

## ARTÍCULO TÉCNICO

Carlos Manrique<sup>1</sup>,  
Mauricio Elzo<sup>2</sup>,  
William Odenya<sup>3</sup>,  
Lee McDowell<sup>4</sup>  
y Don Wakeman<sup>4</sup>

## ABSTRACT

*Title: Prediction of Additive and Nonadditive Genetic Effects for Weight at Weaning Using a Multibreed Animal Evaluation Procedure*

Additive and nonadditive genetic effects were predicted for weaning weight in an Angus-Brahman multibreed herd by using a multibreed animal evaluation procedure and were compared to the predictions of genetic effects based only on additive genetic effects. Changes in the prediction of genetic effects were found when nonadditive genetic effects were included in the genetic evaluation procedure. These changes caused differences in the ranking of sires for additive and total genetic effects. Therefore, when bulls used in crossbreeding programs are to be chosen, it should be valuable to use multibreed genetic evaluations that involve nonadditive genetic effects.

*Key words:* additive genetic effects, nonadditive genetic effects, multibreed evaluation.

## Predicción de los efectos genéticos aditivos y no aditivos del peso al destete mediante un procedimiento de evaluación animal multiracial

## RESUMEN

Se obtuvieron predicciones acerca de los efectos genéticos aditivos y no aditivos relativos al peso al destete en terneros pertenecientes a un rebaño multiracial Angus x Brahman, valiéndose de un procedimiento de evaluación animal multiracial; estos valores se compararon frente a predicciones de los efectos genéticos basadas en evaluaciones que contemplaban únicamente los efectos aditivos. Se encontraron cambios substanciales en las predicciones de los efectos genéticos cuando se incluyeron los efectos genéticos no aditivos en la evaluación. Éstos originaron diferencias en el ordenamiento de los toros para los efectos genéticos aditivos y totales. Por lo tanto, en la selección de toros destinados a programas de cruzamiento, se recomienda usar evaluaciones genéticas multiraciales que involucren los efectos genéticos no aditivos.

*Palabras claves:* efectos genéticos aditivos, efectos genéticos no aditivos, evaluación multiracial.

## INTRODUCCIÓN

EN LA MAYORÍA de las razas bovinas para producción de carne en los Estados Unidos, se llevan a cabo actualmente programas de evaluación genética nacional que proveen valores genéticos para más de 600.000 animales registrados cada año (Benyshek y col., 1988). Las predicciones de valores genéticos obtenidas en estas evaluaciones son reportadas por las asociaciones de razas puras en sus informes de evaluación de toros (BIF, 1990), en términos de Diferencias Esperadas de Progenie (DEP) para caracteres de crecimiento. Sin embargo, estas evaluaciones tienen en cuenta solamente los efectos genéticos aditivos y no se pueden usar para comparar los toros de poblaciones multiraciales, en las cuales el valor genético de un toro depende simultáneamente de efectos genéticos aditivos y no aditivos (Elzo, 1983). Por lo tanto, es necesario evaluar integralmente estos animales, de manera que se puedan comparar toros con cualquier composición racial; ello permitirá ordenar dichos toros a través de razas y grupos raciales.

Los objetivos de este estudio fueron: 1) obtener predicciones de efectos genéticos aditivos y no aditivos del peso al destete, basadas en el procedimiento de evaluación genética simple; y, 2) estudiar la manera cómo cambia el ordenamiento de toros a través de grupos raciales, cuando el proce-

dimiento de evaluación incluye efectos genéticos no aditivos, en comparación con el ordenamiento logrado cuando se contemplan efectos genéticos aditivos solamente.

## Materiales y métodos

*Origen de los datos*

Durante los años de 1989 y 1990 se registró el peso al destete de 380 terneros pertenecientes a un hato multiracial Angus x Brahman. Este hato, localizado en la estación experimental Pine Acres de la Universidad de la Florida en Citra (Florida), está compuesto por animales puros de las razas Angus (A), Brahman (B) y varios tipos de cruces A x B.

