

ANÁLISIS DE LA FERTILIDAD AL PRIMER SERVICIO EN NOVILLAS DOBLE PROPÓSITO BAJO UN MODELO ANIMAL

Analysis of Heifer's First Service Fertility in Dual Purpose Cattle Under an Animal Model

Rafael Román ^{1*}, José Aranguren-Méndez ^{1*}, Yenen Villasmil-Ontiveros ¹, Luis Yáñez ¹ y Eleazar Soto-Belloso ²

¹Laboratorio de Evaluación Genética Animal. ²Grupo de Investigadores de la Reproducción Animal de la Región Zuliana – GIRARZ. Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad del Zulia. Apdo. 15252. Maracaibo, Venezuela.

* E-mail: rafaelromanbravo@prodigy.net.mx - atilio.aranguren@fcv.luz.edu.ve

RESUMEN

Con el objeto de evaluar la fertilidad al primer servicio (FPS) de novillas doble propósito se llevó a cabo una investigación a partir de la información obtenida de dos rebaños comerciales. Se utilizó un total de 6.823 registros provenientes de animales cruzados. La variable respuesta fue FPS de las novillas. Los análisis fueron realizados bajo dos enfoques: frecuentista y Bayesiano. Para el primero se utilizó un modelo animal simple que incluía los efectos fijos discretos de rebaño, grupo racial y año-época de servicio, así como las covariables edad al primer servicio y peso al destete, ambos en forma cuadrática. Además, incluyó los efectos aleatorios genético aditivo directo del animal y el del error. En el primer caso, los análisis se realizaron con el programa MTDFREML. Mientras que en el segundo caso, los datos fueron analizados con el mismo modelo animal en forma umbral univariado, para lo cual fue usado el programa MTGSAM. Bajo este último enfoque, el tamaño de la cadena de muestreo, el período de entrenamiento y el filtrado fueron aproximados con el programa GIBBSIT, en tanto que el análisis de la distribución posterior de las muestras fue realizado con el programa GIBANAL. La longitud total de la cadena fue de 136.000 muestras, descartándose las primeras 1.000 y estableciéndose un filtrado de cada 14^{vo} elemento de la secuencia. El porcentaje global de FPS fue de 65%. Bajo el enfoque frecuentista, el índice de herencia fue de $0,03 \pm 0,02$, el cual al ser transformado a la escala normal subyacente correspondió a 0,05, mientras que bajo el enfoque Bayesiano el análisis de las 9.642 muestras reflejaron que la media de la distribución posterior del índice de herencia fue de 0,0735; la mediana de la misma distribución fue de 0,0650, con estimadores en el rango entre 0,0130 y 0,2270. Se concluye que la selección por esta variable sólo podría producir cambios muy lentos en la población.

Palabras clave: Umbral, modelo animal, fertilidad, novillas, doble propósito, bovino.

ABSTRACT

In order of evaluating first service fertility (FPS) on dual purpose heifers, this research was carry out with the electronic records from two commercial herds. A total of 6,823 records from crossbred animals. The response variable was first service fertility of the heifers. The analyses were realized under two approaches: classic and Bayesian. For the classic analysis, it was used a simple animal model that included the discrete fixed effects of herd, breed group and year-season of service, as well as the covariates age at the first service and weaning weight, both in quadratic form. In addition, it included the random additive direct genetic effect of the animal and the residual. In the first case, the analyses were realized with the program MTDFREML. Whereas in the second case, the data were analyzed with the same model animal in a threshold form, for which was used the program MTGSAM. Under this approach the size of the sampling chain, the burn in period and the thinning rate were approximated with GIBBSIT program, whereas the analysis of posterior distribution of the sampling chain were realized with program GIBANAL. The overall length of the chain was 136,000 samples, discarding the first 1,000 and settling down a thinning rate retaining each 14th element of the sequence. The global percentage of FPS was of 65%. Under the classic approach the heritability was 0.03 ± 0.02 , which once transformed to the underlying normal scale raised to 0.05. Meanwhile under the Bayesian approach the analysis of the 9,642 samples reflected that the average of the posterior distribution of the heritability was 0.0735; the median of the same distribution was 0.0650, with estimators in the rank between

0.0130 and 0.2270. Selection for this variable could only produce very slow changes in the population.

Key words: Threshold, animal model, fertility, heifers, dual purpose, cattle.

