, las predicciones genéticas multirraciales no aditivas predicen el valor promedio de las interacciones intrarraciales intralocus (e.g., entre alelos Sanmartinero y Cebú), que afectan al carácter en un individuo. Estas interacciones intrarraciales intralocus son entre alelos de una de las razas puras provenientes de los gametos de un toro, y alelos de una raza pura diferente provenientes de los gametos de las vacas de todos los grupos raciales cru-

zadas con este toro. Estas predicciones multirraciales no aditivas se calcularon como desvíos de las interacciones intrarraciales intralocus (S/S y C/C en el rebaño Sanmartinero-Cebú). Debido a que estas interacciones intralocus se recrean cada vez que se genera un zigoto, no se acumulan genéticamente en la población como ocurre con los efectos genéticos aditivos. Sin embargo, toros emparentados, por el hecho de compartir alelos idénticos por descendencia, deberían tener habilidades de combinación más similares a las de toros no emparentados. Esto implica que se puede predecir la habilidad de combinación de los hijos de un toro, cuando se planea aparearlos con vacas de la misma población multirracial en la que se usó con el padre. Por ejemplo, se podría predecir las DEPM no aditivas de hijos de toros Sanmartinero usados en este estudio que se vayan a usar dentro de la población Sanmartinero-Cebú.

En tercer lugar, las predicciones genéti-

cas multirraciales totales predicen la suma de los valores promedios aditivos y no aditivos que afectan un carácter en un individuo. Por el hecho de que las interacciones intralocus no se acumulan genéticamente, es aconsejable que las DEPM no aditivas no se usen solas, sino combinadas con las DEPM aditivas. Una estrategia conservadora de uso de las predicciones multirraciales sería la siguiente (Elzo *et al.*, 1998): 1) Definir criterios de selección por DEPM aditivos y no aditivos, o DEPM aditivos y totales. 2) Escoger toros con base en el criterio de selección de las DEPM aditivas. 3) Dentro del grupo de toros identificados en el paso 1, escoger aquellos que cumplan con el criterio de selección de las DEPM no aditivas, o de las DEPM totales. Los criterios de selección serían especificados por los criadores de animales de raza pura y los productores comerciales de acuerdo a los objetivos de mejoramiento genético dentro de sus res-

