

Selección del carácter velocidad de ordeño y su inclusión en un índice de sanidad de la ubre en vacuno lechero.

Fernández-Perea, M.T.¹, Carabaño Luengo, M. J.¹, Alenda Jiménez R.², Serrano Noreña M.¹.

¹Departamento de Mejora Genética Animal. INIA. Carretera de A Coruña Km 7,5.
28040 Madrid.mayte@inia.es

²Depto. Producción Animal.E.T.S.I.A.Universidad PolitécnicaCiudad
Universitaria.28040Madrid

INTRODUCCIÓN

La mastitis es la enfermedad con mayor repercusión económica en las explotaciones de vacuno lechero debido al elevado coste que supone su tratamiento y al desecho que provoca (Shook y Shultz, 1994). El desarrollo de un índice de sanidad de la ubre que permita seleccionar los animales más resistentes a la mastitis y disminuir los costes de tratamiento y desecho que provoca la enfermedad es, por tanto, de interés para los productores. Cuando no se dispone de datos en los que se registre la incidencia de la enfermedad, los caracteres que se incluyen en el índice son el recuento celular y caracteres de conformación de ubre, por su correlación con presencia de mastitis en el rebaño. Otro carácter relacionado con los anteriores y que supone un importante coste en las explotaciones es la velocidad de ordeño. La naturaleza categórica de este carácter plantea dos alternativas de análisis, el uso un modelo lineal o de un modelo umbral. Varios estudios argumentan la ventaja de utilizar los modelos umbrales para caracteres categóricos (Kadarmideen et al., 2000; Zwald et al., 2006) ya que los valores estimados de las heredabilidades son mayores que utilizando el modelo lineal clásico. Esto supone una mayor precisión a la hora de escoger los reproductores genéticamente más resistentes a mastitis para la siguiente generación. El objetivo de este trabajo es investigar la inclusión del carácter velocidad de ordeño en un índice de sanidad de la ubre utilizando alternativamente un modelo lineal o un modelo umbral.

MATERIAL Y MÉTODOS

Los datos utilizados en el trabajo corresponden a las tres primeras lactaciones de la población frisona del País vasco y Navarra, suministrados por EFRIFE desde 1990 hasta el año 2002. En total fueron analizadas 20.023 lactaciones de 7.888 vacas, con un total de 28.798 animales en el pedigree.

La tabla 1 describe los caracteres profundidad de ubre (PU), colocación de pezones anteriores (CPA), colocación de pezones posteriores (CPP), distancia entre pezones (DEP), recuento celular por lactación (RCS) y velocidad de ordeño (VO), así como la media y desviación típica de los mismos.

Tabla 1: Descripción, número de observaciones (N), media (X) y desviación típica (DT) de los caracteres utilizados en el índice de sanidad de ubre.

Carácter	Descripción del carácter*	N	X	DT
PU	1= baja,..., 9 =alta (6,5,4)	7.888	5.13	1.57
CPA	1=exteriores,..., 9=interiores (6,5,4)	7.888	4.51	1.54
CPP	1=exteriores,...,9 =interiores (6,5,4)	7.888	5.97	1.62
DEP	1=juntos...9=separados (6,5,4)	7.888	4.75	1.23
RCS	Media del log ₂ del recuento ajustado	20.023	3.74	1.34
VO	1=fácil...3=difícil (2)	7.888	1.88	0.59

*valores óptimos entre paréntesis

Los seis caracteres descritos se analizaron usando dos modelos multicarácter que, alternativamente consideraban un modelo lineal para todos los caracteres (modelo MCL) o lineal para los caracteres de tipo y recuento celular y umbral para el carácter velocidad e ordeño (modelo MCU). La tabla 2 muestra los efectos considerados y el número de niveles de los mismos para cada carácter.

