

MEDIDA DE LA CONEXIÓN ENTRE EXPLOTACIONES DE BOVINOS DE CARNE DE LA RAZA BRUNA DELS PIRINEUS

Tarrés, J.¹, Fina, M. y Piedrafita, J.

¹Grup de Recerca en Remugants, Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra (Barcelona).
joaquin.tarres@uab.cat

INTRODUCCIÓN

El mejor predictor lineal insesgado (BLUP) del valor genético permite comparaciones entre animales, pero solo cuando existen conexiones genéticas entre los diferentes ambientes (Fouilloux et al., 2008). Laloë (1993) definió la desconexión para los efectos aleatorios en términos de “no-predecibilidad” del contraste, es decir, cuando su coeficiente de determinación (CD) es nulo. Laloë y Phocas (2003) mostraron que tanto la reducción de la precisión como el sesgo potencial en una evaluación genética provocadas por la desconexión son debidas al mismo fenómeno de regresión hacia la media. Estos autores concluyeron que el CD era el mejor método para juzgar la precisión de una evaluación genética u optimizar los diseños correspondientes, especialmente cuando se tiene que tener en cuenta las relaciones genéticas entre animales a través de la matriz de parentesco. El problema es que el CD es difícil de calcular para evaluaciones genéticas rutinarias debido a las demandas de almacenamiento y tiempo de computación requerido para calcular la inversa de la matriz de coeficientes y la matriz de parentesco. Por tanto, es aconsejable utilizar medidas de conexión que estén muy correlacionadas con el CD, como la similitud genética entre explotaciones (Thoren Hellsten et al., 2008). El objetivo de este trabajo es la medida de conexiones entre explotaciones de vacuno de carne de la raza *Bruna dels Pirineus* en las que se practica casi en exclusividad la monta natural como método reproductivo. En concreto se calculará la similitud genética entre explotaciones y se establecerán conjuntos de explotaciones conectadas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Similitud genética (Genetic Similarity, GS)

La similitud genética entre dos ganaderías es la proporción de la población con padres comunes y se calcula como proporción de descendientes de los padres con prole en las dos explotaciones en relación con el número total de descendientes en las dos explotaciones (Rekaya et al., 2003). La similitud genética se calculó para las tres bases de datos que disponemos del Programa de Control de Rendimientos de la raza *Bruna dels Pirineus*. La base de datos de crías, con 46852 registros, nos permitió calcular la similitud genética debida a los padres (GS_padres) que se genera cuando dos explotaciones comparten toros. A partir de la base de datos de vacas, con 25915 registros, calculamos la similitud genética debida a los abuelos maternos (GS_am), la cual se genera cuando existe compraventa de hembras para la reposición entre explotaciones. La base de datos de toros, con 1353 registros, nos permitió calcular la similitud genética debida a los abuelos paternos (GS_ap) generada cuando existe compraventa de machos para reposición.

Selección de un conjunto de explotaciones conectadas

El objetivo práctico principal de los estudios de conexión es identificar conjuntos de explotaciones conectadas. Dos explotaciones se consideran conectadas si la GS es mayor que un valor umbral arbitrario a priori α , que hemos fijado en el 5%. Asimismo, un grupo de explotaciones conectadas significaría que el grado de similitud de cualesquiera dos de ellas superaría este umbral. Esta agrupación puede alcanzarse a través de un procedimiento de clustering aglomerativo propuesto por Fouilloux et al. (2008). En nuestro trabajo, no obstante, aplicamos también un procedimiento más laxo, de forma que el índice de similitud de una explotación dada es igual a su mayor GS con las explotaciones actualmente en el cluster en lugar del menor GS. De esta forma, una explotación entra en el cluster si está conectada a una de las explotaciones dentro del cluster aunque no esté conectada a las otras.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Similitud genética (GS)

De las 260 explotaciones que tenían registros en la base de datos de crías, 155 compartían toros con alguna otra explotación (GS debida a los padres). Las GS de las explotaciones conectadas oscilaron entre 0,09% y 100%, con una media de 20,87% y una mediana de 9,56%. Estos últimos valores están por debajo de los valores aconsejados por Kuehn et al. (2007) para minimizar el riesgo asociado con medias genéticas diferentes entre explotaciones, quienes sugieren que se debe aparear al menos un tercio de las hembras reproductivas a toros de conexión para reducir el sesgo a niveles aceptables. Sin embargo, la asimetría de la distribución de las GS indicaría que hay una minoría de explotaciones que estarían suficientemente conectadas, aunque haya una gran mayoría de explotaciones con conexiones más débiles.

