

ANALISIS DE LA SELECCION POR CARACTERISTICAS DE CRECIMIENTO EN LA RAZA BRANGUS DE ARGENTINA

Analysis of selection for growth in the Brangus breed of Argentina

Mónica G. Santos C. de Sivak¹, Rodolfo J.C. Cantet¹

INTRODUCCION

La raza Brangus se encuentra ampliamente difundida en las zonas subtropicales y templadas para la producción de carne vacuna en la Argentina. La Asociación Argentina de Brangus acepta distintos grados de mestizaje Angus x Cebú (Nelore o Brahman), siendo los más comunes los 3/8 y 1/2 de genes Cebú. Los animales 3/8 son los más numerosos, siendo seleccionados del mismo modo que en cualquier raza pura. Con el objeto de facilitar la selección y la evaluación genética del semen de toros importados desde los Estados Unidos de América, la Asociación Argentina de Brangus desarrolló un esquema de toma de registros a partir de 1983. En este trabajo se analizan los cambios en el valor de cría o mérito genético promedio en la variedad 3/8 (Cebú 3/8 Aberdeen Angus 5/8), como resultado de la selección voluntaria o involuntariamente practicada por los criadores asociados al programa de registros de la mencionada asociación, para características de crecimiento. Este cambio se evalúa mediante el *diferencial de selección observado* y la *tendencia genética*

¹- Departamento de Zootecnia, Facultad de Agronomía, UBA. Av. San Martín 4453. 1417. Buenos Aires, Argentina. Se agradece a la Asociación Argentina de Brangus por facilitar las predicciones para el análisis. Esta investigación fue financiada con un subsidio de la Secretaria de Ciencia y Técnica de la Universidad de Buenos Aires (proyecto UBACyT AG042, programación 1995-1997).

(Henderson (5); Falconer y Mackay (4)). La metodología de modelos mixtos (Henderson (6)), permite obtener Predicciones Lineales Insegadas de Mínima Varianza para el valor de cría (BLUP(a)) y describir el cambio en el promedio del mérito genético en el tiempo. Van Tassell y Van Vleck (10) y Burnside et al (1) calcularon intervalos generacionales (*IG*) y estimaron *DS* en ganado lechero, empleando las predicciones BLUP(a) calculadas en evaluaciones genéticas nacionales. El objetivo de esta investigación fue calcular los intervalos entre generaciones (*IG*), las tendencias genéticas y los diferenciales de selección observados (*DS*), para los valores de cría de las expresiones directa (*VCD*) y materna (*VCM*) de la característica peso al destete y la expresión directa del peso final (*VCF*), para las vías de padre (*p*) y madre (*m*), en animales de raza Brangus en la Argentina, empleando procedimientos similares a los descritos por Van Tassell y Van Vleck (10) y Burnside et al. (1).

MATERIALES Y METODOS

Base de datos

Las predicciones BLUP(a) usadas para todos los análisis fueron obtenidas del programa PREVAC (8) de la Asociación Argentina de Brangus y provenían de 14 establecimientos comerciales en las provincias de Buenos Aires, Entre Ríos, Córdoba, Santa Fé, Corrientes, Chaco y Santiago del Estero, que corresponden a la zona templada y subtropical de la República Argentina. Los registros fenotípicos pertenecieron a individuos 3/8 Cebú, hijos de 3/8 Cebú, nacidos entre 1979 y 1990. De los 4255 machos y 5094 hembras evaluadas, aproximadamente el 70% correspondió a los últimos cinco

años. Los promedios fenotípicos sin ajustar fueron iguales a 195 ± 36 kg, 378 ± 106 kg, 206 ± 38 días y 538 ± 64 días, para peso al destete, peso final, edad al peso al destete y edad al peso final, respectivamente.

