

CONFERENCIAS MAGISTRALES



Evaluación genética multirracial en poblaciones bovinas

Multibred genetic evaluation of bovine livestock



Elzo MA.

Departamento de Ciencias Animales, Universidad de Florida, Gainesville, FL 32611. USA.

Introducción

Las evaluaciones genéticas se pueden clasificar en dos tipos dependiendo del tipo de población que se intenta considerar: unirracial (animales de una raza solamente) y multirracial (animales de varias razas y grupos cruzados). Probablemente la mayoría de las poblaciones multirraciales bovinas todavía se evalúan con modelos unirraciales. Este fue el caso de Estados Unidos hasta los años noventa en poblaciones de ganado de carne. En 1996, la Universidad de Cornell, que evalúa la población Simental, Simbrah, y Simental Canadiense empezó a utilizar un modelo multirracial que incluyó efectos genéticos no aditivos fijos (heterosis) además de efectos genéticos aditivos (22, 23). En 2004, la Universidad de Georgia implementó un sistema multirracial de evaluación genética similar al de Cornell (25). Actualmente estas dos universidades evalúan los animales de la mayoría de las asociaciones de criadores de bovinos de carne en Estados Unidos con procedimientos multirraciales. En ganado lechero por su parte, por su estructura primordialmente de razas puras, continúa utilizando modelos de evaluación genética unirracial. Sin embargo, esto podría cambiar en un futuro no muy lejano, los esfuerzos tendientes a crear poblaciones cruzadas de ganado de leche en Estados Unidos tienen éxito.

En general, los modelos lineales utilizados para evaluar poblaciones multirraciales han incorporado

algunos factores multirraciales fijos (i.e., grupo racial en los grupos contemporáneos, heterosis), ignoran efectos genéticos no aditivos aleatorios, y utilizan un conjunto de parámetros comunes a todos los grupos raciales. Modelos con estas características son los que se han utilizado más comúnmente para evaluar animales en poblaciones multirraciales nacionales. Los objetivos de este trabajo son: 1) dar una breve reseña histórica del desarrollo de la metodología de evaluación genética multirracial, 2) explicar las bases de un modelo multirracial, 3) discutir investigaciones de evaluación genética multirracial en Colombia, y 4) describir algunas proyecciones futuras de evaluaciones genéticas multirraciales.

Reseña histórica

Los modelos de evaluación genética multirracial son una extensión de modelos de evaluación genética unirracial desarrollados por Henderson (16-19) y por Quaas y Pollak (27-29). Elzo (1983) (5) desarrolló modelos y procedimientos computacionales multirraciales para evaluar animales puros y cruzados dentro de un país (11) y en varios países (10). Estos modelos incluyeron efectos genéticos aditivos y no aditivos, directos y maternos, intrarraciales e interraciales, fijos y aleatorios. Ellos también tomaron en cuenta

heterogeneidad de varianzas y covarianzas a través de grupos de animales de raza pura y de grupos cruzados de cualquier combinación racial. Elzo también desarrolló: 1) algoritmos computacionales para obtener las matrices de varianzas y covarianzas genéticas aditivas (6) y no aditivas (3) que se necesitan para construir las ecuaciones de modelos mixtos, y 2) métodos de estimación de varianzas y covarianzas por máxima verosimilitud restringida en poblaciones multirraciales con restricciones y sin restricciones (4, 7). Lo *et al*, (1993) describieron modelos multirraciales algebraicamente de manera más formal (26). Finalmente, procedimientos multirraciales utilizando técnicas estadísticas bayesianas fueron desarrollados por Jara *et al*, (2001) (20, 21) y Cardoso y Tempelman (2004) (1).

Elzo (1995) presentó varias estrategias de evaluación genética en poblaciones nacionales compuestas de varias subpoblaciones multirraciales (2). De las tres estrategias descritas, la Universidad de Cornell implementó en 1996 (22) la que consideraba varias subpoblaciones multirraciales superpuestas (i.e., Simental, Simbrah, y Simental canadiense). En 2004, la Universidad de Georgia implementó un sistema multirracial similar al de la Universidad de Cornell (25).