INTRODUCCIÓN

En las explotaciones bovinas (*Bos taurus-indicus*) las características reproductivas son de primordial importancia, en particular la fertilidad al primer servicio (FPS), por cuanto repercute significativamente en la productividad de la empresa ganadera. Por ejemplo, en el ganado de carne, tanto en centros de cría como en las explotaciones comerciales, la FPS capacita para la obtención de una cría potencial que se traducirá en ingresos directos por venta de animales, así como para generar los reemplazos que garanticen un programa de mejoramiento genético eficiente. Aunque con otro enfoque, estos aspectos también son válidos en los rebaños de doble propósito, ya que los ingresos del sistema dependen de la venta de leche y carne, de manera que la FPS incide sobre el inicio de la vida productiva. Se han sugerido otras medidas para evaluar la fertilidad en el ganado tales como: preñez de la novilla [7, 11, 13], la tasa de nacimientos [8], partos a la primera inseminación artificial (IA) [10], la tasa de no retorno [12], tasa de preñez al final de la temporada de monta [4] y éxito a la primera inseminación [23], entre otras.

En sistemas de producción con programas de monta controlada, los valores bajos de FPS incrementan la probabilidad que una hembra permanezca improductiva durante todo un año y, en el caso de aquellos con programas de IA, se incrementan los costos variables, traducándose en una disminución de la rentabilidad.

Con base en estos aspectos, se han hecho investigaciones con el objeto de estimar los índices de herencia de características reproductivas, para determinar la conveniencia de incorporarlas en programas de mejoramiento genético a través de selección. Sin embargo, la mayoría de las investigaciones coinciden que, en tales características, la magnitud de la varianza genética es muy baja y en general muy próxima a cero. En una revisión de investigaciones sobre medidas de fertilidad de vacas y de novillas por análisis fraternales y cuadrados mínimos de 51 investigaciones en vacas, los índices de herencia reportados fluctuaron en el rango entre 0 y 0,17. Sin embargo, el 1,9% de tales estimadores fueron muy inferiores a 0,05. En referencia a la fertilidad de las novillas, en 30 investigaciones solamente 3 presentaron valores superiores a 0,05 [2].

Las características como la FPS tienen una expresión fenotípica con una distribución discreta, en este caso binomial, pero dicha expresión está determinada por varios *loci* y factores ambientales, lo que origina una distribución subyacente en la escala normal continua. La conexión entre ambas distribuciones se hace mediante una transformación, usando la altura de la ordenada de la distribución normal, valor tabulado, que

representa el umbral que separa, en este caso, los animales preñados de los vacíos [14].

El análisis de este tipo de características es complejo, por cuanto no se cumplen los supuestos convencionales del análisis de varianza, ya que la media y la varianza están relacionadas. El análisis de estos datos se puede realizar sobre los 0 y 1, por cuadrados mínimos ordinarios, cuando no hay variables independientes continuas o no se ajustan constantes dentro de las subclases. Cuando éste es el caso, las subclases menores son ajustadas automáticamente por el número de observaciones. A menudo, los datos están presentados como porcentajes, como los encontrados en la tasa de preñez por toro. En este caso se debe proceder al análisis por cuadrados mínimos ponderados, siendo el factor de ponderación el número de observaciones en la subclase [17]. Sin embargo, este autor demuestra que ambos análisis son equivalentes.

El modelo animal ha sido usado también para el análisis de este tipo de características y posteriormente, como en el caso anterior, se hace una transformación del índice de herencia con la fórmula propuesta por Dempster y Lerner [9], produciendo estimadores superiores a los encontrados por estas dos metodologías [5, 8, 19], incluso pueden ser superiores a 1,0 [21].

El modelo umbral se ha convertido en la herramienta metodológica de elección para el análisis de datos discretos en el campo del mejoramiento genético animal. Existe una literatura amplia de sus bases teóricas, implementación y aplicación [15, 16, 18, 28].

Los resultados de investigaciones sobre medidas de índices de herencia de la fertilidad en estaciones experimentales, en donde las condiciones ambientales son más controladas, son bajos [5, 19], aunque han sido reportados valores superiores a 0,20 [7, 11]. Así mismo, con datos de campo en donde las condiciones de manejo son más variables, aunque generalmente con cantidades mayores de datos, es común encontrar estimadores en donde la magnitud de la varianza genética aditiva con relación al total sea inferior a 0,05 [10, 12, 23]. Aunque también se han reportado estimadores superiores a 0,10 [4, 13].

En términos generales, muchas investigaciones apoyan la tesis que la variabilidad genética para las características reproductivas es baja y, por tanto, no deberían incluirse en programas de selección, ya que la tasa de respuesta debería ser mínima. Sin embargo, otras afirman que las posibilidades de inclusión en programas de selección son factibles y de hecho se han reportado experimentos de selección para características reproductivas [29]. Además, algunos países como Estados Unidos están adoptando programas nacionales de evaluación de la fertilidad del ganado lechero, bajo la metodología del modelo animal y usando una medición indirecta de la tasa de preñez [26].

El objetivo de esta investigación consistió en estimar los componentes de varianza y los parámetros genéticos derivados para la FPS como medida de fertilidad de las novillas bajo los enfoques frecuentista y Bayesiano basados en un modelo animal.