Se cruzaron seis grupos raciales de machos (A; 0.75A x 0.25B; 0.5A x 0.5B; 0.25A x 0.75B; B y Brangus [0.625A x 0.375B]), con cinco grupos raciales de hembras (los mismos con excepción de 0.25A x 0.75B). La Tabla 1 muestra el número de toros y vacas por cada grupo racial. El número de toros, por grupo racial y por año, varió entre 2 (0.75A x 0.25B en 1989) y 5 (Brangus en 1990), y para asegurar la conexión en el conjunto de los datos, hubo entre uno (0.5A x 0.5B) y tres toros (A) entre 1989 y 1990. El número de vacas por grupo racial varió entre 14 (0.75A x 0.25B en 1990) y 65 (A en 1989).

1. Profesor asociado, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, Santa Fe de Bogotá, Colombia; 2. Profesor asociado, Universidad de Florida, Gainesville; 3. Profesor asociado, Universidad de Kenya; 4. Profesores titulares, Universidad de Florida.

La Tabla 2 muestra el número de terneros obtenidos en cada tipo de apareamiento en ambos años. Este número varió de 3 (toros 0.5A x 0.5B apareados con vacas 0.75A x 0.25B) a 40 terneros (toros B apareados con vacas B). Los muestreos contabilizaron el lapso comprendido entre el nacimiento y el destete, el cual varió de 151 a 275 días; el 91% de los terneros se destetó entre 210 y 270 días de edad. Los pesos se ajustaron a 205 días, usando la fórmula recomendada por la Beef Improvement Federation (BIF, 1990).

#### Análisis genético

Las predicciones de los efectos genéticos aditivos y no aditivos del peso al destete se calcularon usando el programa de evaluación genética multirracial (PEGM) desarrollado por Elzo (comunicación personal). La versión del PEGM utilizada en este trabajo, calculó los efectos fijos y alea-

torios mediante el uso de un modelo padre abuelo materno, el cual integraba las siguientes variables: efectos de grupo contemporáneo, sexo del ternero x edad de la vaca, efectos genéticos aditivos de grupo (grupo del toro, grupo del abuelo materno, grupo de la abuela materna), efectos genéticos no aditivos de grupo (grupo del toro x grupo de la vaca, grupo del abuelo materno x grupo de abuela materna), efectos genéticos aditivos directos del toro, efectos genéticos no aditivos directos del toro (toro x grupo racial de la vaca) y efectos residuales. El grupo contemporáneo se definió como la subclase que contiene los efectos de año y manejo dentro del año. Se establecieron tres categorías de sexo (toros, novillas y castrados) y tres grupos de edad de las vacas (menos de 3 años, entre 3 y 5, y más de 5 años).

Los grupos contemporáneos, sexo x edad de la vaca, y los efectos genéticos de

grupo, se consideraron fijos. Por su parte, los efectos genéticos aditivos y no aditivos, directos y residuales, se consideraron aleatorios. Se asumió que los efectos genéticos aditivos de toros tenían media cero y matriz de covarianza  $A\sigma^2$ , donde  $\sigma^2$  corresponde a la varianza genética aditiva de toros (igual a 0.25 la varianza genética aditiva), y  $A$  es la matriz genética aditiva de parentesco (Henderson, 1976). Así mismo, se asumió que los efectos genéticos no aditivos directos de toro y los residuales tenían media cero, cada uno con varianza común y no correlacionados entre ellos ni con los efectos aditivos de toro.

En el conjunto de evaluaciones realizadas, sólo se incluyeron los efectos genéticos aditivos y no aditivos directos, debido a que las varianzas y covarianzas para efectos genéticos aditivos y no aditivos maternos no se pudieron estimar en este conjunto de datos (102 de los 380 terneros

**Tabla 1.** Distribución de animales por grupo racial y año.

Grupo racial <sup>a</sup>	Toros				Vacas			
	Total	1989	1990	1989 y 1990 <sup>b</sup>	Total	1989	1990	1989 y 1990 <sup>c</sup>
A	5	4	4	3	65	65	42	42
0.75A x 0.25B	3	2	3	2	18	18	14	14
0.5A x 0.5B	4	2	3	1	38	30	33	25
0.25A x 0.75B	4	4	3	3	0	0	0	0
B	5	3	4	2	76	52	59	35
Brangus	7	4	5	2	46	25	40	19
<b>TOTAL</b>	<b>28</b>	<b>19</b>	<b>22</b>	<b>13</b>	<b>243</b>	<b>190</b>	<b>188</b>	<b>135</b>

<sup>a</sup> A: Angus; B: Brahman; Brangus: 0.625A x 0.375B.