Para analizar los datos de peso al destete se empleó el “modelo animal reducido” con efectos maternos, en base a la metodología propuesta por Cantet *et al.* (2), que incluyó los efectos fijos ambientales sistemáticos de sexo, edad de la madre, edad del ternero y grupo de contemporáneos. Además, se consideraron fijos los efectos del genotipo del animal y de su madre, para tener en cuenta la heterosis individual y materna. Los genotipos incluidos en el análisis fueron: Angus, 1/4 Cebú, 3/8 Cebú, 1/2 Cebú, 5/8 Cebú, 3/4 Cebú y Cebú. Los efectos aleatorios fueron: VCD del ternero ($h_D^2 = 0.24$), VCM de su madre ($h_M^2 = 0.20$) y el error. En el presente trabajo se analizaron solamente los BLUP(a) de los animales 3/8, por ser los más numerosos y los más característicos de la raza en Argentina. La correlación genética aditiva entre VCD y VCM fue igual a -0.27. Para la característica peso final ($h_F^2 = 0.31$) se utilizó un modelo animal (6) que incluyó los efectos fijos de grupo de manejo, edad a la medición del peso final y el genotipo del individuo con registro. Los efectos aleatorios fueron VCF y el error.

Cálculo de los intervalos generacionales

Se calcularon como los intervalos promedio entre la fecha de nacimiento de padres e hijos, fechas extraídas de la base de datos del pedigrí de la raza. El reducido número de abuelos identificados no permitió analizar las vías padres de toros, madres de

toros, padres de vacas y madres de vacas, como calcularon en bovinos de leche Burnside *et al.* (1) y Van Tassell y Van Vleck (10).

Cálculo de las tendencias genéticas

Se calcularon como el promedio de los BLUP(a) de todos los animales evaluados, por año de nacimiento, entre 1979 y 1990 (Henderson (5, 6)). El cambio genético anual fue estimado regresando los BLUP(a) promedio anuales en años.

Cálculo de los diferenciales de selección

Para las dos vías de selección, se calcularon los *DS* mediante la siguiente fórmula:

$$DS = \frac{\sum_{i=1}^n [\text{BLUP}(a_{Si}) - \text{BLUP}(a_{S,i})]}{n} \quad [1]$$

De este modo, *DS* es el promedio de las diferencias entre el BLUP(a_{Si}) del padre o madre selecto (S_i), respecto del BLUP promedio del año de nacimiento del padre o madre previo a la selección (BLUP($a_{S,i}$)). En consecuencia, para cada año de nacimiento, se consideraron las distintas generaciones superpuestas de los individuos 3/8 Cebú, hijos de 3/8 Cebú. En el cálculo de BLUP($a_{S,i}$), se incluyeron todos los individuos nacidos durante el i -ésimo año: padres, madres y animales sin hijos. Los *DS* se expresaron en kg.

RESULTADOS

Intervalo entre generaciones

En el gráfico 1 se presentan los *IG* para las dos vías de selección consideradas. No se observó una tendencia definida en ninguna de las dos vías; los *IG* promedio fueron: 4,9 años para padres y 5,2 años para madres. Koch **et al.** (7) revisaron varios experimentos de selección en bovinos de carne y concluyeron que el *IG* para los toros fue de 2 a 4.3 años y para las vacas de 4.3 a 6.6 años. Sugirieron además que los *IG* en rebaños comerciales tenderían a ser mayores (4,5 a 6 años), lo cual está de acuerdo con los resultados obtenidos en el presente trabajo.