MATERIALES Y MÉTODOS

Registros

Los registros usados en esta investigación provienen de animales cruzados de dos fincas de la Agropecuaria Santa Ana C.A. ubicadas en el estado Zulia, al oeste de Venezuela. Estos animales provienen del cruzamiento alterno entre las razas Holstein (rojo) y Brahman (rojo) y en la actualidad, en ambas fincas, se pueden observar dos grupos raciales bien definidos y que en promedio tienen una composición de 2/3 de la raza del padre y 1/3 de la raza del abuelo. Sin embargo, en este estudio se estructuraron nueve grupos raciales con la investigación retrospectiva de las genealogías. Detalles del programa de cruzamiento, programa de manejo y datos generales de las fincas pueden ser encontrados en publicaciones previas [1, 22].

Sólo fueron usados los datos de hembras en su primera experiencia reproductiva, que consistieron de un total de 6.823 novillas, registradas en el período 1993 a 2008. De cada una se requería que tuviera la identificación de ambos progenitores, definición de las fechas de nacimiento, destete, reproducción, el peso al destete e identificación de número de servicios por concepción.

Los meses del año en que ocurrieron los servicios fueron agrupados en cuatro épocas a saber: época 1, comprende los meses de diciembre, enero, febrero, marzo y abril; época 2 con los meses de mayo y junio; época 3 con los meses de julio, agosto y septiembre y la época 4 con los meses de octubre y noviembre. Posteriormente, con los años se formaron 58 combinaciones año-época de servicio [1].

La variable respuesta fue FPS, expresada en forma binomial, asignándosele 1 si la preñez se produjo al primer servicio o 0 para cualquier otro resultado. La comprobación de la preñez se realizó por palpación rectal.

Análisis estadísticos

Para el análisis bajo el enfoque frecuentista se utilizó el conjunto de programas MTDFREML [3], el modelo lineal mixto usado correspondió al de un análisis univariado implementado bajo un modelo animal. En notación matricial, el modelo puede ser representado como:

$$y = X\beta + Za + e$$

Donde y es vector de observaciones de dimensión 6.823×1 ; β es un vector de efectos fijos y dimensión 73×1 , en este caso incluyó los efectos discretos de finca, año-época de reproducción, grupo racial, las covariables peso al destete (cuadrático) y edad al servicio (cuadrático); a es un vector de efectos aleatorios de dimensión 10.474×1 , al incluir los animales sin registros; e es el vector de efectos residuales aleatorios de dimensión 6.823×1 . Por otro lado, X es una matriz de incidencia con ceros y unos que relaciona registros con efectos fi-

jos y de dimensión 6.823×73 al aumentarla con las covariables incluidas en el análisis; Z es una matriz de incidencia de ceros y unos que relaciona registros con el efecto aleatorio del animal, con dimensión 6.823×10.474 .

Se asume que $E(y) = X\beta$; $E(a) = E(e) = 0$ y que los efectos residuales, los cuales incluyen los efectos residuales aleatorios y los efectos genéticos no aditivos, se distribuyen independientemente con varianza σ_e^2 . En consecuencia, $\text{Var}(e) = I$ $\sigma_e^2 = R$; siendo σ_a^2 la varianza genética aditiva directa: $\text{Var}(a) = A$ $\sigma_a^2 = G$, y la covarianza entre los efectos aleatorios es $\text{Cov}(a,e) = 0 = \text{Cov}(e,a)$, donde A es el numerador de la matriz de relación genética aditiva entre individuos. Por lo tanto, $\text{Var}(y) = V = \text{Var}(Za + e) = ZGZ + R$.

El índice de herencia estimado con los componentes de varianza obtenidos según este modelo en la escala observada fue transformado a la escala subyacente siguiendo la fórmula propuesta por Dempster y Lerner [9], según la cual:

$$h_{sub}^2 = h_{bin}^2 \left[\frac{\rho(1-\rho)}{z^2} \right]$$

donde h_{sub}^2 y h_{bin}^2 refieren a las escalas subyacente y binaria, respectivamente y z es la altura de la ordenada en el punto de truncamiento.

Para el análisis Bayesiano, el modelo fue idéntico cambiándose sólo la base conceptual y metodológica [27, 28].

Programas

Se utilizaron los programas MTGSAM en su versión umbral, así como los programas de utilidad PULLDAT y HERITCOR [27, 28], con la finalidad de procesar los archivos de salida con las secuencias de la distribución posterior de los componentes de varianza y los parámetros derivados; el conjunto de programas MTDFREML; la versión 2,0 de GIBBSIT [20] y la versión 2,10 de GIBANAL [25], todos ellos escritos en Fortran. Para obtener los archivos ejecutables, los programas fueron compilados con el Fortran g77 de GNU, con la excepción del MTDFREML que fue compilado con el IFORT de intel®. Todos los archivos ejecutables fueron desarrollados en un computador ACER Travelmate 4072 EUA, bajo el sistema operativo LINUX, con la versión 8,04 de Ubuntu.

