

## Componentes de (co)varianza de la producción de leche de un rebaño bufalino venezolano estimados con modelos de lactancia completa o del día de control

### (Co)variance components for milk production in a venezuelan buffalo herd analyzed by total lactation and test day models

Alberto Menéndez-Buxadera<sup>1</sup> y Omar Verde<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidad de Córdoba. Departamento de Genética. Madrid, España. Correo electrónico: ge1mebua@uco.es

<sup>2</sup>Ministerio del Poder Popular para Ciencia, Tecnología e Innovación. Fundación para el Desarrollo de la Ciencia y la Tecnología (Fundacite). Unidad Territorial Yaracuy. Correo electrónico: omarverde@gmail.com

#### RESUMEN

Se evaluó la producción de leche a 244 (L244) y 305 días (L305) para 9.814 partos ocurridos entre 1991 y 2012 de 2.680 hembras en un rebaño bufalino ubicado en Apure, Venezuela, generadas a partir de la producción diaria (lt) de 84.009 registros mensuales. Se estimaron los componentes de (co)varianza genético en lactancia completa (LT) para L244 y L305 y por regresión aleatoria sobre lt (TD). L244 y L305 aumentaron 750 kgs y 860 kgs respectivamente mientras que lt aumentó 2 kgs/día. Número de parto afectó significativamente los tres rasgos. Durante las primeras 11 semanas se presentaron los mayores niveles de producción diaria. El modelo LT produjo heredabilidad ( $h^2$ ) de  $0,29\pm 0,08$  y  $0,26\pm 0,06$  para L244 y L305 respectivamente, mientras que la correlación genética ( $r_g$ ) entre ambos rasgos fue de  $0,95\pm 0,16$ . Los resultados del modelo TD indicaron que los componentes de (co)varianza y la  $h^2$  aumentan hasta la semana 15, con correlaciones superiores a 0,9 en semanas adyacentes. Análisis de componentes principales para lt en diferentes semanas de lactancias señalaron que el 89% y el 9% de la varianza genética están explicadas por el primer y segundo vector propio, indicando la posibilidad de aumentar el nivel lt y producir cambios en la forma de la curva. Los Valores Genéticos de los animales para L244 estimados según modelos LT y TD manifiestan gran variación y están fuertemente correlacionados ( $r=0,869$ ). Se determina que los modelos TD son altamente recomendables en los programas de mejora de esta especie.

**Palabras clave:** producción láctea búfalos, parámetros genéticos, comparación de modelos.

#### ABSTRACT

Milk production was evaluated at 244 (L244) and 305 days (L305) for 9.814 births that occurred between 1991 and 2012 of 2.680 females in a buffaloes herd located in Apure, Venezuela, generated from daily (lt) production of 84.009 monthly records. Two procedures allowed to estimate the components of genetic (co)variance: one called total lactation (LT) for L244 and L305 and a random regression model known as Test Day (TD) on lt. L244 and L305 increased 750 kgs and 860 kgs respectively while lt increased 2 kgs/day. Number of calving exerted significant effect on the three traits. The highest daily production levels occur during the first 11 weeks. The LT model produced heritability ( $h^2$ ) of  $0.29\pm 0.08$  and  $0.26\pm 0.06$  for L244 and L305 respectively, while the genetic correlation ( $r_g$ ) for both traits was  $0.95\pm 0.16$ . The TD model results indicate that the (co)variance components and the  $h^2$  increase until week 15, with correlations higher than 0.9 in adjacent weeks. Principal component analysis for lt in different weeks of lactations showed that 89 and 9% of genetic variance is explained by the first and second vector, indicating the possibility of increasing lt and produce changes in the shape of the curve. Breeding values of animals for L244 estimated by models TD and LT manifest a significant variation and are highly correlated ( $r=0,869$ ). It is concluded that TD models are highly recommended in this specie improvement programs.

**Key words:** dairy buffaloes, genetic parameters, comparison of models.

Recibido: 28/05/14 Aprobado: 21/11/14

## INTRODUCCIÓN

La zona tropical, en donde está ubicada Venezuela, presenta amplia diversidad ecológica, condiciones ambientales extremas, variable calidad de alimentos para los animales, así como enfermedades y parásitos detrimentales o mortales, por lo que la producción de proteína animal para el consumo humano requiere de rebaños adaptados a estas difíciles condiciones ambientales.

En Venezuela se estima la existencia del orden de 150.000 cabezas de búfalos, por lo que constituiría el segundo país de América en cuanto a población existente. Se considera una especie muy adaptada a las condiciones tropicales y con niveles productivos iguales o superiores al vacuno, pudiendo ser explotado en una amplia diversidad de ambientes ecológicos y sistemas de producción así como en sabanas inundables, ambientes en los cuales al vacuno le es difícil producir (Hoogesteijn *et al.*, 2008).

Los registros mensuales de la producción láctea de cada animal, conocidos como día de prueba (test day, TD), es una actividad que realizan regularmente los criadores de animales lecheros. En términos generales, de cada lactancia se dispone de aproximadamente 10 TD, los cuales se utilizan en una función que estima la Lactancia Total (LT) acumulada en un periodo de tiempo determinado.

En tal sentido, resulta obvio interrogarse sobre las ventajas de utilizar 'una variable resumen (dimensión finita), ejemplo: producción total de leche en una lactancia, en comparación al empleo de las variables originales repetidas temporalmente (dimensión infinita); ejemplo: pesajes mensuales de leche, a partir de donde se estimó aquella. Múltiples trabajos se han publicado sobre este tema, aunque le correspondieron a Ptak y Schaeffer (1993) el mérito de haber presentado una primera versión coherente de la evaluación de los registros de producción láctea en el día de control, internacionalmente conocido como Test Day Model (TDM). Un año más adelante, Schaeffer y Dekkers (1994), presentaron las bases de un procedimiento general para tratar los TDM mediante lo que se denomina Random Regresión Model (RRM) o Modelo de Regresión Aleatoria. A partir de esta publicación,

se ha generado una gran cantidad de resultados de aplicación de RRM a datos de diferentes escenarios de producción animal, como por ejemplo Swalve (2000) en ganado vacuno lechero y Meyer y Hill (1997) en crecimiento en el ganado vacuno.