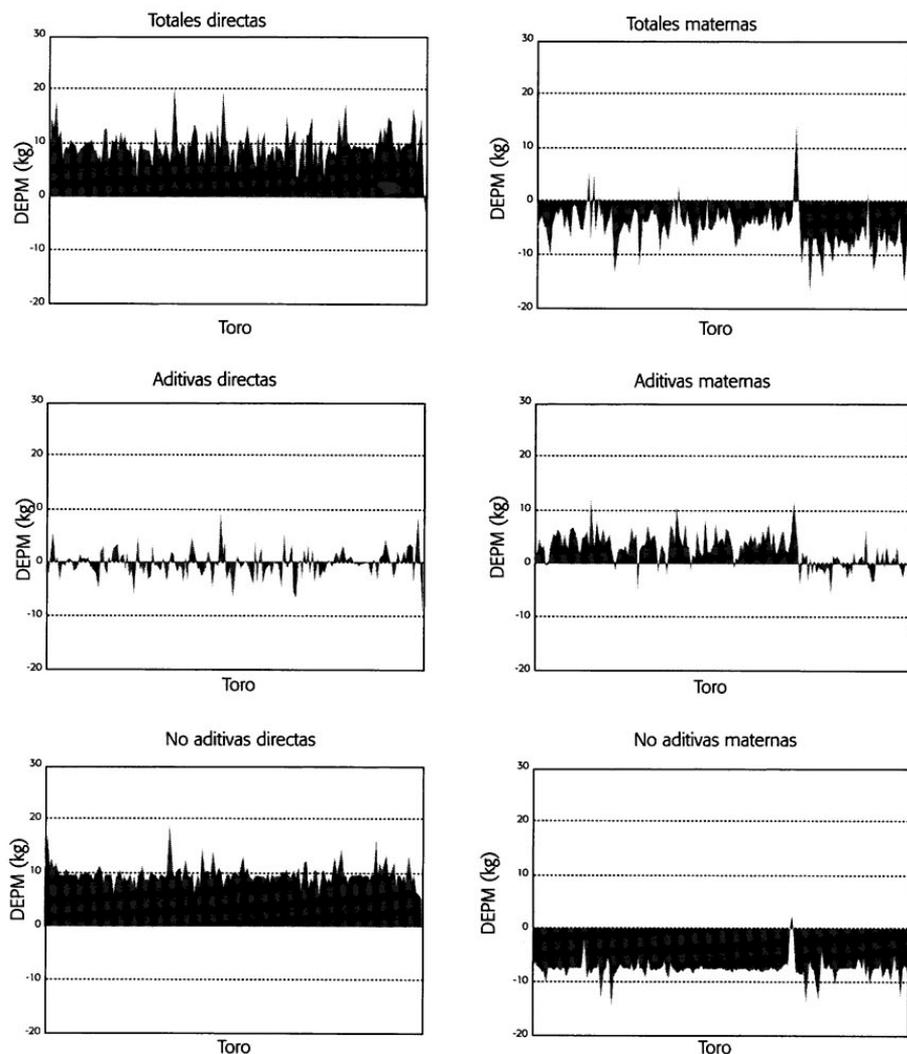


Figura 3. DEPM de toros para ganancia de peso postdestete

pectivos tipos de explotación. El propósito de este esquema de utilización de las DEPM es el de mejorar genéticamente a una población multirracial en la dirección deseada, maximizando el progreso genético aditivo y aumentando (pero no maximizando), la habilidad combinatoria interracial de sus animales.

El número de animales Sanmartinero y en general de todas las razas Criollas, es pequeño comparado con el de otras razas bovinas en Colombia. En este estudio se encontró que los animales Sanmartinero poseen habilidades de crecimiento pre y postdestete comparables a los animales Cebú bajo las condiciones de clima, nutrición, y manejo del C.I. La Libertad. Similares resultados se obtuvieron con animales Romosinuano en el rebaño multirracial Romosinuano-Cebú del C.I. Turipaná (Elzo *et al.*, 1998). Aunque favorables, estos resultados se obtuvieron en estaciones experimentales. Se necesita expandir estos estudios e incluir rebaños particulares de criadores de raza pura y productores comerciales en estudios futuros. Un estudio que incluya datos multirraciales de estaciones experimentales y de rebaños privados podría utilizarse como una herramienta para desarrollar: 1) Un sistema de recolección de datos a campo para caracteres de importancia económica. 2) Un sistema nacional de evaluación genética multirracial. 3) Un sistema de entrega de predicciones genéticas a productores. 4) Un sistema de monitoreo de las tendencias genéticas como resultados del uso de toros escogidos con base en predicciones multirraciales. Si los resultados de estos estudios en campo reconfirmaran los resultados de los estudios en las estaciones experimentales, se podría generar un mayor interés comercial hacia animales de razas criollas, lo que a su vez, podría significar un aumento en sus tamaños poblacionales. Factores responsables de este cambio podrían ser: 1) La percepción de los animales Criollos como ventajosos productivamente. 2) La buena habilidad combinatoria entre animales Criollos y Cebú. 3) La existencia de predicciones cuantitativas de la habilidad genética aditiva y no aditiva de los animales Criollos, lo que permitiría documentar las ventajas de su utilización bajo condiciones comerciales, particularmente en cruzamientos con Cebú. Dado el renovado interés en razas Criollas no solamente en Colombia sino en Norte América, se podría esperar un aumento en la exportación de semen, embriones, y animales Criollos colombianos.

Implicaciones

Las predicciones genéticas multirraciales aditivas, no aditivas y totales para peso al nacimiento, peso al destete, y ganancia postdestete, demostraron una ventaja promedio de animales Cebú sobre Sanmartinero para efectos directos, una ventaja de animales Sanmartinero para efectos maternos y una excelente habilidad de combinación interracial entre animales Sanmartinero y Cebú. Estas ventajas no fueron absolutas, puesto que existieron toros de valores genéticos comparables en los grupos raciales Sanmartinero, dos Sanmartinero dos Cebú, y Cebú. Esto implica que toros Sanmartinero podrían jugar un papel importante en un sistema de producción que utilizará cruzamientos interraciales en Colombia. Los valores de heredabilidad para los tres caracteres de crecimiento sugieren que la selección por crecimiento propio y por habilidad materna sería efectiva en la raza Sanmartinero. Esto es importante para la conservación y posible explotación comercial de esta raza Criolla. Este estudio experimental necesita expandirse e involucrar rebaños privados multirraciales y de raza pura. Reconfirmación de los resultados favorables de este estudio en futuros estudios que incluyan datos experimentales y de campo ayudarían, no sólo a conservar, sino a aumentar el tamaño poblacional de la raza Sanmartinero.