Los archivos de datos fueron preparados con el programa estadístico SAS [24], y se usó la aplicación FROMDOS, para adecuar los archivos de datos del sistema operativo Windows al Linux.

Inicialmente, se ejecutó el programa MTGSAM [27, 28] para generar una cadena de 50.000 muestras, sobre la cual se ejecutó el programa GIBBSIT [20], dejándose todas las muestras generadas. Los resultados indicaron que convendría coleccionar cada 14^{vo} elemento de la cadena (kthin), que el número de muestras a descartar antes de que los valores pudieran ser considerados como muestras representativas de la distribución

posterior de los parámetros, debería ser 798 y que en total correspondería generar una cadena de 134.799. Por lo que se decidió en forma conservativa, descartar las primeras 1.000 muestras, tomar cada 14^{vo} elemento de la secuencia y generar una cadena de 135.000 muestras para los análisis posteriores con GIBANAL [25].

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la TABLA I se presentan los estimadores de la varianza aditiva, la varianza ambiental y las proporciones de éstas con respecto a la variación total, obtenidas bajo el enfoque frecuentista por medio del modelo animal univariado (MTDFREML) [3], así como las medias de la distribución posterior de estos parámetros, obtenidos con el mismo modelo bajo el enfoque Bayesiano (MTGSAM) [27, 28]. El índice de herencia obtenido con el enfoque Bayesiano fue 244,67% superior al encontrado al utilizar el enfoque frecuentista. Los estimadores obtenidos por la vía del modelo umbral son superiores a los de modelos lineales [5, 6, 8, 19].

Cuando el índice de herencia de la característica FPS, expresado en la escala binaria fue transformado a la escala subyacente [9], con una proporción de 0,65 en la FPS, el parámetro calculado fue 0,05, siendo el valor del estimador por la vía del modelo umbral 166,67% superior al de la escala binaria. Valores superiores en la escala subyacente han sido reportados previamente [5, 8, 19]. Sin embargo, el estimador transformado representa sólo el 67,57% del valor obtenido por el modelo umbral. La transformación del índice de herencia de la característica binaria al índice de herencia en la escala subyacente es sólo una aproximación, ya que la última por lo general es sobrestimada [6]. Además, el sesgo positivo incrementa a medida que la incidencia de la característica binaria incrementa [6].

El estimador por la vía del modelo umbral es superior al reportado previamente con datos de campo [23], para la preñez al primer servicio, pero en ese estudio es más probable un margen de error pues la preñez de la novilla, codificado como éxito o fracaso, fue estimada usando el promedio de la duración de la gestación y el número de días al parto. Por otro lado, el estimador es superior al valor reportado de la fertilidad, medida como éxito al parto para rebaños comerciales Angus en la zona templada de Australia [10], pero esta variable incluye a los animales que quedaron preñados con dos o más servicios y, en consecuencia, favorecería a las novillas con cualquier falla de origen genético para concebir. Sin embargo, el estimador obtenido es considerablemente inferior al reportado para rebaños comerciales [4], quienes además reportan una tasa de preñez al primer servicio muy similar a la encontrada en este estudio.

Todo indica que el valor del índice de herencia continúa siendo bajo y que las posibilidades de respuesta a la selección son mínimas. Sin embargo, parece probable que la estimación directa por la vía del muestreo Gibbs, sea más ade-

TABLA I
ESTIMADORES DE LOS COMPONENTES DE VARIANZA GENÉTICA ADITIVA (σ_a^2), AMBIENTAL (σ_e^2), ÍNDICE DE HERENCIA (h^2) Y PROPORCIÓN DE LA VARIANZA AMBIENTAL (e^2) SEGÚN MTDFREML Y MEDIAS DE LA DISTRIBUCIÓN POSTERIOR DE LOS MISMOS ESTIMADORES SEGÚN MTGSAM PARA LA FERTILIDAD AL PRIMER SERVICIO EN NOVILLAS MESTIZAS DOBLE PROPÓSITO / ESTIMATES OF THE ADDITIVE GENETIC (σ_a^2), AND ENVIRONMENTAL VARIANCE COMPONENTS (σ_e^2), HERITABILITY (h^2) AND PROPORTION OF THE ENVIRONMENTAL VARIANCE (e^2) ACCORDING TO MTDFREML AND MEANS OF THE POSTERIOR DISTRIBUTION OF THESE ESTIMATES ACCORDING TO MTGSAM FOR FIRST SERVICE FERTILITY ON DUAL PURPOSE HEIFERS.