En la especie bufalina bajo condiciones tropicales, también se han aplicado modelos de RRM, particularmente en Brasil (ver Tonhati *et al.*, 2008; Sesana *et al.*, 2010) con resultados aportando mayor información científica. Desafortunadamente en Venezuela no se han encontrado referencias con este tipo de aplicación a los resultados de los TD, no obstante, como ya se ha señalado, ser el segundo país en el continente en cuanto a inventario de búfalos y disponiendo de enormes aéreas de mucha humedad donde el búfalo puedes ser una opción que proporcione grandes beneficios económicos y sociales. De acuerdo a la excelente revisión de Hoogesteijn *et al.* (2008), el búfalo se ha adaptado muy bien a las condiciones del llano venezolano con niveles productivos comparables a los países vecinos de Brasil y Colombia y manifestando importantes variaciones fenotípicas, de manera que es oportuno llevar a cabo un análisis en detalle de las causas de variación en producción de leche, profundizando en sus componentes genéticos.

El objetivo de este estudio fue estimar los parámetros genéticos de la producción de leche total y diaria mediante modelos de Lactancia Total y Regresión Aleatoria de un rebaño de ganado bufalino ubicado en San Fernando de Apure, Venezuela.

## MATERIALES Y MÉTODOS

El hato de donde proceden los datos se ha dedicado durante los últimos 40 años a la explotación del Búfalo de Agua (*Bubalus bubalis*). El rebaño actualmente ha sido seleccionado para la producción de leche con un plantel de más de 1.300 búfalas adultas. Se basa primordialmente en dos grupos raciales importantes, el Prieto Mediterráneo, traído de Italia y el Murrah, originalmente de la India, traído en varias importaciones desde Bulgaria, seguida de la introducción de semen de butoros probados para producción lechera mediante el uso de la inseminación artificial (IA) desde 1992.

La producción de leche se inició en el año 1981 en forma rudimentaria, ordeñando los animales a mano en corrales de palma. Posteriormente se construyeron cuatro galpones, donde las condiciones de trabajo eran más aptas tanto para las búfalas como para los ordeñadores, con techo, piso de concreto y bebederos, manejándose 75 búfalas por corral.

Este período de ordeño manual duró 4 años hasta que se decidió la tecnificación del proceso, el cual tuvo que superar varios problemas tales como el apoyo de la búfala sin el bucerro, la crianza artificial de los bucerros con nodrizas y la estacionalidad reproductiva. Estos inconvenientes actualmente superados, requirieron de la búsqueda de soluciones en otros países con más experiencia en esta especie, relativamente nueva en América (Hoogesteijn *et al.*, 2008).

Se utilizaron 110.554 registros diarios de producción de leche de 17.110 lactancias controladas de Septiembre de 1985 a Marzo de 2012 de 3 421 hembras, hijas de 1.915 madres y 340 sementales. Se eliminaron registros fuera del rango de la media $\pm$ 3 desviaciones estándar, lactancias con menos de 3 TD controlados y aquellos TD registrados a más de 380 días de lactancia. Debido a las pocas observaciones disponibles, se eliminaron los datos de los partos ocurridos antes de Enero de 1991. Según

los días de lactancia cuando se realizó el TD, se agruparon en intervalos de 7 días (dim7= 1...53 niveles), el número de partos (np= 1,2,3...10 ó más); ordeños (no=2 niveles) y la fecha de control de TD se empleó como equivalente a grupo contemporáneo (gc = 1...257 niveles). La variable estudiada fue producción de leche total (lt) en el día de control. Finalmente, quedaron disponibles 84 009 TD de 9.814 partos de 2.680 hembras hijas de 1.508 madres y 328 sementales. Esta base de datos fue denominada como TDdata. El pedigree fue confeccionado con toda la información disponible y contenía un total de 4.812 animales con datos y sus antecesores sin datos.

De las mismas hembras presentadas en TDdata se captó la producción total acumulada hasta 244 (L244) y 305 días (L305) de lactancia. No se emplearon factores de ajustes para extender aquellas lactancias con una duración menor que los límites antes mencionados. El factor gc fue reemplazado por año-mes de parto (ym con 252 niveles). Esta base de datos fue denominada como LTdata. El Cuadro 1 presenta algunos indicadores generales de las bases de datos disponibles.

En términos estadísticos, se aplicaron varios modelos lineales de efectos fijos que incluyeron los efectos de gc; np, no y dim7 para TDdata mientras que para LTdata el efecto gc se

Cuadro 1. Características generales de la población de búfalos estudiada.

Animales con datos (n)	2.680
Animales en los pedigree (n)	4.812
Sementales (n)	328
Madres (n)	1.508
Período de tiempo (años)	1.991 a 2.012
Lactancias (n)	9.813
Mediciones en día de prueba (n)	84.009
Duración de lactancia *	277 $\pm$ 61
Leche total a 244 días (kgs) *	1.586 $\pm$ 501
Leche total a 305 días (kgs) *	1.728 $\pm$ 593
Leche total diaria (kgs) *	7.02 $\pm$ 2.5

\* Media  $\pm$  desviación estándar

reemplazó con  $ym$ , con vistas a evaluar las respuestas generales de las variables dependientes estudiadas. Para estimar los componentes de (co)varianza genética se aplicaron dos modelos diferentes, aunque la representación general de estos modelos lineales mixtos es muy similar:

$$Y_i = Xb + Z_{1a} + Z_{2w} + I_{nr}$$

donde

$b$  es un vector de efectos fijos definidos previamente ( $np$ ;  $no$ ;  $gc$ ;  $ym$  y  $dim7$  en dependencia del modelo).  $a$ ;  $w$  y  $r$  son vectores de efectos aleatorios no correlacionados debido a los efectos genéticos animal ( $a$ ); ambiente permanente debido a mediciones repetidas en el animal ( $w$ ) y del error residual ( $r$ ) respectivamente. Las matrices  $X$ ;  $Z_1$ ;  $Z_2$  e  $I$  son matrices de incidencia que conectan los efectos fijos y aleatorios con la variable dependiente. Las varianzas esperadas son:

$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ w \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A \otimes G_a & 0 & 0 \\ 0 & I \otimes W_p & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix}$$

Cuando se utiliza la base de datos LTdata, las variables dependientes fueron L244 y L305, por lo que se trata de un modelo animal bicaracter de repetibilidad (LTm), similar a los procedimientos clásicos aplicados a este tipo de datos. En este caso, como se señaló con anterioridad, los efectos de  $dim7$  no son considerados y  $ym$  sustituye a  $gc$ . Los componentes de (co)varianza y el valor genético se estiman directamente de la solución del modelo.