Las evaluaciones genéticas multirraciales de poblaciones bovinas utilizando modelos lineales que consideran efectos aditivos y no aditivos fijos y aleatorios realizaron en Colombia (12, 13), Chile (8), Estados Unidos (9, 14), y Tailandia (24). Todos estos análisis utilizaron el programa MREMLEM (7, 8) para estimar parámetros genéticos y predicciones genéticas aditivas, no aditivas, y totales.

Modelo multirracial

Un modelo multirracial incluye efectos ambientales fijos (e.g., grupos contemporáneos multirraciales, edad de la madre, interacciones), efectos genéticos multirraciales aditivos y no aditivos de grupo, efectos animales multirraciales aditivos y no aditivos aleatorios, y efectos multirraciales residuales. El significado de los términos del modelo es el siguiente: 1) grupo contemporáneos multirraciales están compuestos de animales de una o más razas y de grupos cruzados; 2) efectos

multirraciales aditivos de grupo se refieren a las razas que componen a los animales en la población; 3) efectos multirraciales no aditivos de grupo contienen los efectos de interacción intralocus e interloci entre genes de una o más razas en cada combinación de grupos raciales; 4) efectos animales multirraciales genéticos aditivos son el total de los efectos aditivos de todos los genes de un animal asociados con un carácter desviados de una base genética aditiva (e.g., el valor genético aditivo de una de las razas en la población); 5) efectos animales multirraciales genéticos no aditivos representan la suma de los efectos de interacción de un tipo (e.g., entre alelos de diferentes razas en un locus; modelo de regresión) o de todos los tipos (suma de todas las interacciones entre alelos en todos los loci; modelo de subclase) relativos a una base genética no aditiva (e.g., promedio no aditivo intrarracial intralocus); y 6) efectos residuales, dependiendo del modelo (e.g., animal, padre y abuelo materno, padre), pueden contener efectos genéticos aditivos de varias razas, genéticos no aditivos de varias combinaciones raciales en un locus y varios loci, y efectos ambientales permanentes y temporales intrarraciales e interraciales. Todos los efectos genéticos aditivos, genéticos no aditivos, y ambientales en modelos multirraciales toman en cuenta la heterogeneidad de varianzas y covarianzas que potencialmente existen en animales de diferentes composiciones raciales.

Los modelos multirraciales producen tres tipos de predicciones genéticas: aditivas, no aditivas, y totales (aditivas + no aditivas). Predicciones genéticas multirraciales aditivas corresponden a las diferencias esperadas de las progenies (DEP) de las evaluaciones intrarraciales, pero predichas con información de animales puros y cruzados, y desviadas de una base genética aditiva multirracial. Predicciones multirraciales genéticas no aditivas pueden ser de efectos no aditivos únicos (e.g., interacciones intralocus entre genes dos razas) o múltiples (e.g., interacciones intralocus entre genes de varias razas). Predicciones multirraciales no aditivas no deben utilizarse independientes de las aditivas, debido a que se recrean en cada cigoto. Por ello, predicciones multirraciales genéticas aditivas y totales son las de mayor interés. Ambas son de utilidad para criadores de animales de razas puras y de animales cruzados. Predicciones multirraciales aditivas se utilizarían

para escoger animales dentro de razas donde se desee maximizar el progreso genético aditivo. Predicciones multirraciales totales se usarían para escoger animales para cruzamientos donde se desee maximizar el fenotipo de animales para el mercado.

Evaluaciones genéticas multirraciales en Colombia

Dos evaluaciones genéticas multirraciales se han hecho en Colombia, con los propósitos de estudio siguientes: 1) caracterizar poblaciones multirraciales formadas por razas Criollas y Cebú para caracteres de crecimiento predestete y postdestete, y 2) estudiar la factibilidad de utilizar razas Criollas en cruzamientos con Cebú para producción de ganado de carne comercialmente competitivo bajo condiciones ambientales y económicas colombianas. El primer estudio fue con datos históricos del rebaño multirracial Romosinuano-Cebú de Turipaná (12), y el segundo fue con datos de la población multirracial Sanmartinero-Cebú localizada en La Libertad (13). En ambos casos, animales Criollos fueron competitivos con animales Cebú, y hubo excelente habilidad combinatoria interracial entre animales Criollos (Romosinuano, Sanmartinero) y Cebú. En general, los rangos de los valores genéticos multirraciales aditivos, no aditivos, y totales de toros Criollos, cruzados, y Cebú se superpusieron. Hubo toros de todos los grupos raciales representados en los tercios superior, medio, e inferior cuando se ordenaron por sus valores genéticos multirraciales aditivos y totales. Para efectos genéticos de crecimiento directos (capacidad propia de crecimiento de los terneros) el ordenamiento descendiente de los grupos de toros fue Cebú, Criollo x Cebú, y Criollos. Para efectos genéticos maternos el orden de los grupos de toros de mayor a menor fue el opuesto, i.e., Criollos, Criollo x Cebú, y Cebú. La superioridad de las vacas Criollas para habilidad materna sobre vacas Cebú y la excelente habilidad combinatoria entre animales Criollos y Cebú en estos estudios indicó un gran potencial de estos animales para producción comercial de animales de carne en Colombia.