Estimador	Programa	
	MTDFREML	MTGSAM
σ_a^2	0,0065	0,0834
σ_e^2	0,2105	1,0000
h^2	0,03 ± 0,02	0,0734
e^2	0,97 ± 0,02	0,9264

TABLA II
ESTIMADORES DE LA MEDIA, MEDIANA, MODA, MÍNIMO Y MÁXIMO, DE LA DISTRIBUCIÓN POSTERIOR DE LA PROPORCIÓN DE VARIANZAS ADITIVA Y AMBIENTAL EN RELACIÓN AL TOTAL, PARA EL TOTAL DE MUESTRAS, DURANTE LA FASE ESTACIONARIA CON UN FILTRADO DE CADA 14^{VA} SECUENCIA (9642) Y FILTRADO DE CADA 282^{VA} SECUENCIA (35) PARA LA FERTILIDAD AL PRIMER SERVICIO EN NOVILLAS MESTIZAS DOBLE PROPÓSITO / MEAN, MEDIAN, MODE, MINIMUM AND MAXIMUM ESTIMATES FOR THE POSTERIOR DISTRIBUTION OF THE PROPORTIONS OF THE ADDITIVE GENETIC AND ENVIRONMENTAL VARIANCE COMPONENTS FOR ALL SAMPLES, WITHIN THE STATIONARY PHASE WITH THINNING RATE OF EVERY 14TH SAMPLE POINT (9642), AND THINNING RATE OF EVERY 282TH SAMPLE POINT (35) FOR FIRST SERVICE FERTILITY ON DUAL PURPOSE HEIFERS.

	h^2			e^2		
	N	Media	Moda	Mínimo	Máximo	
N	135.000	9.642	35	135.000	9.642	35
Media	0,0736	0,0735	0,0736	0,9264	0,9265	0,9264
Moda	0,0490	0,0519	0,0575	0,9510	0,9482	0,9426
Mediana	0,0654	0,0650	0,0635	0,9346	0,9350	0,9345
Mínimo	0,0130	0,0130	0,0210	0,7730	0,7730	0,8360
Máximo	0,2270	0,2270	0,1640	0,9870	0,9870	0,9790

cuada que la obtenida por el modelo lineal, aún en el caso de la transformación.

En la TABLA II se presentan el número de muestras (N), la media, moda, mediana, así como los valores mínimos y máximos para la fracción de la varianza aditiva (h^2) con respecto a la variación total, correspondientes a la distribución posterior de esos parámetros. En la primera columna, bajo el encabeza-

do h^2 aparecen los estadísticos para las 135.000 secuencias después de un entrenamiento de 1.000 muestras. Estos resultados provienen de la ejecución del programa de utilidad HE-RITCOR y procesados con GIBANAL [25].

Se observó una alta dependencia entre los elementos de la cadena de muestreo en la columna 1 con una correlación serial de 0,999. Esta se redujo a 0,992 en el análisis de la fase estacionaria hasta que finalmente se hicieron virtualmente independientes luego de retener cada 282^{vo} elemento de la cadena.

Para las 135.000 muestras, la media de la distribución posterior del índice de herencia fue de 0,0736, con mediana ubicándose a su izquierda y la moda a la izquierda de la mediana. La mediana fue sólo el 88,86% del valor de la media. De esto se concluye que la distribución posterior del índice de herencia resultó asimétrica con un sesgo positivo y una cola hacia la derecha. Esto puede verse en la FIG. 1, en donde se ilustran los valores del h^2 y expresado en porcentaje en contra de las frecuencias. Por otro lado, se observó que los h^2 y de las muestras oscilaron en un rango relativamente amplio. La forma de la distribución posterior del índice de herencia mostrado en este estudio es parecido a los histogramas presentados previamente [11, 13], para la preñez de las novillas al primer servicio. Sin embargo, el rango de valores reportados por esos investigadores es mucho más amplio que el encontrado en el presente trabajo.

Un comportamiento similar fue observado en la fase estacionaria con las 9.642 muestras con cambios muy ligeros en los valores de los parámetros. Así mismo, las 35 muestras que indican independencia entre los valores son bastantes parecidas con cambios más apreciables en los valores máximos y mínimos, y consecuentemente haciendo la distribución más simétrica.

El índice de herencia de la FPS debería tomarse como 0,07, ya que los valores de la media y la mediana redondeados a dos cifras significativas coinciden. Además, para distribuciones asimétricas la mediana es un estadístico de tendencia central más apropiado. Se debe concluir que la cantidad de varianza genética aditiva para la FPS es relativamente baja y, en consecuencia, la tasa de respuesta a la selección en esta variable debería ser muy lenta al incorporarla a programas de selección. En su defecto, los productores y técnicos deberían encaminar sus esfuerzos a mejorar los factores ambientales que pudieran estar ocasionando variación en esta variable. Esto es, mejorar la técnica de la inseminación artificial, implementar o revisar los programas de detección de celo y mejorar las condiciones de alimentación de los animales.