Cuando se utiliza Tddata, se trata de aplicar un modelo de regresión aleatoria (TDm) a la variable  $lt$ ; en este modelo se incluyen los mismos efectos fijos previamente mencionados y, además, una covariable fija mediante un polinomio de Legendre de tercer orden que pretende modelar la curva de lactancia de toda la población. Los componentes esperados de (co)varianza y el valor genético pueden ser equivalentes a lo expresado para LTm, pero con algunas modificaciones, ya que se estiman a lo largo de la trayectoria de la lactancia cuantificada por cada punto de  $dim7$ . En este caso:

$$G_a = K_a = \ddot{O} \begin{bmatrix} A \sigma_{a_o}^2 & A \sigma_{a_s} \\ A \sigma_{a_s} & A \sigma_{a_s}^2 \end{bmatrix} \ddot{O}'$$

$$W_p = K_p = \ddot{O} \begin{bmatrix} I_w \sigma_{p_p}^2 & I_w \sigma_{p_s} \\ I_w \sigma_{p_s} & I_w \sigma_{p_s}^2 \end{bmatrix} \ddot{O}'$$

Los elementos  $\ddot{O}$  son los coeficientes del polinomio de Legendre equivalentes de  $Z_1$  y  $Z_2$ . Las matrices  $K_a$  y  $K_p$  se corresponden con los componentes de (co)varianza de coeficientes de regresión aleatoria para los efectos genéticos y de ambiente permanente respectivamente.  $A$  es el numerador de la matriz de parentesco entre los animales con datos y sus antecesores sin datos.  $I_w$  es la matriz identidad de orden igual al número de animales con datos;  $R = I_e \sigma_e^2$  es un vector de varianza residual y  $\otimes$  es un operador de Kronecker.

Con tales formulaciones y empleando los coeficientes  $\ddot{O}$  correspondientes a los niveles de  $dim7$  se estiman los componentes de (co)varianza a lo largo de la trayectoria de  $dim7$ . En este modelo, la estructura de var-covar contiene elementos de una función de orden  $q$  con un intercepto con varianzas  $\sigma_{a_o}^2$  y  $\sigma_{p_o}^2$ ; tantas pendientes con varianzas  $\sigma_{a_s}^2$  y  $\sigma_{p_s}^2$  como sea el orden de ajuste, así como las respectivas covarianzas  $\sigma_{a_s}$  y  $\sigma_{p_s}$  para los efectos genéticos y de ambiente permanente respectivamente.

En este modelo de TDm se compararon ajustes ( $q$ ) de orden  $q = 0, 1, 2$  y  $3$  así como varianza residual homogénea y heterogénea con 3 clases correspondientes a tres etapas de la lactancia representada por  $dim7$ . La elección del mejor modelo se llevó a cabo mediante los criterios informativos  $-2 \log L$ ; AIC y BIC, de acuerdo a Foulley y Robert-Granie (2002). Para LTm, los parámetros genéticos de heredabilidad ( $h^2$ ) y correlaciones genéticas ( $r_g$ ) para cada variable se estiman mediante fórmulas clásicas mientras

que los valores genéticos esperados (VGE) de cada animal son las soluciones del efecto genético. Para TDm, estos parámetros se estiman a lo largo de la trayectoria de los  $i^{\text{th}}$  días de lactancia representados por  $dim7$ , aplicando un procedimiento propuesto por Jamrozik y Schaeffer (1997):

$$\sigma_{a_i}^2 = \Phi_i K_a \Phi_i'$$

$$\sigma_{p_i}^2 = \Phi_i K_p \Phi_i'$$

$$\sigma_{a_j} = \Phi_j K_a \Phi_j'$$

$$\sigma_{p_j} = \Phi_j K_p \Phi_j'$$

Los estimados de heredabilidad para cada  $j^{\text{th}}$  semana de lactancia ( $h_i^2$ ) y las correlaciones genética entre la  $i^{\text{th}}$  y  $j^{\text{th}}$  semanas diferentes de la lactancia ( $r_{g_j}$ ) se estiman según:

$$h_i^2 = \frac{\Phi_i K_a \Phi_i'}{\Phi_i K_a \Phi_i' + \Phi_i K_p \Phi_i' + \sigma_{e_i}^2} \quad y$$

$$r_{g_j} = \frac{\Phi_i K_a \Phi_j'}{\sqrt{\Phi_i K_a \Phi_i' * \Phi_j K_a \Phi_j'}}$$

Mientras que los VGE para el  $k^{\text{th}}$  esimo animal en la  $i^{\text{th}}$  semana de lactancia se estiman según:

$$VGE_k^i = \Phi_q^i a_k'$$

Donde el vector  $a_k$  contiene las soluciones de la regresión aleatoria para los efectos genéticos del animal  $k$  y  $\Phi_q$  son los coeficientes del polinomio de Legendre del  $q$  orden considerado. Con este procedimiento se dispondrá de estimaciones del VGE para cada variable en cada semana de lactancia. Los VGE para las producciones acumuladas; por ejemplo, a 244 días de lactancia (semana 35) se obtienen por:

$$VGE_3 = 7 * \sum_{i=1}^3 VGE_i$$

Con este procedimiento se estiman los VGE según el modelo de TDm, los cuales se

compararán con los estimados según el modelo LTm para L244. Con los resultados obtenidos, se estimaron las correlaciones entre los VGE del modelo LTm y TDm así como el grado de coincidencia de los mejores 500 animales según ambos modelos.

El análisis de los datos se realizó con el ASREML 3.0 (Gilmour *et al.*, 2009).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados generales del presente estudio (Cuadro 1) muestran un satisfactorio nivel de producción de leche del búfalo en Venezuela, comparables o superiores a los más recientes estimados publicados de Brasil (Mendes Malhado *et al.*, 2013) y Colombia (Cerón-Muñoz *et al.*, 2012). Referido a la base de datos estudiada, los niveles de producción de leche han manifestado un significativo incremento en el periodo de tiempo entre 1991 y 2008 y una ligera disminución en los últimos 3 años (Figura 1).

Este aumento fue del orden de 750 kg; 860 kg y 2 kg/d en L244; L305 y Lt respectivamente. Al propio tiempo existe una importante variabilidad con coeficientes de variación fenotípico de alrededor 33% en las tres variables dependientes antes mencionadas. De acuerdo a ello, es evidente que el desarrollo y explotación de esta especie puede proporcionar importantes beneficios económicos y sociales a Venezuela aprovechando las enormes aéreas disponibles en este país susceptibles de inundaciones y donde el vacuno no es la opción.