<sup>b</sup> Número de toros presentes en ambos años.

<sup>c</sup> Número de vacas presentes en ambos años.

**Tabla 2.** Número de progenies en cada tipo de apareamiento.

Grupo racial de la vaca <sup>a</sup>	Grupo racial del toro <sup>a</sup>						TOTAL
	A	0.75A x 0.25B	0.5A x 0.5B	0.25A x 0.75B	B	Brangus <sup>b</sup>	
A	26	13	7	17	20	24	107
0.75A x 0.25B	6	5	3	6	6	6	32
0.5A x 0.5B	12	9	5	9	16	12	63
B	14	18	11	15	39	14	111
Brangus <sup>b</sup>	8	6	5	8	11	29	67
<b>TOTAL</b>	<b>66</b>	<b>51</b>	<b>31</b>	<b>55</b>	<b>92</b>	<b>85</b>	<b>380</b>

<sup>a</sup> A: Angus; B: Brahman.

<sup>b</sup> Brangus: 0.625A x 0.375B.

tenían abuelo materno desconocido y la mayoría de los abuelos maternos conocidos se aparearon con vacas del mismo grupo racial de los abuelos maternos).

Los valores genéticos predichos de los toros se conocen como Diferencias Esperadas de Progenie (DEP; BIF, 1990). Estas DEP reflejan la diferencia entre el valor genético de un toro y el valor genético promedio del grupo de los animales que constituyen el grupo de referencia. Cada DEP tiene un valor de exactitud (EXA) que varía entre 0 y 1; los valores cercanos a 1 son

los de mayor exactitud y sirven para estimar la verosimilitud del posible cambio en las DEP; dicha variación depende de la cantidad y distribución de los datos, y del parentesco entre los animales utilizados para predecir las DEP. La exactitud se representa por medio de la siguiente expresión (BIF, 1990):

$$EXA = 1 - \frac{\sqrt{VEP}}{\sqrt{G}}$$

donde, VEP = varianza de error de predicción y G = varianza genética.

Para este estudio, las varianzas genéticas aditiva y no aditiva del peso al destete fueron 96.0 y 19.1, respectivamente. Debido a la multicolinealidad, el cálculo de la inversa del lado izquierdo de las ecuaciones del modelo mixto no se pudo obtener con suficiente exactitud, por lo cual tampoco se logró calcular la VEP necesaria para la estimación de la EXA. Por lo tanto, las VEP se calcularon aproximadamente, basándose en los elementos de la

**Tabla 3.** Predicción y exactitud de valores genéticos aditivos y no aditivos de los toros, con relación al peso al destete.