Los valores del índice de herencia reportados acá son inferiores a los reportados en investigaciones previas [4, 11], pero superiores a otros [10, 12, 23].

El comportamiento de la varianza ambiental se puede apreciar en la TABLA I, la cual representó en el caso del análisis frecuentista el 97% de la variación en la FPS y, en el caso del enfoque Bayesiano, la misma representó en promedio el 92,64%. En la TABLA II se presenta bajo el encabezado e^2 , en las columnas 4, 5 y 6, los resultados obtenidos para la proporción de la varianza ambiental con respecto al total, estimadas con los componentes de varianza de la distribución posterior. Los mismos se presentan en el orden dado para el caso del índice de herencia.

Con valores del índice de herencia tan bajos de 0,07, sería discutible la incorporación de esta característica en programas de selección para incrementar la fertilidad de la novilla. En este caso, para el mejoramiento de esta característica tendría prioridad la adecuación de las condiciones ambientales y

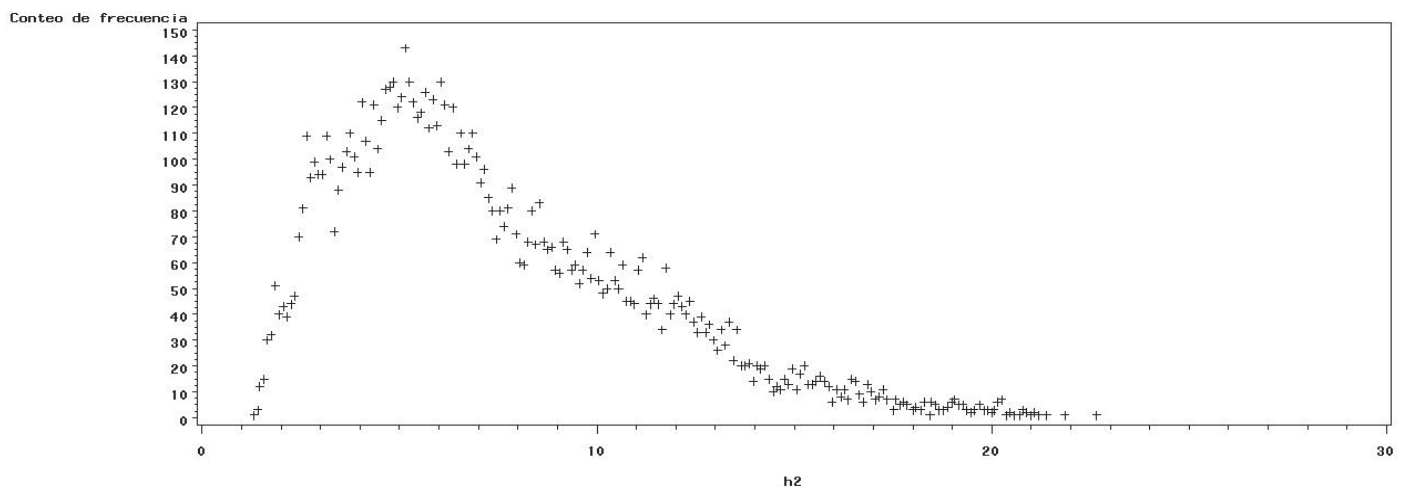


FIGURA 1. DISTRIBUCIÓN POSTERIOR DE LAS MEDIAS DEL ÍNDICE DE HERENCIA PARA LA FERTILIDAD AL PRIMER SERVICIO EN NOVILLAS DOBLE PROPÓSITO, ESTIMADAS POR MEDIO DE UN MODELO ANIMAL UMBRAL/ POSTERIOR DISTRIBUTION FROM HERITABILITY MEANS TO FIRST SERVICE FERTILITY DUAL PURPOSE HEIFER, ESTIMATED BY MEAN AN UMBRAL ANIMAL MODEL.

TABLA III
NÚMERO DE OBSERVACIONES Y ESTIMADORES DE LA MEDIA, MODA, MEDIANA, MÍNIMO Y MÁXIMO, LA VARIANZA ADITIVA σ_a^2 PARA LA FPS, PARA EL TOTAL DE MUESTRAS (135000), DESPUÉS DE UN FILTRADO TOMANDO CADA 14^{VO} ELEMENTO DE LA CADENA (9642) Y DURANTE LA FASE ESTACIONARIA CON UN FILTRADO TOMANDO CADA 282^{VO} ELEMENTO DE LA CADENA / NUMBER OF OBSERVATIONS AND ESTIMATES OF THE MEAN, MODE, MEDIAN, MINIMUM AND MAXIMUM FOR THE ADDITIVE VARIANCE σ_a^2 FOR FPS, FOR ALL SAMPLES (135000), WITH A THINNING RATE KEEPING EVERY 14TH SAMPLE POINT AND WITH A THINNING RATE KEEPING EVERY 282TH SAMPLE POINT.