Futuro de evaluaciones nacionales multirraciales

Las evaluaciones nacionales multirraciales están en un período de transición. Aún cuando

las evaluaciones todavía se están realizando en Universidades (principalmente Universidad de Georgia y Universidad de Cornell), existe un plan de crear una entidad independiente (en 2009 ó 2010) que realizaría las evaluaciones nacionales utilizando los conjuntos de datos de todas las asociaciones de criadores de bovinos de carne en Estados Unidos. Esta entidad estaría a cargo de hacer evaluaciones nacionales periódicas, y de responder consultas acerca de ellas. Este plan fue propuesto por el consorcio nacional de evaluación de bovinos de carne en 2004 (15). Los investigadores de Universidades continuarían contribuyendo con aspectos metodológicos y computacionales.

Los modelos multirraciales continuarán evolucionando a nivel estadístico y de datos a utilizar. En un futuro no muy lejano, datos de análisis genómicos se incorporarán a las evaluaciones multirraciales nacionales. En estos momentos hay estudios grandes cuyo objetivo es estimar los valores genéticos de alrededor de 60.000 polimorfismos únicos de nucleótidos en bovinos de varias razas en Estados Unidos. Esta información se deberá integrar a la información fenotípica enviada por los criadores con el fin de obtener un conjunto único de evaluaciones genéticas. El procedimiento de cómo integrar información fenotípica y genómica a nivel de poblaciones nacionales grandes no se ha determinado. Esta será una de las áreas de trabajo de investigadores contribuyendo al sistema de evaluación multirracial a ser utilizado por la entidad a cargo de las evaluaciones nacionales de ganado de carne en Estados Unidos.

El enorme intercambio internacional de material genético ha creado un gran número de poblaciones multirraciales. Implementación de modelos multirraciales en estas poblaciones requerirá una buena colaboración entre criadores, productores comerciales, e investigadores. Con la disponibilidad de información genómica, la transición a modelos de evaluación genética multirracial es aún más relevante si el objetivo es el de optimizar retornos económicos dadas las condiciones ambientales y los genotipos disponibles en una población compuesta de animales puros y cruzados.

