EVALUACIÓN GENÉTICA DE LA FACILIDAD DE PARTO DE LOS SEMENTALES DE VACUNO LECHERO FRISÓN UTILIZADOS EN LA COMUNIDAD AUTÓNOMA DEL PAÍS VASCO.

Alday, S.1; Ugarte, E.2 y Ugarte, C.1

¹ ABEREKIN,S.A. Barrio Arteaga, 25, 48016 Derio (Vizcaya)

² IKT,S.A. Granja modelo de Arkaute. Apartado 48, 01080 Vitoria-Gasteiz (Álava)

1. Introducción

La dificultad al parto es un problema que incide sobre las características reproductivas y productivas del rebaño, aumentando los costes directos e indirectos de la explotación (*Groen et al, 1995*). La caracterización genética de los sementales en cuanto a la transmisión del carácter facilidad de parto (FP) permitiría la clasificación de estos animales para evitar apareamientos que den lugar a partos que ocasionen este tipo de problemas.

En este trabajo se aborda la puesta a punto de la metodología para la valoración genética de este carácter en los sementales de vacuno lechero utilizados en la Comunidad autónoma del País Vasco (CAPV). Para ello se han utilizado tanto la metodología lineal como la umbral.

2. Material y Métodos

Se ha trabajado con 31.548 datos procedentes de la CAPV recogidos en el período comprendido entre 1992 y 1995, ambos inclusive. El carácter se mide en una escala discreta de 5 puntos: 1- parto sin dificultad, 2- parto con asistencia del ganadero, 3- parto con asistencia veterinaria, 4- cesárea y 5- mala presentación del ternero.

Previamente, los datos han sufrido un proceso de depuración en el que, además de los datos erróneos, se han eliminado los partos gemelares y aquellos datos correspondientes a los partos difíciles debidos a presentación anómala del ternero (clase 5 de FP), lo cual no se debe a causas genéticas. Las clases 3 y 4 de facilidad de parto se han agrupado debido a su baja incidencia en la población con respecto a las clases anteriores y porque son las que reflejan los partos problemáticos que el ganadero trata de evitar. En cuanto a la información genealógica, se cuenta en total con 182 toros en el fichero de datos y un total de 368 machos en el de genealogía.

El modelo elegido, tanto para la realización de la valoración genética como en la estimación de las componentes de la varianza, es un modelo macho cuya ecuación es la siguiente:

$$y = X \beta + Z u + \varepsilon$$

donde:

- y es el vector de valores fenótipicos;
- X y Z son las matrices de incidencia de los efectos fijos y genéticos aditivos, respectivamente;
- β es el vector de los efectos fijos, los cuales son:
 - el rebaño-año del parto-controlador, que cuenta con 2.849 niveles;

- el mes de parto, con 12 niveles;
- el número de parto, que tiene 2 niveles (primer parto y posteriores);
- el sexo del animal que nace, de 2 niveles;
- u es el vector de los valores genéticos de los toros, cuya distribución es $N(0, A \sigma_s^2)$, donde A es la matriz de parentesco de los toros y σ_s^2 , la varianza genética de éstos;
- ϵ es el vector de los efectos aleatorios residuales, que siguen una distribución N(0,1 σ_e^2), en la que l es la matriz identidad y σ_e^2 , la varianza residual.

En lo que se refiere a las metodologías a usar, las consultas bibliográficas realizadas reflejaron una mayor adecuación de los modelos umbrales al tratamiento de los caracteres discretos y categóricos (*Gianola and Foulley, 1983; Manfredi et al, 1991*). Sin embargo, son numerosos los países que utilizan la metodología lineal en el tratamiento del carácter FP (*Pedersen et al, 1995; Wade, 1991; Weller et al, 1988*). Por ello, en el presente trabajo se han utilizado ambas metodologías y se han comparado entre sí.

En cuanto a la metodología lineal, se ha utilizado el software desarrollado por *Carabaño* (1988) para la estimación de las componentes de la varianza y el programa PEST (*Groeneveld et al, 1990*) para la estimación de valores genéticos. En lo que se refiere a la metodología umbral, para ambos trabajos se recurrió al programa CMMAT (*Misztal et al, 1989*).

3. Resultados y discusión.

Las estimas de las componentes de la varianza que se obtuvieron a partir de ambos modelos se muestran en la tabla nº3.

Tabla nº3. Estimas de las componentes de la varianza mediante un modelo lineal y un modelo umbral.