		σ_a^2	
N	135.000	9.642	35
Media	0,0813	0,0736	0,0736
Moda	0,0519	0,0519	0,0575
Mediana	0,0700	0,0652	0,0635
Mínimo	0,0130	0,0130	0,0210
Máximo	0,2930	0,2270	0,1640

manejo general del rebaño ya que estos representan cerca del 93% de la variabilidad total. Sin embargo en la práctica, en rebaños de doble propósito, es preferible un animal de primer parto que haya quedado gestante en una primera inseminación, sobre aquellos que requieran 2 o más servicios.

CONCLUSIONES

La mediana del índice de herencia de la FPS obtenida por el muestreo GIBBS fue de 0,07. El valor de este estimador por el modelo animal simple en forma lineal fue de sólo 0,03. Con este valor de heredabilidad tan bajo, sería discutible la utilización de este índice en planes de selección de novillas, aunque es recomendable seleccionar novillas que se preñen al primer servicio sobre aquellas que requieran 2 o más servicios para concebir.

La transformación del índice de herencia de la escala binaria (fenotípica) a la escala subyacente produjo un estimador razonable de 0,05, siendo sólo el 65,57% del estimador directamente obtenido por la vía del modelo umbral.

El índice de herencia de la FPS osciló en el rango entre 0,01 y 0,23 para la cadena total y después de un filtrado tomando cada uno de los 14^{VO} elementos de la cadena, pero con una correlación serial entre ellas esencialmente de 1,0.

Un filtrado reteniendo cada uno de los 282^{VO} elementos de la cadena determino la independencia de las muestras, con una correlación serial de 0,01.

El programa GIBBSIT proporcionó una aproximación muy buena a la longitud de la cadena de muestreo, a la duración del período de entrenamiento, pero no fue así para el filtrado que garantizaría la independencia de las muestras. Así

mismo, GIBANAL demostró ser un buen programa para los análisis posteriores de la cadena de muestreo GIBBS.

AGRADECIMIENTO

Los autores desean expresar su agradecimiento al Consejo de Desarrollo Científico y Tecnológico de la Universidad del Zulia por el cofinanciamiento de esta investigación; a la Agropecuaria Santa Ana y a la fundación GANADOBLE, por permitir el uso de los registros; especial agradecimiento a la Universidad de Nebraska, por haber suministrado el código fuente del programa MTDFREML y MTGSAM; a la corporación INTEL por facilitar el compilador IFORT; a GNU y finalmente a la organización Ubuntu.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] ARANGUREN-MÉNDEZ, J. A.; ROMÁN, R. M.; VILLASMIL, Y. E.; CHIRINOS, Z.; ROMERO, J.; SOTO-BELLOSO, E. R. Componentes de (co)varianza y parámetros genéticos para características de crecimiento en animales mestizos de Doble Propósito. **Rev. Cientif. LUZ-FCV**. XVI (1): 55-61. 2006.
- [2] AZZAM, S. M.; KEELE, J. W.; NIELSEN, M. K. Expectations of heritability estimates for non-return rate of bulls and conception rate of cows. **J. Anim. Sci.** 66:2767-2783. 1988.
- [3] OLDMAN, K. G.; KRIESE, L. A.; VAN VLECK, L. D.; VAN TASSELL, C. P.; KACHMAN, S. D. A Manual for Use of MTDFREML: A Set of Programs to Obtain Estimates of Variances and Covariances [DRAFT]. USDA, ARS, Clay Center, NE. 135 pp. 1995.
- [4] BORMANN, J. M.; TOTIR, L. R.; KACHMAN, S. D.; FERNANDO, R. L.; WILSON, D. E. Pregnancy rate and first-service conception rate in Angus heifers. **J. Anim. Sci.** 84:2022-2025. 2006.
- [5] BUDDENBERG, B. J.; BROWN, C. J.; JOHNSON, Z. B.; DUNN, J. E.; PETERSON, H. P. Heritability estimates of pregnancy rate in beef cows under natural mating. **J. Anim. Sci.** 67:2589-2594. 1989.
- [6] CAMERON, N. D. Breeding Values for Binary Traits. **Selection Indices and Prediction of Genetic Merit in Animal Breeding**. CAB International. Biddles, Ltd. U.K. 155-163 pp. 1997.
- [7] DEARBORN, D. D.; KOCH, R. M.; CUNDIFF, L. V.; GREGORY, K. E.; DICKERSON, G. E. An analysis of reproductive traits in beef cattle. **J. Anim. Sci.** 36:1032-1040. 1973.
- [8] DEESE, R. E.; KOGER, M. Heritability of fertility in Brahman and crossbred cattle. **J. Anim. Sci.** 26:984-987. 1967.