El número de parto ejerció un significativo efecto sobre L244; L305 y Lt (Figura 2) aumentando entre el 11% al 16 % los resultados del cuarto o quinto parto respecto a la primera lactancia. Similares tendencias se presentaron en Brasil (de Amorin-Ramos *et al.*, 2007); Colombia (Cortes *et al.*, 2012); Cuba (Garcia *et al.*, 2012) o en rebaños más especializados de Italia (Catillo *et al.*, 2002 ).

En general, la forma de la curva de lactancia (Figura 3) presenta un incremento entre primero y segundo o más partos aunque manifiestan el mismo patrón. Durante las primeras 10 u 11 semanas se presentan los mayores niveles de producción diaria y posteriormente una fase

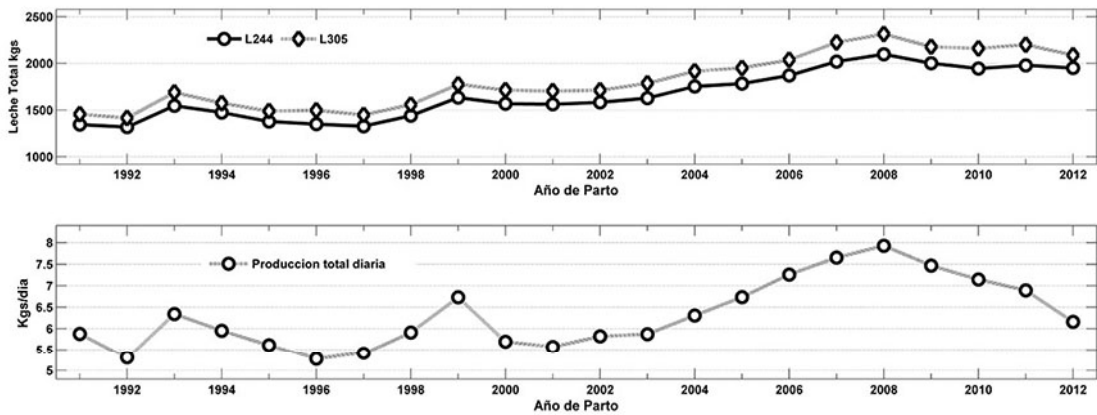


Figura 1. Constantes mínimo cuadráticas de la producción de leche en el periodo de tiempo analizado.

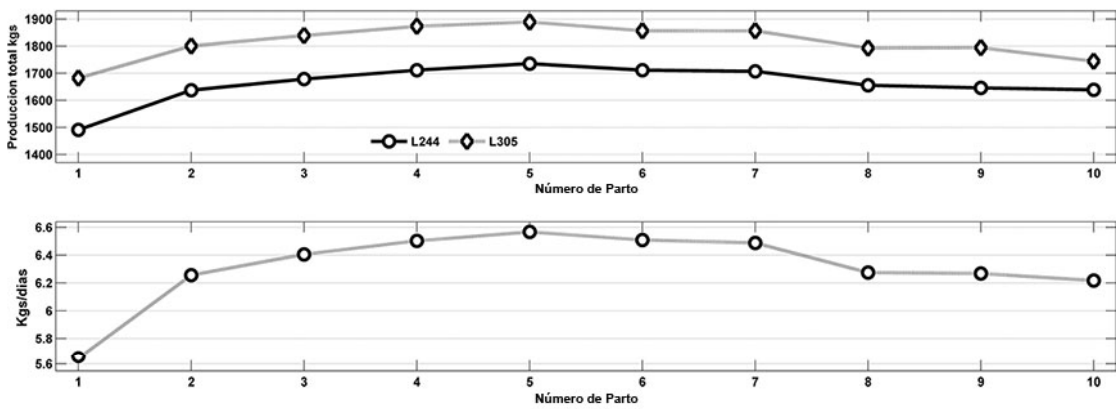


Figura 2. Efecto del número de parto sobre la producción de leche acumulada y en el día de control.

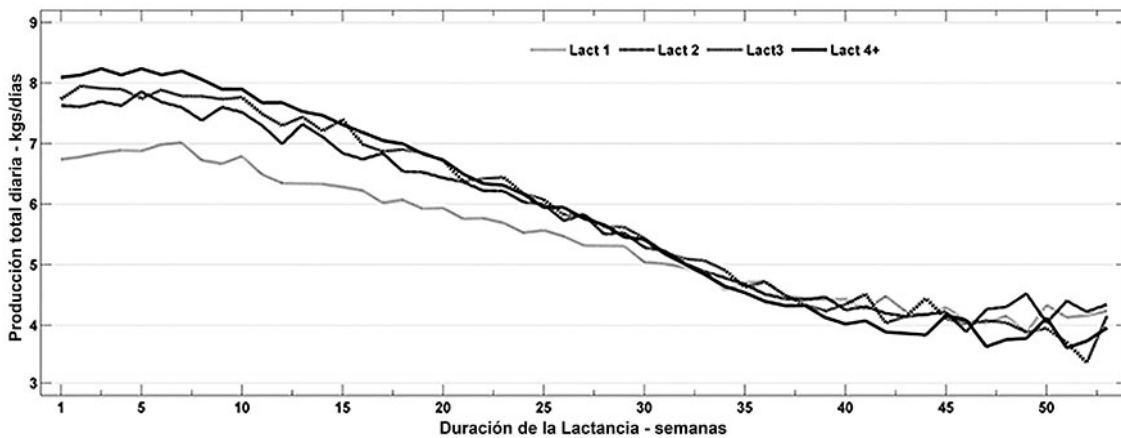


Figura 3. Curva de lactancia.

de decrecimiento. Este tipo de respuesta es muy similar a la publicada por Breda *et al.*, (2010) en búfalos Murrah de Brasil. Cuando los registros mensuales se expresan en clases de 30 días, se presentan formas de respuestas muy semejantes en búfalos de Colombia, (Cortes *et al.*, 2012) y Brasil (Tonhati *et al.*, 2008).

Los estimados del LTm permitieron obtener una heredabilidad ( $h^2$ ) de  $0,29 \pm 0,08$  y  $0,26 \pm 0,06$  para L244 y L305 respectivamente, mientras que las correlaciones genéticas ( $r_g$ ) entre ambos rasgos fue de  $0,95 \pm 0,16$  indicando que prácticamente se trata del mismo rasgo. Los estimados de repetibilidad (R) para los mismos caracteres fueron semejantes  $R=0,45 \pm 0,10$ . Estos estimadores están dentro del rango de las publicaciones realizadas en búfalos mantenidos en países vecinos de Colombia y Brasil (Cuadro 2). La magnitud de los coeficientes de variación (CV) de origen genético aditivo y total fueron ligeramente inferiores pero, a pesar de, con la posibilidad cierta de desarrollar un programa de mejora.