BIBLIOGRAFÍA

- Bejarano, A., Hernández, G. y Rico G. 1986. Proyecto de desarrollo ganadero con base en el uso de las razas criollas y colombianas. Publ. Misc. No. 628-ISSN-534-5391, Ministerio de Agricultura, Bogotá, Colombia. 1-72.
- BIF. 1996. Guidelines for Uniform Beef Improvement Programs (7th Ed.). Beef Improvement Federation, Kansas State Univ., Kansas. 1-61.
- Dempster, A. P., Laird, N. M. and Rubin, D. B. 1977. Maximum Likelihood from Incomplete Data via the EM Algorithm. J. Royal Stat. Soc., Ser. B 38:1-38.
- Diop, M. 1997. Design and analysis of open nucleus breeding systems for cattle in Senegal. Ph. D. Dissertation, Univ. of Nebraska, Lincoln.
- Eler, J. P., Van Vleck, L. D., Ferraz, J. B. S. and LÜbo, R. B. 1995. Estimation of variances due to direct and maternal effects for growth traits of Nelore cattle. J. Anim. Sci. 73:3253-3258.
- Elzo, M. A. 1990a. Recursive procedures to compute the inverse of the multiple trait additive genetic covariance matrix in inbred and noninbred multibreed populations. J. Anim. Sci. 68:1215-1228.
- Elzo, M. A. 1990b. Covariances among sire by breed group of dam interaction effects in multibreed sire evaluation procedures. J. Anim. Sci. 68:4079-4099.
- Elzo, M. A. 1994. Restricted Maximum Likelihood Procedures for the Estimation of Additive and Nonadditive Genetic Variances and Covariances in Multibreed Populations. J. Anim. Sci. 72:3055-3065.
- Elzo, M. A. 1996. Unconstrained Procedures for the Estimation of Positive Definite Covariance Matrices Using Restricted Maximum Likelihood in Multibreed Populations. J. Anim. Sci. 74:317-328.
- Elzo, M. A., and Wakeman, D. L. 1998. Covariance components and predictions for additive and nonadditive preweaning growth genetic effects in an Angus-Brahman multibreed herd. J. Anim. Sci. 76:1290-1302.
- Elzo, M. A., Manrique, C., Ossa, G. and Acosta, O. 1998. Additive and nonadditive genetic variability for growth traits in the Turipaná Romosinuano-Zebu multibreed herd. J. Anim. Sci. 76:1539-1549.
- Garrick, D. J., Pollak, E. J., Quaas, R. L. and Van Vleck, L. D. 1989. Variance heterogeneity in direct and maternal weight by sex and percent purebred for Simmental-sired calves. J. Anim. Sci. 67:2515-2528.
- Golub, G. H. and Van Loan, C. F. 1989. Matrix Computations (2nd Ed.). The John Hopkins University Press, Baltimore, MD.
- Harville, D. A. 1977. Maximum Likelihood Approaches to Variance Component Estimation and to Related Problems. J. Am. Stat. Assoc. 72:320-340.
- Kriese, L. A., Bertrand, J. K. and Benyshek, L. L. 1991. Genetic and environmental growth trait parameter estimates for Brahman and Brahman-derivative cattle. J. Anim. Sci. 69:2362-2370.
- Mackinnon, M. J., Meyer, K. and Hetzel, D. J. S. 1991. Genetic variation and covariation for growth, parasite resistance and heat tolerance in tropical cattle. Livest. Prod. Sci. 27:105-122.
- Martínez, G. 1997a. Conservación, mejoramiento genético y uso estratégico del bovino Criollo Sanmartinero en fincas de Piedemonte y Altillanura del Meta. Mimeógrafo, Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, Colombia, p 1-22.
- Martínez, G. 1997b. Conservación, mejoramiento genético y uso estratégico de las razas bovinas Criollas en fincas del trópico cálido. Mimeógrafo, Federación Nacional de Criadores de Razas Colombianas, Colombia, p 1-17.
- Pérez-Enciso, M., Misztal, I. and Elzo, M. A. 1994. FSPAK: An interface for public domain sparse matrix subroutines. Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. 22:87-88.