- [9] DEMPSTER, E. R.; LERNER, I. M. Heritability of threshold characters. **Genet.** 35: 212-236. 1950.
- [10] DONOGHUE, K. A.; REKAYA, R.; BERTRAND, J. K.; MISZTAL, I. Threshold-linear analysis of measures of fertility in artificial insemination data and days to calving in beef cattle. **J. Anim. Sci.** 82:987-993. 2004.
- [11] DOYLE, S. P.; GOLDEN, B. L.; GREEN, R. D.; BRINKS, J. S. Additive genetic parameter estimates for heifer pregnancy and subsequent reproduction in Angus females. **J. Anim. Sci.** 78:2091-2098. 2000.
- [12] DUNBAR, R. S. JR.; HENDERSON, C. R. Heritability of fertility in dairy cattle. **J. Dairy Sci.** 36:1063-1071. 1953.
- [13] EVANS, J. L.; GOLDEN, B. L.; BOURDON, R. M.; LONG, K. L. Additive genetic relationships between heifer pregnancy and scrotal circumference in Hereford cattle. **J. Anim. Sci.** 77:2621-2628. 1999.
- [14] FALCONER, D. S. Caracteres Umbrales. **Introducción a la Genética Cuantitativa**. Cia. Editorial Continental. S.A. De C.V. México. 12^{va} impr. 357-368 pp. 1981.
- [15] GIANOLA, D. Theory and analysis of threshold characters. **J. Anim. Sci.** 54:1079-1096. 1982.
- [16] GIANOLA, D.; FOULLEY, J. L. Sire evaluation for ordered categorical data with a threshold model. **Genet. Sel. Evol.** 15:201-224. 1983.
- [17] HARVEY, W. R. Least-squares analysis of discrete data. **J. Anim. Sci.** 54:1067-1071. 1982.
- [18] HOESCHELE, I.; TIER, B. Estimation of variance components of threshold characters by marginal posterior modes and means via Gibbs sampling. **Genet. Sel. Evol.** 27:519-540. 1995.
- [19] MILAGRES, J.C.; DILLARD, E. U.; ROBISON, O. W. Heritability estimates for some measures of reproduction in Hereford heifers. **J. Anim. Sci.** 49:668-674. 1979.
- [20] RAFTERY, A. E.; LEWIS, S.M. How many iterations in the Gibbs sampler? In: **Bayesian Statistics**, Vol. 4. J.M. Bernardo, J.O. Berger, A.P. Dawid and A.F.M. Smith (Eds). Oxford University Press, Oxford, U.K. 763-773 pp. 1992.
- [21] ROBERTSON, A.; LERNER, I. M. The Heritability of all-or-non traits: viability of poultry. **Genet.** 34:395-411. 1949.
- [22] ROMÁN, R. M.; ARANGUREN-MÉNDEZ, J. A.; VILLASMIL-ONTIVEROS, Y. E.; YÁÑEZ-CUÉLLAR, L. F.; SOTO-BELLOSO, E. R. Comparación de modelos para estimar parámetros genéticos de crecimiento en ganado mestizo doble propósito. **Rev. Cientif. FCV-LUZ.** XVII (4): 394-404. 2007.
- [23] SPANGLER, M. L.; SAPP, R. L.; REKAYA, R.; BERTRAND, J. K. Success at first insemination in Australian Angus cattle: Analysis of uncertain binary responses. **J. Anim. Sci.** 84:20-24. 2006.
- [24] STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE (SAS). SAS/STAT User's Guide. 8,2 Edition. Cary, NC. 2001.
- [25] VAN KAAAN, J. B. GIBANAL: Analyzing program for Markov Chain Monte Carlo sequences. Department of Animal Sciences. Wageningen Agricultural University. 1998.
- [26] VANRADEN, P. M.; SANDERS, A. H.; TOOKER, M. E.; MILLER, R. H.; NORMAN, H. D.; KUHN, M. T.; WIGGANS, G. R. Development of a national genetic evaluation for cow fertility. **J. Dairy Sci.** 87:2285-2292. 2004.
- [27] VAN TASSELL, C. P.; VAN VLECK, L. D. A Manual for Use of MTGSAM. A Set of Fortran Programs to Apply Gibbs Sampling to Animal Models for Variance Component Estimation. [DRAFT]. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service. PDF version. 85 pp. 1995.
- [28] VAN TASSELL, C. P.; VAN VLECK, L. D.; GREGORY, K. E. Bayesian analysis of twinning and ovulation rates using a multiple-trait threshold model and Gibbs sampling. **J. Anim. Sci.** 76:2048-2061. 1998.
- [29] VAN VLECK, L. D.; GREGORY, K. E. Genetic trend and environmental effects in a population of cattle selected for twinning. **J. Anim. Sci.** 74:522-528. 1996.