Tendencia genética

En el Gráfico 2 se observan las tendencias genéticas para VCD, VCM y VCF. El VCD mostró una leve tendencia negativa entre 1979 y 1985, que se revirtió a partir de ese momento. No se observó una tendencia definida para VCM. El VCF mostró una tendencia errática hasta 1985, año a partir del cual aumentó considerablemente. Entre 1979 y 1990, los cambios anuales fueron de $0,129 \pm 0,084$ ($P > 0,10$), $-0,022 \pm 0,038$ ($P > 0,10$) y $0,728 \pm 0,16$ ($P < 0,001$), en kg/año para VCD, VCM y VCF, respectivamente. Las tendencias para VCD y para VCF representan un cambio anual (con respecto al promedio fenotípico) de 0,066% y 0,192%. No se encontró en la bibliografía, ninguna referencia sobre tendencias genéticas en Brangus de zonas subtropicales húmedas. Para la raza Nelore en Brasil, el PMGRN (9) informó ganancia anual de 0,13% para peso al destete y de 0,15% para peso a los 550 días, entre 1988 y

1994.

Diferenciales de Selección observados

Predicción del valor de cría directo para peso al destete

Se observó una disminución hasta 1986-1987, tanto para la vía de padres como para la de madres (gráfico 3), si bien los cambios fueron más atenuados en las madres. Hasta 1983, el *DS* de la vía de padres no presentó grandes fluctuaciones. A partir de este año disminuyó marcadamente hasta 1987, año en el cual se revirtió la tendencia.

Predicción del valor de cría materno para peso al destete

Los resultados para las vías de padre y madre se presentan en el gráfico 4. El *DS* de los padres fue, en general, menor que el de las madres. Si bien hasta 1986 mostró valores negativos, la tendencia fue positiva para luego estabilizarse con valores cercanos a cero. El *DS* de las madres no presentó una tendencia definida.

Predicción del valor de cría directo para peso final

Los resultados para ambas vías se observan en el gráfico 5. Hasta 1985 el *DS* disminuyó en la vía de padres; en las madres se observó una tendencia más uniforme, con valores mayores que los de la vía de padres. Entre 1986 y 1990 (70 % de los registros), la tendencia fue positiva y mayor en la vía de padres respecto de la de madres.

DISCUSION

A pesar de la tendencia genética positiva y del valor negativo de la correlación aditiva entre VCD y VCM, no se observó tendencia negativa para VCM. Este comportamiento fue similar al observado por Cunningham y Klei (3) en el Simmental en E.E.U.U. en un estudio observado sobre alrededor de 300.000 datos.

El cálculo de los *DS*, según la ecuación [1], es distinto al realizado por Van Tassell y Van Vleck (10) y Burnside *et al.* (1). Esto se debe a que en el presente trabajo se consideró, para cada individuo, la diferencia entre el BLUP(a) de su padre (madre), respecto del *BLUP(a) promedio de todos los individuos nacidos en el mismo año del padre (madre)*. Burnside *et al.* (1) estimaron el *DS* observado como la diferencia promedio entre el *BLUP(a) de los padres de los individuos por año y el BLUP(a) promedio de todas las vacas nacidas un intervalo generacional antes*, procedimiento similar al empleado por Van Tassell y Van Vleck (10). Ambos trabajos consideraron poblaciones base que no incluyeron los individuos selectos, tendiendo a subestimar el verdadero BLUP(a) promedio del año de nacimiento del padre (madre). En consecuencia, podrían sobrestimar los verdaderos *DS* observados. Además, la ecuación [1] tiene en cuenta la superposición de generaciones, al considerar que, en cada año de nacimiento, los individuos poseen padres de diferente edad, que pertenecen a generaciones con distinto valor de cría promedio.

En la vía de padres, las tendencias de los *DS* para VCD y VCM fueron opuestas, consecuencia de la correlación genética negativa entre ambos valores de cría. La vía de madres presentó una tendencia semejante a la de los padres, pero más suave, para VCD y no mostró tendencia definida para VCM. Estas tendencias contrapuestas se observaron

más claramente en los padres, puesto que en esta vía fue mayor el grado de selección para VCD. Como la selección para VCD en las madres fue en general menor y más uniforme a lo largo del tiempo, se afectó en menor grado el *DS* para VCM, o no se observaron las fluctuaciones que existieron en los padres. Los resultados para VCF indicarían que, hasta 1985, existió una selección negativa en los padres, no habiendo selección en las madres. Posteriormente, la selección fue positiva y de mayor magnitud en la vía de padres que en la de madres.