Grupo racial <sup>a</sup>	Toro	DEPN <sup>e</sup>											
		DEP <sup>b</sup>	EXA <sup>c</sup>	DEPA <sup>d</sup>	EXA	A	EXA	0,75A	EXA	0,5A	EXA	B	EXA
A	1	-.2971	.60	-.2764	.60	-.3874	.08	-.1399	.06	.3655	.05	-.0581	.02
	8	-.1068	.59	-.0949	.59	-.0894	.05	-.1467	.04	.1584	.02	.0022	.07
	9	.0163	.63	.0670	.62	-.5927	.10	.0569	.06	.2165	.06	.3726	.07
	12	.0043	.61	.0043	.61	.0003	.23	.0008	.23	.0047	.23	-.0023	.23
	13	-.0065	.65	-.0061	.65	.0001	.29	-.0002	.29	.0004	.29	-.0051	.29
	19	-.4885	.62	-.3833	.61	-.7820	.10	-.0602	.06	.4690	.05	.0702	.04
0.75A x 0.25B	26	.0532	.59	.0319	.59	-.5978	.03	.1166	.05	.4226	.04	.0839	.05
	15	.1318	.61	.1202	.61	-.0252	.15	-.0074	.15	.1597	.14	-.0315	.17
	20	-.2979	.70	-.1898	.67	.0339	.14	-.0621	.12	.5395	.08	-.6625	.15
0.5A x 0.5B	27	.1547	.55	.1447	.55	-.1745	.02	.2101	.02	.1148	.03	-.0353	.02
	17	.0205	.60	.0211	.60	.0048	.16	-.0141	.15	.0001	.13	.0260	.15
	18	-.4291	.61	-.4063	.61	.0002	.13	-.0001	.13	.0194	.16	-.3427	.18
	28	-.7540	.60	-.6901	.59	-.3126	.04	.1115	.07	.1375	.02	-.4855	.07
0.25A x 0.075B	29	.1463	.56	.1315	.56	-.0001	.04	-.0751	.04	.1820	.04	-.0021	0
	2	.1495	.55	.1406	.55	-.2591	.04	.0013	0	.4290	.04	-.0594	.02
	5	.4326	.59	.4046	.58	.0302	.05	.1873	.06	.1131	.04	-.0085	.02
	21	.3053	.59	.3171	.58	.0555	.05	-.0655	.05	.1637	.02	.0987	.04
B	22	-.3848	.68	-.2676	.66	-.2186	.11	.5477	.11	.3443	.07	-.8863	.14
	3	.0984	.59	.1034	.59	.1987	.02	.0552	.06	.1056	.04	-.2770	.06
	6	.4423	.55	.4247	.55	.1554	.04	.0014	0	.2610	.04	-.0798	.02
	10	1.1967	.68	1.1973	.66	.6067	.11	.4803	.11	.6076	.08	-.7418	.15
	23	.3886	.69	.5353	.66	-.0854	.11	.4595	.07	.6040	.08	-.5521	.18
Brangus	24	.3852	.54	.3570	.54	.0012	0	.0221	.02	.3617	.04	-.1009	.02
	4	.6005	.67	.5484	.65	-.4776	.11	.0874	.14	.7778	.09	.0489	.06
	7	-.1550	.55	-.1419	.55	-.2111	.04	.0940	.03	.0023	0	.0019	.02
	11	-.7364	.59	-.6976	.59	-.7078	.05	-.0310	.07	.0023	0	.1811	.05
	14	-.6209	.56	-.5892	.55	-.4782	.03	-.2469	.04	.2571	.02	-.0009	0
	16	-.2999	.55	-.2819	.54	-.2710	.04	.0452	.04	.0023	0	-.0009	0
	25	-.1680	.59	-.1757	.59	-.0665	.03	-.3105	.06	.4997	.05	-.2624	.03
	30	-.2856	.64	-.2239	.62	-.0010	.06	-.3075	.12	.3706	.05	-.2402	.09

<sup>a</sup> A: Angus; B: Brahman; Brangus: 0.625A x 0.375B.

<sup>b</sup> DEP: Diferencias Esperadas de Progenie; se basan en evaluaciones genéticas que sólo incluyen efectos genéticos aditivos.

<sup>c</sup> EXA: Exactitud.

<sup>d</sup> DEPA: Diferencias Esperadas de Progenie basadas en evaluaciones que incluyen efectos genéticos aditivos y no aditivos.

<sup>e</sup> DEPN: Diferencias Esperadas de Progenie no aditivas.

diagonal de la inversa de la matriz en los coeficientes correspondientes a cada toro, luego de absorber las ecuaciones de los grupos contemporáneos. Así, esta aproximación toma en cuenta la distribución de los registros de terneros a través de grupos contemporáneos, pero no a través de otros efectos en el modelo.