Referencias

1. Cardoso FF, Tempelman RJ. Hierarchical Bayes multiple-breed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population. *J Anim Sci* 2004; 82:1589-1601.
2. Elzo MA. Considerations for the genetic evaluation of straightbred and crossbred bulls in large multibreed populations. *Proc Symp WRCC-100, Brainerd, MN.* 1995; 1-21.
3. Elzo MA. Covariances among sire by breed group of dam interaction effects in multibreed sire evaluation procedures. *J Anim Sci* 1990; 68:4079-4099.
4. Elzo MA. Restricted maximum likelihood estimation of additive and nonadditive genetic variances and covariances in multibreed populations. *J Anim Sci* 1994; 72:3055-3065.
5. Elzo MA. Multibreed sire evaluation within and across countries. Ph. D. Dissertation, Univ. of California, Davis, CA. 1983.
6. Elzo MA. Recursive procedures to compute the inverse of the multiple trait additive genetic covariance matrix in inbred and noninbred multibreed populations. *J Anim Sci* 1990a; 68:1215-1228.
7. Elzo MA. Unconstrained procedures for the estimation of positive definite covariance matrices using restricted maximum likelihood in multibreed populations. *J Anim Sci* 1996; 74:317-328.
8. Elzo MA, Jara a, Barria N. Genetic parameters and trends in the Chilean multibreed dairy cattle population. *J Dairy Sci* 2004; 87:1506-1518.
9. Elzo MA, Wakeman DL. Covariance components and prediction for additive and nonadditive preweaning growth genetic effects in an Angus-Brahman multibreed herd. *J Anim Sci* 1998; 76:1290-1302.
10. Elzo MA, Bradford GE. Multibreed sire evaluation procedures across countries. *J Anim Sci* 1985; 60:953-963.
11. Elzo MA, Famula TR. Multibreed sire evaluation procedures within a country. *J Anim Sci* 1985; 60:942-952.
12. Elzo MA, Manrique C, Ossa G, Acosta O. Additive and nonadditive genetic variability for growth traits in the Turipaná Romosinuano-Zebu multibreed herd. *J Anim Sci* 1998a; 76:1539-1549.
13. Elzo MA, Martinez G, Gonzalez F, Huertas H. Additive, nonadditive, and total genetic variation and genetic predictions for growth traits in the Sanmartinero-Zebu multibreed herd of La Libertad. *J Corpoica* 2001; 3:123-139.
14. Elzo MA, West RL, Johnson DD, Wakeman DL. Genetic variation and prediction of additive and nonadditive genetic effects for six carcass traits in an Angus-Brahman multibreed herd. *J Anim Sci* 1998b; 76:1810-1823.
15. Garrick D. Trends and developments in genetic evaluation of beef cattle in the United States. 2004. Available: <http://www.nbcec.org/nbcec/waf1.pdf>. Fecha de acceso: junio 23, 2007.
16. Henderson CR. Sire evaluation and genetic trends. *Proc Anim Breed Symp in Honor of Dr. Lush JL. ASAS-ADSA, Champaign, IL.* 1973; 10-41.
17. Henderson CR. General flexibility of linear model techniques for sire evaluation. *J Dairy Sci* 1974; 57:963-972.
18. Henderson CR. Rapid method for computing the inverse of a relationship matrix. *J Dairy Sci* 1975; 58:1727-1730.
19. Henderson CR. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. *Biometrics* 1976; 32:69-83.
20. Jara A, Elzo M, Barría N. Una aproximación bayesiana para la estimación de varianza en un modelo aditivo heterocedástico. I. Aspectos teóricos. Mem. XVII Reunión ALPA, La Habana, Cuba. 2001a; G36:1964-1967.
21. Jara A, Elzo M, Barría N. Una aproximación bayesiana para la estimación de varianza en un modelo aditivo heterocedástico. II. Un estudio de simulación. Mem. XVII Reunión ALPA, La Habana, Cuba. 2001b; G43:1936-1939.
22. Klei L, Quaas RL. Multiple breed EPD: The Cornell approach to the simmental data. *Proc Symp WCC-100 Regional Coordinating Committee Meeting, Brainerd, MN.* 1996; 41-49.
23. Klei L, Quaas RL, Pollak EJ, Cunningham BE. Multiple-breed evaluation. *Proc 28th Res Symp and Annual Meeting, Beef Improvement Federation, Birmingham, AL.* 1996; 93-105.
24. Koonawootrittriron S, Elzo MA, Tumwasorn S. Multibreed genetic parameters and predicted genetic values for first lactation 305-d milk yield, fat yield, and fat percentage in a *Bos taurus* × *Bos indicus* multibreed dairy population in Thailand. *Thai J Agric Sci* 2002; 35:339-360.
25. Legarra A, Bertrand JK, Strabel T, Sapp RL, Misztal I. Multi-breed genetic evaluation in a gelbvieh population. Mimeograph, University of Georgia, Athens, GA. 2004.
26. Lo LL, Fernando RL, Grossman M. Genotypic covariance between relatives in multibreed populations: Additive model. *Theor Appl Genet* 1993; 87:423-430.
27. Quaas RL. Computing the diagonal elements and inverse of a large numerator relationship matrix. *Biometrics* 1976; 32:949-953.
28. Quaas RL, Pollak EJ. Mixed model methodology for farm and ranch beef cattle testing programs. *J Anim Sci* 1980; 51:1277-1287.
29. Quaas RL, Pollak EJ. Modified BLUP equations for sire models with groups. *J Dairy Sci* 1981; 64:1868-1872.