Los componentes de (co)varianza según el modelo TDm se estimaron por un proceso paso a paso. El modelo 1 de orden  $q=0$  asume que no hay variación entre animales en la forma de la curva de lactancia, lo cual es equivalente a un modelo de repetibilidad. Los modelos 2; 3 y 4 consideran que existen variaciones genéticas en la curva de lactancia, las cuales se modelan según un polinomio de Legendre lineal ( $q=1$ ),

cuadrático ( $q=2$ ) y cúbico ( $q=3$ ) respectivamente. En estos primeros cuatro modelos se asume que la varianza residual es homogénea. El modelo 5 es similar al modelo 4 pero incluye una varianza residual heterogénea. Los efectos aleatorios de ambiente permanente se asumieron del mismo orden descrito previamente. Dado que los efectos fijos de estos 5 modelos son los mismos, se puede seleccionar aquel con mejor ajuste mediante los criterios informativos de  $-2 \text{ LogL}$ ; AIC y BIC (Foulley y Robert Granie, 2002). Los resultados se muestran en el Cuadro 3.

Cualquiera que sea el orden de ajuste, asumir la existencia de variación genética en la forma de la curva de lactancia es la alternativa más adecuada a los datos disponibles. Los resultados fueron coincidentes en identificar un modelo de tercer orden como el que mejor se ajusta a los datos (modelos 4 y 5). De acuerdo a las publicaciones de Breda *et al.* (2010) y Aspilcueta-Borquis *et al.* (2013) con datos de búfalo en las condiciones de Brasil, es recomendable emplear varianza residual heterogénea, y en el presente trabajo los resultados del modelo 5 con 27 parámetros corroboran este punto de vista. Los componentes de varianza, así como los parámetros genéticos básicos se muestran en la Figura 4.

Los resultados indican un patrón con ligeros incrementos en las varianzas genéticas y fenotípica totales en las primeras 15 semanas de lactancia, una etapa bastante uniforme entre 15 y 25 semanas de lactancia y posteriormente

Cuadro 2. Estimados de heredabilidad y repetibilidad de la producción acumulada de leche en búfalos criados en la región.

Autor	Nº Animales*	$h^2$	R	CV aditivo(total)
Campos <i>et al.</i> , 2007	(4.389)	0,22	0,51	ND
Tonhati <i>et al.</i> , 2008	7.392 (3.078)	0,19	0,43	15,8 (34,1)
Aspilcueta-Borquis <i>et al.</i> , 2010	11.760 (4.757)	0,26	0,41	15,4 (30,2)
Baldi <i>et al.</i> , 2011	1.879 (4.408)	0,20	0,44	12,1 (27,2)
Ceron-Muñoz <i>et al.</i> , 2012**	6.130 (6.825)	0,34	0,42	ND
Méndez Malhado <i>et al.</i> , 2013	702 (2.910)	0,28	0,38	17,8 (33,2)
Trabajo Actual	4.812 (9.813)	0,29	0,45	14,8 (27,4)

\*Entre paréntesis el número de registros. \*\*Resultados de Colombia, el resto de Brasil.

ND: no disponible.

Cuadro 3. Resultados de los Criterios Informativos de los 5 modelos genéticos.

Modelo	P*	Orden de ajuste			Criterio Inf.		
		Genético	Permanente	Residual	-2LogL	AIC	BIC
1	3	0	0	homog	-2 783	5 572	5 600
2	7	1	1	homog	-1 550	5 580	5 645
3	13	2	2	homog	-1 096	5 592	5 713
4	21	3	3	homog	- 998	5 608	5 804
5	27	3	3	heterog	- 890	5 620	5 934

\*número de parámetros.

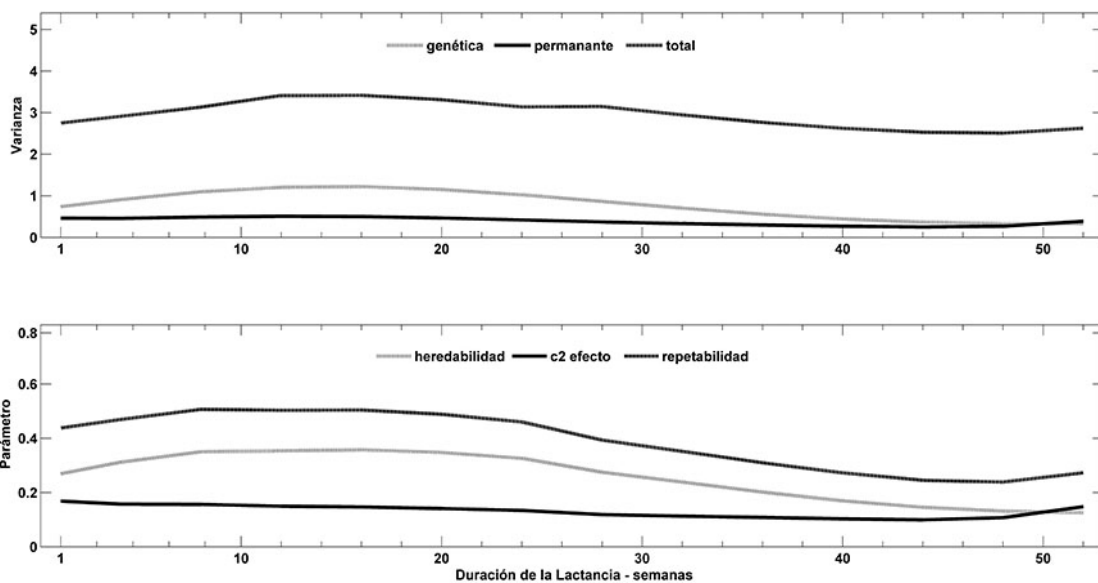


Figura 4. Componentes de varianza; heredabilidad y repetibilidad para producción de leche en el día de control (modelo 5).

Cuadro 4. Estimados de heredabilidad y repetibilidad para la producción mensual de leche en búfalos criados en ambiente tropical, mediante modelos de regresión aleatoria.

