

Comparación de modelos alternativos en la evaluación genética de variables de crecimiento de ganado Brahman de registro en México

GM Parra-Bracamontea*, JC Martínez-González^b, EG Cienfuegos-Rivas^b, A Tewolde-Medhinc, R Ramírez-Valverded

^aLaboratorio de Biotecnología Animal, Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Reynosa, Tamaulipas, Mexico.

^bDirección de Postgrado e Investigación, UAM Agronomía y Ciencias, Universidad Autónoma de Tamaulipas, Victoria, Tamaulipas, Mexico.

^cDirección de Biotecnología y Bioseguridad - Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura, San José, Costa Rica.

^dDepartamento de Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo, Chapingo, Estado de México, México.

Resumen

Se realizó una comparación de modelos para la evaluación genética de variables de crecimiento, en los pesos al nacimiento (PN), destete (PD), año (PA) y 550 días (PF) de ganado Brahman de registro de México; con el propósito de cuantificar su efecto en la estimación de parámetros genéticos y la jerarquización de las diferencias esperadas de progenie estimadas (DEPs). Los modelos comparados diferían en componentes aleatorios y fueron, D con el efecto directo (σ^2_d); DM, igual a D pero incluyendo el efecto materno (σ^2_m) y con la covarianza entre los efectos de σ^2_d y σ^2_m ($\sigma_{dm} = 0$); DP, como D más el efecto materno de ambiente permanente (σ^2_p); DMC, como DM pero con $\sigma_{dm} \neq 0$; y el modelo completo, DMCP, igual a DMC más σ^2_p . Además, incluyeron el efecto fijo de grupo contemporáneo (hato-sexo-año-época) y la covariable de edad de la madre (lineal y cuadrática). La comparación entre modelos se realizó mediante la prueba de proporción de verosimilitudes (PRV). Las DEPs de los modelos, se compararon por correlación (rango de Spearman). Según la PRV, en todas las variables, excepto PD, el mejor modelo de ajuste fue DMC. Para PD, el mejor modelo fue DP. En PN, PA y PF, se observó una r_{dm} ($r_{dm} = \sigma_{dm}$) negativa (-0,86, -0,84 y -0,52, respectivamente); lo que disminuyó la magnitud de los estimadores de índice de herencia total. Para PD, los modelos DMC y DMCP no alcanzaron la convergencia. La estimación de las correlaciones de rango entre los valores genéticos directos y maternos de los modelos seleccionados con respecto a los otros modelos comparados, indicó que puede existir cambio sustantivo en la jerarquización del 10% de la población con valores superiores. Se concluye que la estructura de los datos analizados puede afectar la estimación de parámetros genéticos en modelos complejos, por lo que es importante escoger el modelo apropiado antes de llevar al cabo una evaluación genética. Existen algunas consideraciones con respecto al registro selectivo que deben tomarse con reserva sobre todo en evaluaciones nacionales.