Las conexiones debidas a las madres se cuantificaron calculando la GS debido a los abuelos maternos. De las 226 explotaciones estudiadas en la base de datos de vacas, había 154 explotaciones que tenían vacas con medias hermanas en alguna otra explotación. Las GS de las explotaciones conectadas oscilaron entre el 0,6 y el 100% con un promedio del 25,91% y una mediana de 17,86%. Estos valores son superiores a los valores obtenidos para las crías indicando que la compraventa de animales para la reposición es ligeramente superior al intercambio de toros entre explotaciones.

Finalmente, se calculó la GS debida a los abuelos paternos. De las 125 explotaciones que tenían registros en la base de datos de toros, había 68 que tenían toros con medios hermanos en alguna otra explotación. Las GS de las explotaciones conectadas oscilaron entre el 5 y el 100% con un promedio de 38,91% y una mediana de 33,33%. Estos valores son bastante altos aunque pueden ser debidos a un reducido número de animales.

Selección de un conjunto de explotaciones conectadas

En primer lugar se hizo una selección de explotaciones conectadas a través del abuelo materno aplicando un criterio laxo de GS (superior al 5%). Obtuvimos un gran cluster (con más de 50 explotaciones) entre las cuales existe movimiento de animales para la reposición (Figura 1). Fuera de este gran cluster hay toda una serie de pequeños clusters y explotaciones que no tienen conexión genética con otras explotaciones.

En segundo lugar, dentro del gran cluster de explotaciones conectadas, hicimos una selección de explotaciones conectadas de una forma más estricta. Cuando el criterio era la GS debido al abuelo materno, se obtuvieron clusters que contienen entre dos y cinco explotaciones. El tamaño de los clusters es todavía más pequeño (entre dos y tres rebaños) cuando la GS es debida a los padres. En este caso, la mayoría de las explotaciones dentro del mismo cluster están en la misma comarca. Estos pequeños clusters se pueden unir a través de la GS debido al abuelo paterno, lo cual da lugar a la aparición de tres conjuntos de clusters: el del Ripollés (A₁), el ligado a dos explotaciones de la comarca de Osona (BK y BL) y el ligado a una ganadería del Pallars Sobirà (FA). Además existe una explotación (ZG) que tiene abuelos paternos en común con los tres conjuntos de clusters y que podría servir para conectarlos.

En conclusión, hemos visto que hay una serie de explotaciones que no están conectadas genéticamente con ninguna otra explotación y hay un gran conjunto de explotaciones entre las cuales hay movimiento de animales y existe un cierto grado de GS. Ésta puede provenir de tres vías (compartir toros, compraventa de hembras para reposición y compraventa de machos para reposición). Además hay explotaciones que están conectadas por una vía pero no a través de las otras. El próximo paso será establecer un criterio que tenga en cuenta los tres tipos de conexiones a efectos de decidir qué grupo de explotaciones se evalúan juntas (en un mismo cluster). Una primera alternativa sería el CD de contrastes utilizado por Fouilloix et al. (2008). Estos autores estiman el CD por simulación a partir de un modelo padre debido a que en sus poblaciones se utiliza de forma importante la inseminación artificial, si bien en nuestro caso se tendría que hacer probablemente con un modelo animal para tener en cuenta las conexiones vía abuelo materno.