Autor	Nº Animales*	h <sup>2</sup>	Repetibilidad
Tonhati <i>et al.</i> , 2008	1.630 (23.691)	0,12 a 0,30	0,31 a 0,48
Aspilcueta-Borquis <i>et al.</i> , 2010	11.760 (47.614)	0,15 a 0,24	0,29 a 0,36
Breda <i>et al.</i> , 2010	2.810 (17.935)	0,19 a 0,31	0,43 a 0,47
Sesana <i>et al.</i> , 2010	2.810 (17.935)	0,18 a 0,44	ND
Ceron-Muñoz <i>et al.</i> , 2012**	3.201 (28.372)	0,07 a 0,16	0,14 a 0,21
Hurtado-Lugo <i>et al.</i> , 2011**	5.296 (5.386)	0,10 a 0,33	ND
Trabajo Actual	4.812 (84.009)	0,17 a 0,35	0,28 a 0,46

\*entre paréntesis es el número de controles mensuales utilizados. \*\* Publicaciones de Colombia, el resto de Brasil. ND: no disponible.



un franco decrecimiento. Por el contrario, los efectos de ambiente permanente debido a repeticiones del mismo dato en el animal se mantienen prácticamente constantes a lo largo de la lactancia. Estos resultados son totalmente coherentes con la mayor parte de las referencias de la literatura disponible en el trópico americano sobre parámetros genéticos en búfalos mediante el uso de modelos de regresión aleatoria (Cuadro 4).

Los estimados de correlaciones genéticas ( $r_g$ ) entre la *lt* en cada semana de lactancia se presentan en la Figura 5.

Todas las  $r_g$  entre semanas adyacentes fueron superiores a 0,90 y disminuyen en la medida que se aumenta la distancia entre controles.

No obstante, el patrón general es positivo, lo que implica que cualquier proceso de selección empleando los resultados individuales de *lt* producirá beneficios a lo largo de la lactancia. Este tipo de respuesta ya se había indicado en búfalos de Brasil (Tonhati *et al.*, 2008) y es, en general, la misma tendencia encontrada en ganado de leche (ver revisión de Swalve, 2000) y caprino (Zumbach *et al.*, 2008; Menéndez-Buxadera *et al.*, 2010). Esta matriz de  $r_g$  fue sometida a un análisis de componentes principales, en forma análoga a los enfoques aplicado en la especie bufalina por Breda *et al.* (2010) y Sesana *et al.* (2010); los resultados alcanzados indicaron que el primer (vp1) y segundo vector propio (vp2) explicaron el 89% y 9% de la variación genética

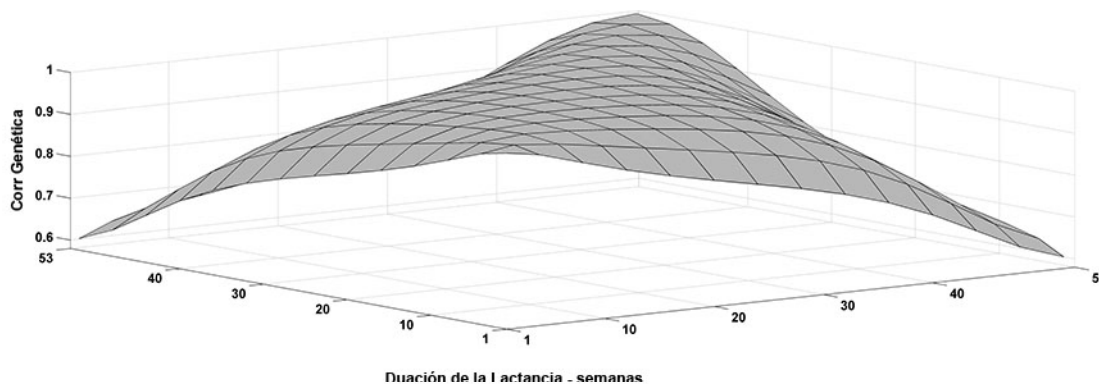


Figura 5. Estimados de correlaciones genéticas entre la producción diaria de leche en diferentes semanas de lactancia.

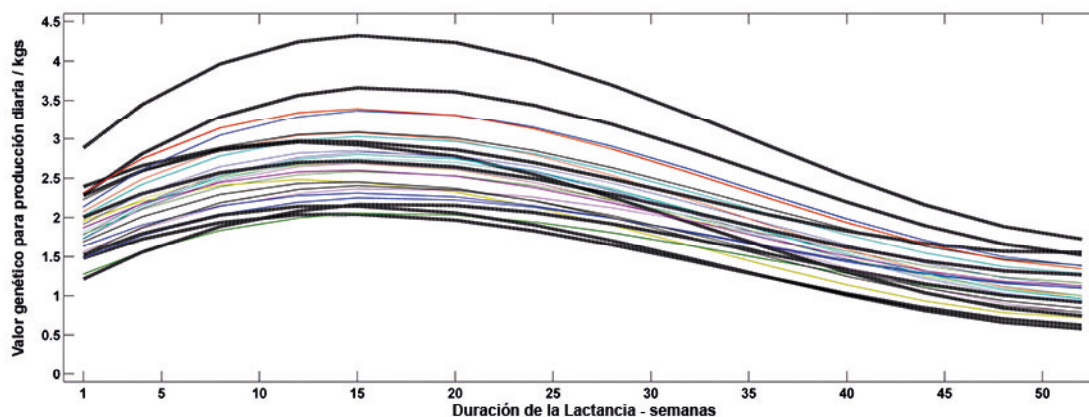


Figura 6. Evolución de los Valores Genéticos (VG) para producción de leche en el día de control (modelo de regresión aleatoria) de los mejores 30 animales seleccionados según su VG para producción acumulada a 244 días de lactancia y un modelo de repetibilidad.

respectivamente, tendencias muy similares a las referencias previamente citadas.

Por definición, el  $vp_1$  es conocido como un vector de talla, mientras que  $vp_2$  es un vector de forma, no correlacionado con  $vp_1$ , de manera que esta característica puede ser de utilidad para cambiar la forma de la lactancia. Este último punto de vista se puede comprobar al representar la evolución de los Valores Genéticos (VG) para  $lt$  a lo largo de la trayectoria de la lactancia, para los mejores 30 animales seleccionados según L244 con el modelo LTm (Figura 6).

En esta figura se han resaltado aquellos animales con un marcado incremento en su VG en la primera etapa de lactancia y un decrecimiento posterior diferente. Estas diferencias pueden estar relacionadas con la persistencia, un criterio que debe ser objeto de un estudio adicional.