En poblaciones multirraciales, las DEP tienen en cuenta efectos genéticos aditivos y no aditivos. Por lo tanto, las DEP multirraciales (DMEP) calculadas en este estudio, fueron definidas como la suma de las DEP aditivas (DEPA) y las DEP no aditivas (DEPN). La DEPA es la parte de la evaluación multirracial equivalente a la DEP dentro de la raza, y tiene en cuenta las diferencias de los grupos raciales; por su

parte, la DEPN mide la habilidad combinatoria de un toro cuando se aparea con vacas de una composición racial particular (Elzo *et al.*, 1991). El ordenamiento de los toros a través de los grupos raciales, se determinó por las DEPA y las DMEP; además, se calcularon las correlaciones entre DEPA y DEPN.

#### Resultados y discusión

En las poblaciones multirraciales, los toros que van a ser utilizados en programas de cruzamiento necesitan ser evaluados por su DEPA y DEPN, diferencias que permiten identificar los mejores toros para obtener estos efectos genéticos a través de grupos raciales. En consecuencia, los productores comerciales estarían más intere-

sados en utilizar aquellos toros con información DEPA y DEPN para sus cruzamientos. Los productores de razas puras pueden utilizar solamente las DEPA, cuando deseen escoger toros independientemente de la composición racial de las hembras con las que se aparearon; así mismo, pueden utilizar las DMEP si desean seleccionar toros que tengan grandes DEPA y DEPN con un grupo racial de hembras en particular. En aras de la simplicidad, se utilizó la evaluación de un solo carácter (peso al destete) para mostrar el cambio que ocurre en la predicción de los valores genéticos cuando se incluyen efectos genéticos no aditivos en el modelo.

Las predicciones de las DEPA y DEPN del peso al destete para los toros utilizados

**Tabla 4.** Ordenamiento de los toros por peso al destete de acuerdo a DEPA, DEPN y DMEP.

Grupo racial <sup>a</sup>	Toro	DEP <sup>b</sup>	DEPA <sup>c</sup>	DMEP <sup>d</sup>			
				A	0.75A	0.5A	B
A	1	22	24	26	24	18	22
	8	18	18	17	21	21	17
	9	15	13	23	13	13	3
	12	16	16	12	17	23	14
	13	17	17	13	18	24	15
	19	27	26	29	25	19	21
	26	13	14	25	11	9	9
0.75A x 0.25B	15	11	11	9	14	14	11
	20	23	21	16	22	10	28
	27	8	8	14	7	15	10
0.5A x 0.5B	17	14	15	11	16	22	13
	18	26	27	21	23	28	27
	28	30	29	27	28	29	30
	29	10	10	8	15	12	8
0.25A x 0.75B	2	9	9	15	12	6	12
	5	4	5	4	4	7	5
	21	7	7	5	9	8	4
	22	25	23	22	8	20	29
B	3	12	12	7	10	16	19
	6	3	4	2	5	5	6
	10	1	1	1	1	1	2
	23	5	3	3	2	3	16
	24	6	6	6	6	4	7
Brangus	4	2	2	10	3	2	1
	7	19	19	20	19	25	18
	11	29	30	30	29	30	25
	14	-28	28	28	30	27	26
	16	24	25	24	20	26	20
	25	20	20	19	26	11	23
	30	21	22	18	27	17	24

<sup>a</sup> A: Angus; B: Brahman; Brangus: 0.625A x 0.375B.

<sup>b</sup> DEP: Diferencias Esperadas de Progenie; se basan en evaluaciones genéticas que sólo incluyen efectos genéticos aditivos.

<sup>c</sup> DEPA: Diferencias Esperadas de Progenie basadas en evaluaciones que incluyen efectos genéticos aditivos y no aditivos.

<sup>d</sup> DMEP: Diferencias Multirraciales Esperadas de Progenie.

en este rebaño multiracial se presentan en la Tabla 3. Con el propósito de hacer la comparación, se incluye en dicha Tabla la DEP del toro basado en una evaluación genética que incluye solamente efectos genéticos aditivos. Las diferencias entre DEPA y DEP fueron pequeñas, y la mayor diferencia se presentó en el toro B 23 (de 0.3886 kg para DEP a 0.5353 kg para DEPA).