CONCLUSIONES

1. Los mayores valores anuales de *IG* para la vía de madres determinaron un mayor *IG* promedio en esta vía (5.2 años), con respecto a la de padres (4.9 años), resultados esperables en bovinos de carne.
2. Los resultados de tendencia genética entre 1979 y 1990 fueron 0,129, -0,022 y 0,728 kg/año para VCD, VCM y VCF, respectivamente. Las tendencias para VCD y VCF representan un cambio anual (con respecto al promedio fenotípico) de 0,066% y 0,192%, respectivamente. A pesar de esta tendencia genética positiva y de la correlación genética negativa entre VCD y VCM, no se observó tendencia negativa para VCM.
3. El *DS* propuesto tiene en cuenta la diferencia genética entre individuos y las distintas generaciones superpuestas.
4. Los *DS* para VCD y VCM mostraron tendencias opuestas, consecuencia de la correlación genética negativa; esto se observó más claramente en los padres.
5. En el VCF existió, hasta 1985, una selección negativa en los padres y ausencia

de selección en las madres. Posteriormente ambas vías de selección mostraron *DS* positivos, siendo mayores en los padres.

RESUMEN

El objetivo del presente trabajo fue calcular el intervalo entre generaciones (*IG*), las tendencias genéticas y los diferenciales de selección (*DS*) observados de animales Brangus 5/8 (Cebú 3/8, A. Angus 5/8). Los datos provinieron de 14 rebaños pertenecientes a la Asociación Argentina de Brangus, ubicados en las zonas subtropical húmeda y templada de Argentina. Para las características peso al destete y peso a los 18 meses, se analizaron los valores de cría predichos para las expresiones directa (VCD) y materna (VCM) de peso al destete y la expresión directa de peso final (VCF), para las vías de padre (**p**) y madre (**m**). El análisis se realizó con 4.255 predicciones BLUP del valor de cría (BLUP(a)) para **p** y 5094 para **m**, entre 1979 y 1990. Los promedios fenotípicos sin ajustar fueron: 195 ± 36 kg, 378 ± 106 kg, 206 ± 38 días y 538 ± 64 días, para peso al destete, peso final, edad al peso al destete y edad al peso final, respectivamente. Los parámetros de dispersión usados en el cálculo de los BLUP(a) fueron $h_D^2 = 0.24$, $h_M^2 = 0.20$, $r_{VCD,VCM} = -0.27$ y $h_F^2 = 0.31$. Los estadísticos calculados fueron: 1) Intervalo entre generaciones (*IG*, años), 2) Tendencia genética (kg) y 3) Diferencial de selección observado (*DS*, kg). Los *IG* fueron: $IG_p = 4.9$ e $IG_m = 5.2$ años. Las tendencias genéticas entre 1985 y 1990 fueron 0,129, -0,022 y 0,728 kg/año para VCD, VCM y VCF, respectivamente. Las tendencias para VCD y VCF representaron un cambio anual (con respecto al promedio fenotípico) de 0,066% y 0,192%,

respectivamente. Dada la correlación genética negativa entre VCD y VCM, sus *DS* mostraron tendencias opuestas, lo cual se observó más claramente en los padres. Hasta 1985, el VCF mostró una selección negativa en los padres y ausencia de selección en las madres; posteriormente los *DS* fueron positivos en ambas vías, siendo mayores en los padres.

Palabras clave: intervalo entre generaciones, tendencia genética, diferencial de selección observado, predicciones *BLUP*, Brangus, características de crecimiento.