MODELO	σ, ²	σ_{\bullet}^{2}	h ²
lineal	0,000768	0,108	0,028
umbral	0,0395	1,000	0,152

La heredabilidad obtenida mediante el modelo lineal es inferior a la resultante del modelo umbral, así como la varianza genética. Este hecho ha sido constatado en otros trabajos y puede ser debido a una mayor adecuación del modelo umbral al tratamiento de los caracteres discretos (Gianola and Foulley, 1983; Weller et al, 1988) o a la propia definición de las clases de FP en las que podría existir cierta confusión en la asignación de las clases 1 y 2 a determinados partos (Manfredi et al, 1991). Por otra parte, estos valores de la heredabilidad se encuentran entre los indicados por otros autores en el caso umbral (Berger, 1994; McGuirk et al, 1995), mientras que en el caso lineal es inferior a lo indicado por unos (Averdunk et al, 1995; Weller et al, 1988) o dentro de los límites mostrados por otros (Manfredi et al, 1991; Pedersen et al, 1995).

Las correlaciones de Pearson y de Spearman no son elevadas, tal y como se muestra en la tabla nº4.

Tabla nº4. Correlaciones entre los valores genéticos obtenidos mediante ambos métodos.

Correlación de Pearson	Correlación de Spearman 0,66	
0,87		

Este hecho supone que la ordenación por mérito genético de los animales variará sustancialmente según sea el método utilizado en la valoración genética de éstos, lo cual difiere de resultados observados en otras publicaciones (*Weller et al, 1988*).

A la vista de estos resultados se ha decidido la utilización del modelo umbral en las evaluaciones genéticas posteriores. La inclusión de un efecto genético materno en dicho modelo sería también conveniente, con el fin de evitar posibles sobreestimaciones de los parámetros genéticos directos (*Manfredi et al, 1991*).

Los valores genéticos obtenidos permitieron una ordenación de los sementales valorados, en la cual se ha basado la presentación de los resultados de la valoración de los sementales. A partir del ranking resultante se ordenan los toros <u>valorados y con datos</u> en 9 clases de FP (*Wade, 1991*), de forma que aquellos toros situados en las tres primeras clases (la 1,2 y 3) no serían los apropiados para utilizarlos sobre las novillas; los toros de las clases 7, 8 y 9, en cambio, se podrían usar sin riesgo en éstas.

Bibliografía

- Averdunk, G.; Aumann, J.; Thaller, G.; Gierdziewicz, M. 1995. Sire evaluation for fertility and calving ease in Germany. INTERBULL open meeting, Prague.
- Berger, P.J. 1994. Genetic prediction for calving ease in the United States: Data, models and use by the dairy industry. J. Dairy Sci. 77:1146-1153.
- Carabaño, M.J. 1988. Ph.D. Thesis. Cornell University. N.Y.
- Gianola, D.; Foulley, J.L. 1983. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. Gen. Sel. Evol. 15(2), 201-224.
- Groen, A.F.; Brandts, A.G.B.M.; Jansen, H.H.; Kenis, E. 1995. Economic value and genetic parameters for calving performance in Dutch dairy cattle breeding. INTERBULL open meeting, Prague.
- Groeneveld, E.; Kovac, M.; Wang, T. 1990. PEST, a general purpose BLUP package for multivariate prediction and estimation. Proceedings of 4th world congress on Genetics applied to livestock production, Vol.XIII, pp.488-491.
- Manfredi, E.; Ducrocq, V.; Foulley, J.L. 1991. Genetic analysis of dystocia in dairy cattle. J. Dairy Sci. 74:1715-1723.
- McGuirk, B.J.; Going, I.; Gilmour, A.R. 1995. *The evaluation of Holstein Friesian sires for calving ease in the UK*. INTERBULL open meeting, Prague.
- Misztal, I.; Gianola, D. and Foulley. 1989. Computing aspects of a nonlinear method of sire evaluation for categorical data. J. Dairy Sci. 72:1557-1568.
- Pedersen, J.; Jensen, J.; Madsen, P. 1995. *Evaluation of calving performance of Danish sires*. INTERBULL open meeting, Prague.
- Wade, K. 1991. The two sides of calving ease. Holstein Journal/April, pp.56-57.
- Weller, J.I.; Misztal, I.; Gianola, D. 1988. Genetic analysis of dystocia and calf mortality in Israely-Holsteins by threshold and linear models. J. Dairy Sci. 71:2491-2501.