Los VG de cada animal para L244 fueron estimados según los resultados del modelo clásico LTm y la nueva perspectiva que proporciona el modelo TDm. Ambos conjuntos de datos se unieron para estimar las relaciones entre el mérito genético de los animales para el denominado mismo rasgo de acuerdo a los dos

procedimientos. La distribución de frecuencia de los VG así como la relación entre ambos procedimientos se muestra en la Figura 7. Los resultados son evidentes, demostrando la existencia de una importante fuente de variación de origen genético que puede ser empleada para el proceso de selección y mejora.

Aun cuando la relación entre los VG según modelo LTm y TDm es bastante alta, no es exactamente igual a la unidad, de manera que existe la posibilidad de que animales no seleccionados por los resultados del modelo clásico LTm no sean los mejores por TDm. En efecto, cuando se seleccionan los mejores 500 animales por ambos modelos, sólo coincidió el 71,3%, lo cual puede ser debido a que el modelo LTm no asume diferencias en la forma de lactancia mientras que en el modelo TDm se toma en cuenta el beneficio de las covarianzas entre los controles mensuales mediante la inclusión de la matriz de parentesco en sus cálculos.

## CONCLUSIONES

Los resultados del presente análisis permiten observar que el búfalo en Venezuela manifiesta

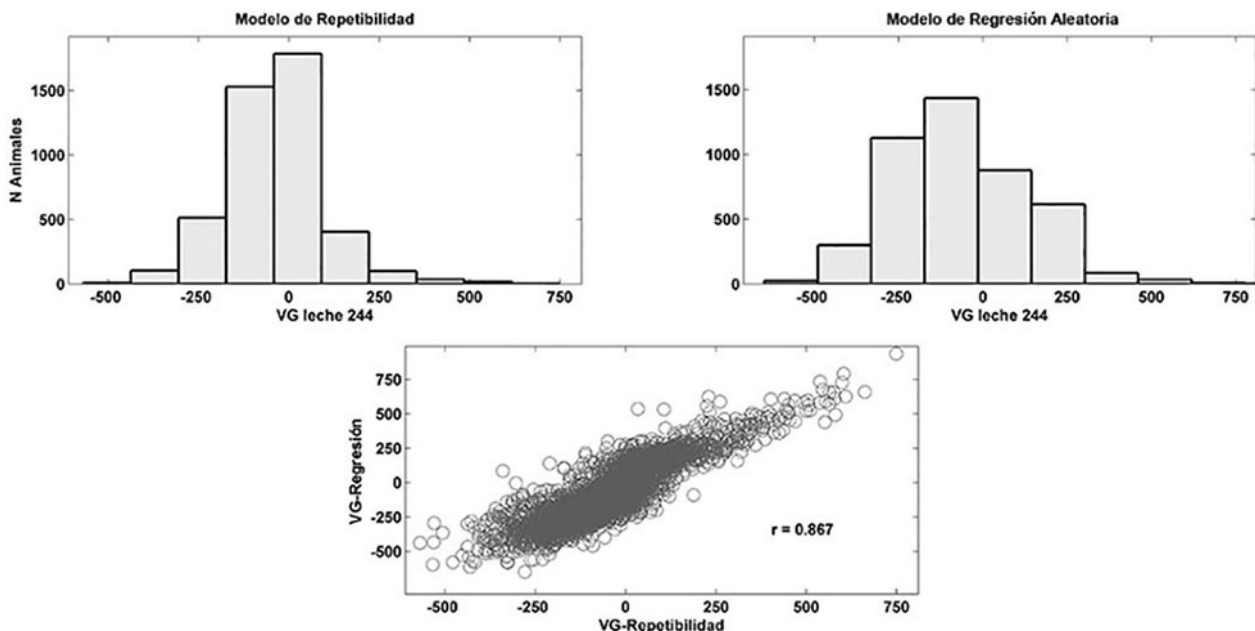


Figura 7. Distribución de frecuencia y relación entre el valor genético de los búfalos para producción de leche total a 244 días de lactancia, estimados por modelo de repetibilidad clásico y de regresión aleatoria.

un aceptable comportamiento muy cercano al publicado para las condiciones de Brasil, país donde existe no sólo un mayor efectivo de esta especie, sino también mayor experiencia en su manejo y un programa de mejora genética integrado. Las variaciones existentes, tanto para producción en el día de control como en la leche acumulada, presentan un componente genético que explica cerca del 15% de la varianza del carácter, de manera que existe un amplio espacio para el programa de mejora. Las evidencias presentadas sugieren que el modelo de regresión aleatoria aplicado a los controles mensuales puede proporcionar mayor información con los mismos datos disponibles, por lo que se puede considerar como una alternativa más eficiente en un programa de selección y, por tanto, brindar mayores beneficios económicos.

Independientemente de los adecuados resultados del presente estudio, hay que resaltar varios factores limitantes:

Los datos pertenecen a un solo rebaño, de manera que no se debe generalizar al total de la población bufalina de Venezuela. Es urgente la necesidad de que se aúnen los esfuerzos para desarrollar un sistema de control individual que abarque un mayor sector de criadores de esta especie.

El carácter analizado, producción de leche, es un elemento muy importante para la economía del rebaño aunque no es el único. Por ello, se sugiere incorporar los componentes de la leche (grasa y proteína), así como otros rasgos de importancia, tales como caracteres reproductivos y de crecimiento.

Hay que incrementar el uso de la Inseminación Artificial y hacer un esfuerzo muy serio respecto al control de la paternidad de los animales. Esta actividad junto a lo mencionado en el primer párrafo, son aspectos determinantes de un programa de mejora.

Se exhorta a la sociedad de criadores a establecer mayores vínculos estratégicos con los países vecinos, de manera de desarrollar un programa de selección y mejora que se beneficie de la variabilidad existente en estas poblaciones, creando las condiciones para un trabajo de integración más acorde a la realidad actual de nuestra región.

## AGRADECIMIENTO

En un trabajo de esta naturaleza se involucra un elevado número de personas. Es por ello que deseamos agradecer a todo el personal técnico y administrativo de la empresa La Guanota por su disposición a colaborar para hacer posible esta publicación.