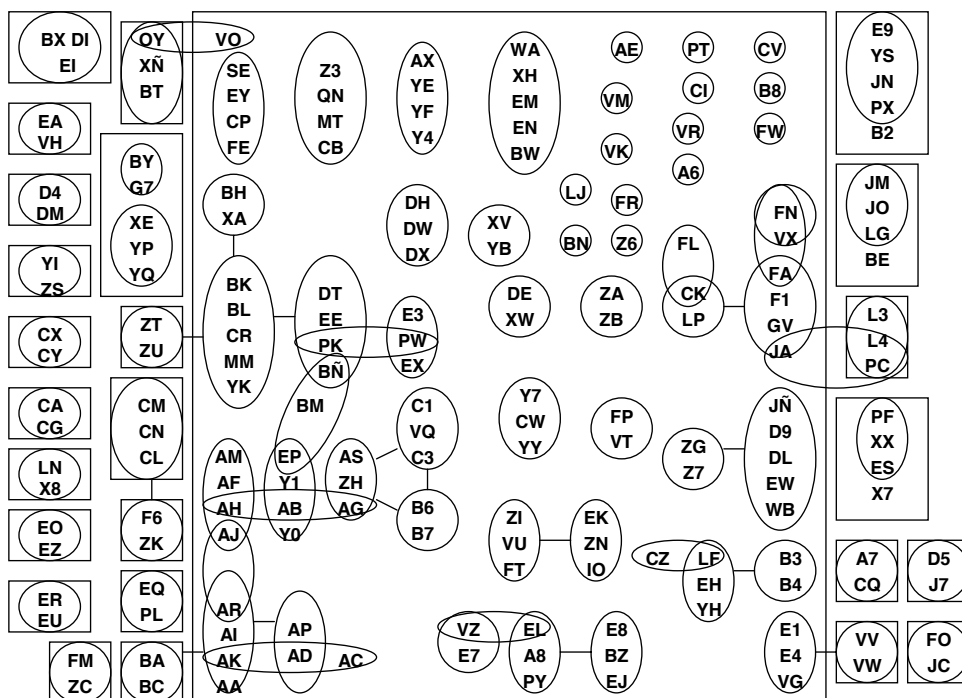


Figura 1. Clusters de explotaciones conectadas. Los clusters ovalados verticalmente (horizontalmente) fueron creados de manera estricta con una $GS_{am} > 5\%$ ($GS_{padre} > 5\%$). Los clusters cuadrados (conectados por una línea) fueron creados de manera laxa con $GS_{am} > 5\%$ ($GS_{ap} > 5\%$).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Fouilloux, M. N., Clément, V., & Laloë, D. 2008. *Genet. Sel. Evol.* 40: 145-159.
- Kuehn, L. A., Lewis, R. M., & Notter, D. R. 2007. *Genet. Sel. Evol.* 39: 225-247.
- Laloë, D. 1993. *Genet. Sel. Evol.* 25: 557-576.
- Laloë, D. & Phocas, F. 2003. *Livest. Prod. Sci* 80: 241-256.
- Rekaya, R., Weigel, K. A., & Gianola, D. 2003. *J. Dairy. Sci.* 86: 1837-1844.
- Thorén Hellsten, E., Jorjani, H., & Philipsson, J. 2008. *Livest. Sci.* 118: 147-156.

Agradecimientos: El programa de Control de Rendimientos ha sido financiado por el *Departament d'Agricultura, Alimentació i Acció Rural*, con la inestimable aportación de los ganaderos de Februpi que han registrado la información.

MEASURING CONNECTEDNESS AMONG HERDS IN BEEF CATTLE UNDER NATURAL SERVICE

ABSTRACT: A procedure to measure connectedness among herds was applied to Bruna dels Pirineus beef cattle breed. It consists of two steps: (a) computing genetic similarity among herds; and (b) building sets of connected herds. Many of the herds were not connected with any other herd but there was a big set of herds with some degree of genetic similarity due to animal exchanges. Genetic similarity came from three different ways (sharing bulls and buying replacement females and males). Herds connected through sires had an average genetic similarity of 20.87%, but it was higher for herds connected through maternal grandsires and paternal grandsires (25.91% and 38.91%, respectively). Once the genetic similarity was calculated, small clusters of 2 to 5 herds were built using an agglomerative clustering method.

Keywords: connectedness, clustering, genetic similarity, beef cattle.