

Validación de DEPs en toros Brangus a partir una muestra diseñada de la performance de su progenie

Munilla, S.^{1,2*} y Buitrago, M.¹

¹Departamento de Producción Animal, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Argentina. ²CONICET.

*E-mail: munilla@agro.uba.ar

EPDs validation in Brangus bulls using a designed sample of their offspring performance.

Introducción

El objetivo principal de un programa de evaluación genética de una raza bovina es calcular y difundir las DEPs (acrónimo de “Diferencias Esperadas entre Progenies”) de reproductores destacados para caracteres económicamente relevantes. Las DEPs predicen performance futura y, en consecuencia, su validación está asociada a la materialización de esa predicción. En un trabajo precedente, Munilla y Terza (2018) propusieron un método de validación basado en regresar el promedio de desvíos fenotípicos de la progenie de toros (los PYD, por “Progeny Yield Deviation”) en su correspondiente DEP. Desde el punto de vista de una validación cruzada, una de las posibles limitantes del enfoque es que los PYD no son una medida completamente independiente de performance futura. La alternativa es regresar directamente datos de performance tomados en una prueba progenie. Idealmente, esta estrategia involucra un experimento diseñado, pero éstos son costosos. En este trabajo proponemos utilizar los mismos datos colectados por el programa de evaluación genética para ajustar la regresión, pero tomando una muestra de la progenie de los toros seleccionada con un criterio de diseño estadístico. Ilustramos el procedimiento analizando datos de peso al nacimiento de toros Brangus.

Materiales y métodos

Se trabajó sobre la base de datos del programa de evaluación genética de raza Brangus (ERBra) y el Sumario de Padres 2017 editado por la Asociación Argentina de Brangus. En primer lugar, se listaron los toros del sumario cuya exactitud fue mayor a 0,80 para el carácter peso al nacer (PN). Luego, se extrajo de los registros del ERBra los datos de la progenie de esos reproductores reportados para el ERBra 2018. Sólo se consideraron datos de grupos de contemporáneos (GC) en los que se habían utilizado dos o más de los toros listados, con al menos 10 crías cada uno, y con la restricción de que cada uno de ellos tuviera progenie en al menos dos GC.

Sobre este archivo de datos se aplicaron los siguientes criterios. En primer lugar, se garantizó que todos los GC estuvieran conectados entre sí por al menos un toro de referencia. En segundo lugar, se eliminaron datos de transferencias embrionarias y se recategorizaron las edades de madre. Finalmente, se clasificaron los establecimientos en función de su ubicación geográfica y los sistemas de producción más característicos de la región. Se verificó que, en la medida de lo posible, los niveles de los diferentes factores considerados respetaran un diseño factorial.

Los datos se analizaron ajustando un modelo lineal mixto a los datos de PN de los terneros (N = 2795). La ecuación del modelo (en forma esquemática) fue:

$$PN = \beta \times DEP_{PADRE} + SEXO + EDMA + SPROD + GPN + Error,$$

donde PN representa el peso al nacimiento, β es el coeficiente de regresión que cuantifica la diferencia en performance por unidad de DEP de su padre (DEP_{PADRE}), SEXO es el efecto de sexo con dos niveles (macho o hembra), EDMA es la edad de la madre con tres niveles (vaquillona, 2-3 años, vaca adul-

ta, 4-8 años, y vaca vieja, +9 años), SPROD es el efecto del sistema de producción (2 niveles) y GPN es el efecto del grupo de contemporáneos, tratado como aleatorio con 42 niveles independientes e idénticamente distribuidos. El análisis se realizó mediante el paquete R (R Core Team, 2019).

Resultados y Discusión

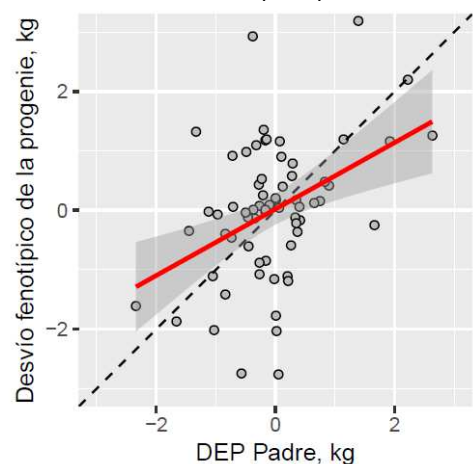
En el Cuadro 1 se presenta un resumen de los resultados del análisis estadístico con las estimaciones de los efectos fijos y sus correspondientes errores estándares. El coeficiente de regresión de la DEP del padre en la performance de su progenie fue igual a 0,70, indicando un aumento de esa magnitud en el PN promedio por cada unidad de aumento de la DEP. La pendiente fue significativamente diferente a la relación 1:1 esperada. Para una mejor visualización de los resultados, la información de la tabla se complementa un gráfico de dispersión del promedio de los desvíos fenotípicos de cada toro, calculado como el residual del modelo sin el efecto de la DEP del padre, y el correspondiente valor de la DEP (Figura 1). El gráfico está representado en escala 1:1 con una recta de regresión lineal sobreimpuesta.

La estrategia empleada permitió realizar una validación diseñada de los resultados del programa de evaluación genética nutriendose de la información recolectada por el mismo programa. En promedio, la evaluación genética para PN que realiza el ERBra es ciertamente confiable. Se observa, sin embargo, una dispersión importante entre la performance esperada y la observada para algunos toros.

Cuadro 1: Resumen del análisis estadístico de los datos.

Efecto	Estimando	Estimación	Error est.
DEP	β	+0,70	0,10
SEXO	♂ vs ♀	+0,74	0,13
EDMA	VQ vs VA	-0,94	0,21
EDMA	VV vs VA	-0,66	0,19

Figura 1: Regresión del desvío fenotípico promedio de la progenie de los toros en su DEP para peso al nacimiento.



Bibliografía

MUNILLA, S. y TERZA, S. 2018. RAPA 38 (Supl. 1): p. 60.
R CORE TEAM. 2019. URL <https://www.R-project.org/>