## LITERATURA CITADA

- Aspilcueta-Borquis, R. R., R. C. Sesana, M. H. Munoz, L. de Oliveira, A. Braga, L. El Faro, L. Galvão, G. M. Ferreira and H. Tonhati. 2010. Genetic parameters for milk, fat and protein yields in Murrah buffaloes (*Bubalus bubalis* Artiodactyla, Bovidae). *Genetics and Molecular Biology*, 33, 1, 71-77.
- Aspilcueta-Borquis, R. R., F. Ribeiro de Araujo Neto, F. Baldi, N. Hurtado-Lugo, G. M. F. de Camargo, M. Muñoz-Berrocal and H. Tonhati. 2013. Multiple-trait random regression models for the estimation of genetic parameters for milk, fat, and protein yield in buffaloes. *J. Dairy Sci.* 96 (9): 5923–5932.
- Baldi, F., M. M. Massolini, D. G. Mansan, A. Braga, R. R. Aspilcueta, L. Galvão and H. Tonhati. 2011. Effect of lactation length adjustment procedures on genetic parameter estimates for buffalo milk yield. *Genetics and Molecular Biology*, 34, 1, 62-67.
- Breda, F. C., L. G. Albuquerque, R. F. Euclides, A. B. Bignardi, F. Baldi, R. A. Torres, L. Barbosa and H. Tonhati. 2010. Estimation of genetic parameters for milk yield in Murrah buffaloes by Bayesian inference *J Dairy Sci.* 93(2):784-91.
- Campos, R. V., M. Jun Iti Yokoo, L. O. Seno, R. C. Sesana, R. R. Aspilcueta and H. Tonhati. 2007. Genetic parameters estimate for milk and mozzarella cheese yield, fat and protein percentage in dairy buffaloes in Brazil. *Ital. J. Anim. Sci.* vol. 6, (Suppl. 2), 360-363.
- Catillo, G. N., P. P. Macciotta, A. Carretta and A. Cappio-Borlino. 2002. Effects of age and calving season on lactation curves of milk

- production traits in italian water buffaloes. *J. Dairy Sci.* 85:1298–1306.
- Cerón-Muñoz, M., F. Gómez-Arroyave, J. Ramírez-Toro, T. Cifuentes y S. Gutiérrez-Molina. 2012. Parámetros genéticos para la producción de leche, grasa y proteína en búfalos de Colombia. *Livestock Research for Rural Development. Volume 24, Article #30*. Disponible en línea: <http://www.lrrd.org/lrrd24/2/cero24030.htm>. [Apr. 22, 2014].
- Cortes, M., L. C. Giraldo and O. F. Rivera. 2012. Use of information systems to determine productive, reproductive and population parameter in buffaloes at buffalo farm called La Suiza located at the Magdalena medio in Colombia. *The Journal of Animal and Plant Sciences*, 22(3 Suppl.): pp. 384-390.
- de Amorim Ramos A., C. H. Mendes, R. Martins Filho, P. L. Souza Carneiro, P. R. Antunes and J. C. de Souza. 2007. Genetic and environmental effects over milk production of buffalo cows in Brazil. *Ital. J. Anim. Sci.* vol. 6, (Suppl. 2), 328-330.
- Foulley, J. L. and R. Granie. 2002. Basic tools for the statistical analysis of longitudinal data via mixed model. In *Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, August 18, Montpellier, France. Special Brochure, 159 p.
- García, Y., L. M. Fraga, G. Guzmán, M. Mora, D. García and E. Padrón. 2012. Evaluation of dairy performance of crossbred (Buffalypso x Carabao) buffalo cows. *Cuban Journal of Agricultural Science*, Volume 46, Number 4, 357-363.
- Gilmour, A. R., B. J. Gogel, B. R. Cullis and R. Thompson. 2009. *ASReml User Guide Release 3.0*. VSN International, Hemel Hempstead, UK.
- Hurtado-Lugo, N., M. Cerón-Muñoz, R. Aspilcueta-Borquis, R. Sesana, L. Galvão de Albuquerque and H. Tonhati. 2011. Buffalo milk production in Brazil and Colombia: Genotype by environment interaction. *Livestock Research for Rural Development. Volume 23, Article #146*. Disponible en línea: <http://www.lrrd.org/lrrd23/7/hurt23146.htm>. [Jan. 23, 2014].
- Hoogesteijn, R., O. Verde y H. Scannone. 2008. Organización y resultados de un programa de mejoramiento genético en búfalas doble propósito en el estado Apure. En: R. Romero, J. Salomón, J. De Venanzi y M. Arias (Eds.). *XXIII Cursillo sobre Bovinos de Carne*. Universidad Central de Venezuela. Facultad de Ciencias Veterinarias. Maracay, Venezuela. pp. 85 – 128.
- Jamrozik, J. and L. R. Schaeffer. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for production of first lactation. *J. Dairy Sci.*, 80, 762– 770.
- Mendes-Malhado, C. H., A. C. Mendes, A. de Amorim, P. L. Souza, J. C. de Souza and A. Pala. 2013. Genetic parameters for milk yield, lactation length and calving intervals of Murrah buffaloes from Brazil. *R. Bras. Zootec.*, 42, n.8, pp. 565-569.
- Menéndez-Buxadera, A., A. Molina, F. Arrebola, M. J. Gil and J. M. Serradilla. 2010. Random regression analysis of milk yield and milk composition in the first and second lactations of Murciano-Granadina goats using test day records. *J. Dairy Sci.* 93 (6) 2718-2726.
- Meyer, K. and W. G. Hill. 1997. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or 'repeated' records by restricted maximum likelihood. *Livest. Prod. Sci.* 47: 185-200.
- Ptak, E. and L. R. Schaeffer. 1993. Use of test day yields for genetic evaluation in dairy sires and cows. *Livest. Prod. Sci.* 34: 23-34.
- Schaeffer, L. R. and J. C. Dekkers. 1994. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle *Proceedings of Fifth World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, vol. XVIII. Guelph, Ont., Canada, pp. 443-446.
- Sesana, R. C., A. B. Bignardi, R. R. Borquis, L. El Faro, F. Baldi, L. G. Albuquerque and H. Tonhati. 2010. Random regression models to estimate genetic parameters for test-day

milk yield in Brazilian Murrah buffaloes. *J Anim Breed Genet* 127, 369-376.

Swalve, H. H. 2000. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. *J. Dairy Sci.* 83: 1115-1124.

Tonhati, H., M. F. Cerón-Muñoz, J. A. de Oliveira, L. El Faro, A. L. Lima and L. G. de Albuquerque. 2008. Test-day milk yield

as a selection criterion for dairy buffaloes (*Bubalus bubalis* Artiodactyla, Bovidae). *Genetics and Molecular Biology* 31, 674-679.

Zumbach, B., S. Tsuruta, I. Misztal and K. J. Peters. 2008. Use of a test day model for dairy goat milk yield across lactations in Germany. *J. Anim. Breed. Genet.* 125, 160-167.