SUMMARY

The goal of this research was to calculate generation intervals (*IG*), genetic trends and realized selection differentials (*DS*) in Brangus 5/8 (Zebu 3/8, Angus 5/8). Data were originated in 14 herds from Asociación Argentina de Brangus, from the humid subtropics and temperate regions of Argentina. Traits analysed were direct weaning weight (VCD), maternal weaning weight (VCM) and 18 months weight (VCF), for the sire (**p**) and dam (**m**) selection pathways. The analysis included 4.255 BLUPs of breeding value (BLUP(a)) for **p** and 5.094 for **m**, which were taken between 1979 and 1990. Unadjusted phenotypic averages were: 195 ± 36 kg, 378 ± 106 kg, 206 ± 38 days and 538 ± 64 days, for weaning weight, final weight, age at weaning weight and age at final weight, respectively. Dispersion parameters used to calculate BLUP(a) were $h_D^2 = 0.24$, $h_M^2 = 0.20$, $r_{VCD,VCM} = -0.27$ and $h_F^2 = 0.31$. Statistics calculated were: 1) Generation intervals (*IG*, years), 2) Genetic trends (kg) and 3) Realised selection differentials (*DS*, kg). *IG* values were: $IG_p = 4.9$ and $IG_m = 5.2$ years. Genetic trends

between 1979 and 1990 were 0,129, -0,022 and 0,728 kg/year for *VCD*, *PDM* and *PF*, respectively. The trends for *PDD* and *PF* represented an annual change of 0,066% and 0,192 % of the respective phenotypic averages. *DS* of *PDD* and *PDM* showed opposite trends, as a consequence of the negative genetic correlation between both traits. This was more clearly seen for the sire pathway. Until 1985, *PF* was negative for the sire pathway and there was no trend for the dam pathway; since 1986 *DS* were positive in both pathways, being greater for the one belonging to the sires.

Key words: generation interval, genetic trend, realized selection differential, *BLUP* predictors, Brangus, growth traits.

BIBLIOGRAFIA

1. BURNSIDE, E. B.; JANSEN, G. B.; CIVATI, G. y DADATI, E. Observed and theoretical genetic trends in a large dairy population under intensive selection. *J. Dairy Sci.* 75: 2242-2253. 1992.
2. CANTET, R.J.C.; SCHAEFFER, L.R. y C. SMITH. Reduced Animal Model with Differential Genetic Grouping for Direct and Maternal Effects. *J. Anim.Sci.* 70: 1730-1741. 1992.
3. CUNNINGHAM, B.E. y L. KLEI. Performance and Genetic Trends in Purebred Simmental for Regions of the United States. *J. Anim. Sci.* 73:2540-2547. 1995.
4. FALCONER, D.S. y T.F.C. MACKAY. Introduction to quantitative genetics.

Longman, Reino Unido. 4ª Ed. 454 pág. 1996.

5. HENDERSON, C.R. Sire evaluation and genetic trends. Proc. Anim. Breed. and Genet. Symp. (in honor of Dr. J.L. Lush). 29/7/1972. Virg. Polytechnic Inst. and St. Univ. Blacksburg, VA, pp 10-41. 1973.

6. HENDERSON, C.R. Applications of linear models in Animal Breeding. University of Guelph, Ontario, Canada. 462 pág.1984.

7. KOCH, R. M.; GREGORY, K. E. y CUNDIFF, L. V. Critical analysis of selection methods and experiments in beef cattle and consequences on selection programs applied. Proceedings of the Second World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Madrid. 5:514-526. 1982.

8. PREVAC. Programa de predicción del valor de cría. Sumario de Padres. Asociación Argentina de Brangus. 41 pág. 1992.

9. PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DA RAÇA NELORE. Avaliação genética de touros, matrizes e animais jovens. Sumário. Departamento de Genética. Faculdade de Medicina de Ribeirão Preto. Universidade de São Paulo. Brasil.73 pág.1995.

10. VAN TASSELL, C. P. y VAN VLECK, E. D. Estimates of Genetic Selection Differentials and Generation Intervals for Four Paths Selection. J. Dairy Sci. 74:1078-1086. 1991.