La exactitud de las DEPA varió del 54% al 67%. La exactitud de la DEPA para un toro dado, fue menor (hasta en un 5%) que la exactitud correspondiente a la DEP. Los valores de estas exactitudes son lo suficientemente altos para ser tenidos en cuenta en la selección de toros, si se considera que las asociaciones de criadores puros requieren una exactitud mínima del 40% —con respecto de los caracteres de crecimiento—, para que se puedan reportar datos de toros puros.

Con relación a la DEPN, cada toro tuvo un valor diferente para cada tipo de apareamiento. Por lo tanto, la habilidad combinatoria de los toros fue diferente, y dependió del grupo racial de vacas con las cuales se aparearon. Estos resultados señalan que si se van a escoger los toros para programas de cruzamiento, se debería incluir los efectos genéticos no aditivos en la evaluación genética.

La exactitud de las DEPN fluctuó entre 0 y 29%. Estas exactitudes fueron menores que las encontradas en la DEPA, a causa del pequeño componente de varianza para efectos genéticos no aditivos utilizado en este análisis (comparado con el utilizado para efectos genéticos aditivos), y al escaso número de progenies, por grupo racial de las vacas, que cada toro tuvo en este rebaño multiracial. En el caso extremo, los toros con cero EXA en DEPN, tuvieron como máximo una progenie con ese grupo racial de vacas.

Los cambios en el ordenamiento de los toros basados en las DEPA y las DMEP, ocurrieron cuando se incluyeron efectos

genéticos no aditivos en la evaluación. La Tabla 4 presenta el ordenamiento de los toros por peso al destete referidos a la DEP, la DEPA y la DMEP. El ordenamiento de los toros por DEPA, a través de sus grupos raciales, fue ligeramente diferente del ordenamiento de los toros por DEP. La correlación entre DEP y DEPA fue 0.99 ( $P < .01$ ).

Los ordenamientos de los toros por DMEP, a través de sus grupos raciales, fueron diferentes, dependiendo del grupo de vacas con las cuales se aparearon. Además, el ordenamiento de un toro específico por DMEP fue diferente en cada grupo racial de vacas. Estos cambios en el ordenamiento por DMEP se originaron de las diferencias en la DEPN. Las correlaciones entre DEPA y DEPN fueron: 0.48, 0.42, 0.31 y -0.06 en las vacas A, 0.75A x 0.25B, 0.5A x 0.5B y B, respectivamente. Solamente las dos primeras correlaciones fueron significativas ( $P < .01$ ). Sin embargo, las correlaciones de la DMEP con la DEPA, en los cuatro grupos raciales de vacas, fueron mayores (0.88, 0.91, 0.86 y 0.87, respectivamente) y todas ellas fueron importantes ( $P < .01$ ).

#### Implicaciones

En este estudio se encontraron cambios en la predicción de efectos genéticos, cuando se incluyeron aquellos no aditivos en el procedimiento de evaluación genética. Estos cambios causaron diferencias en el ordenamiento de los toros para efectos genéticos aditivos y no aditivos. Por lo tanto, cuando se vayan a escoger toros para programas de cruzamiento, se debería acudir a evaluaciones genéticas multiraciales que involucren efectos genéticos no aditivos. Estas evaluaciones permitirán a los criadores de puros, así como a los productores comerciales, seleccionar sus toros por efectos genéticos totales o seleccionar aquellos animales que tengan mayores efectos genéticos aditivos (en especial, los criadores de animales puros).

#### BIBLIOGRAFÍA

- Benyshek, L.L., Johnson, M.H., Little, D.E., Bertrand, J.K. and Kriese, L.A. 1988. Applications of an animal model in the United States beef cattle industry. *J. Dairy Sci.* 71:35.
- BIF. 1990. Guidelines for uniform beef improvement programs. North Carolina State University, Raleigh (U.S.A.), 89 pp.
- Elzo, M.A. 1983. Multibreed sire evaluation within and across countries. Ph.D. dissertation. University of California, Davis (U.S.A.).
- Henderson, C.R. 1976. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. *Biometrics* 32:69.