El análisis estadístico se llevó a cabo usando inferencia bayesiana con Gibbs sampling. Tras un periodo de calentamiento de 20,000 iteraciones se utilizaron 220,000 iteraciones adicionales para hacer inferencia sobre la distribución marginal posterior de los parámetros desconocidos. Se utilizó el programa informático gibumb56kk.for desarrollado por Legarra (2002, comunicación personal)

Tabla 2: Número de niveles de los efectos rebaño-año-estación (Rae), edad al parto (Ep), días en lactación (DI), número de lactación (NI), calificador (CI), animal (An) y ambiental permanente (pe), considerados en el modelo lineal para los caracteres incluidos en el índice.

Carácter	Rae	Ep	DI	NI	CI	An	pe
PU,CPA,CPP,FTL	1298	46	30	2	14	28.798	7888
RCS	2183	-	-	3	-	28.798	7888
VO	2068	-	-	-	-	28.798	-

:- efecto no considerado en el modelo

Se desarrolló un índice lineal de selección para sanidad de ubre (ISU) combinando los seis caracteres mencionados bajo los dos modelos alternativos.

$$ISU = \mathbf{b}' \hat{\mathbf{u}}$$

, donde \mathbf{b} es el vector que contiene los coeficientes de ponderación de cada carácter y $\hat{\mathbf{u}}$ es el vector de valores genéticos predichos para cada carácter. El vector \mathbf{b} de pesos del índice, se calculó según la ecuación:

$$\mathbf{b} = \mathbf{P}^{-1} \mathbf{G} \mathbf{a}$$

, siendo: \mathbf{P} la matriz de (co)varianzas fenotípicas de los caracteres incluidos en el índice de selección, \mathbf{G} la matriz de (co)varianzas genéticas entre los seis caracteres del índice de selección y los caracteres del genotipo agregado (RCS en este caso) y \mathbf{a} el vector de valores económicos en el agregado genotípico (el valor económico para el recuento celular, calculado a partir de la derivación de la función de beneficio con respecto a esa variable según Pérez-Cabal et al., 2004).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las estimas de heredabilidades y correlaciones entre los caracteres del índice bajo los dos modelos, MCL y MCU, se muestran en la tabla 3. El uso de uno u otro modelo apenas tuvo efecto en las estimas de heredabilidades o correlaciones, excepto para la heredabilidad del carácter VO, que fue más alta bajo el modelo MCU. Los valores de heredabilidad para el carácter VO encontrados en este estudio concuerdan con los encontrados en otros estudios, en los que se reseñan valores entre 0.10 y 0.15 para la heredabilidad en la escala subyacente (Zwald et al., 2006).

Tabla 3: Estimaciones de las correlaciones genéticas (triángulo superior), fenotípicas (triángulo inferior) y heredabilidades (diagonal) para los seis caracteres que componen el índice de selección calculadas con el modelo lineal para todos los caracteres (MCL) y con el modelo umbral para velocidad ordeño (MCU).

Carácter	MCU						MCL					
	PU	CPP	CPA	FTL	RCS	VO	PU	CPP	CPA	FTL	RCS	VO
PU	0.35	0.25	0.21	-0.13	-0.51	0.04	0.36	0.25	0.22	-0.14	-0.57	-0.00
CPP	0.16	0.25	0.54	-0.34	-0.20	-0.10	0.16	0.24	0.57	-0.37	-0.21	-0.013
CPA	0.16	0.41	0.25	-0.16	-0.07	-0.06	0.26	0.41	0.26	-0.16	-0.05	-0.07
DEP	-0.08	-0.14	-0.07	0.33	0.12	0.12	-0.09	-0.14	-0.07	0.32	0.12	0.14
RCS	-0.15	-0.05	-0.04	0.00	0.18	-0.18	-0.16	-0.05	-0.03	0.06	0.15	-0.17
VO	-0.07	-0.05	-0.05	0.08	-0.07	0.19	-0.06	-0.04	-0.05	0.07	-0.06	0.14

La tabla 4 muestra los valores de los pesos de los caracteres en el índice utilizando MCL y MCU. Esto da lugar a dos ranking distintos, que se comparan en la tabla 5 para toros con más de 30 hijas. Aproximadamente un 60% de los toros sufrieron alteraciones mínimas (5 puestos o menos) en el ranking, mientras que un 8% alteró su posición en más de 10 puestos.

Tabla 4: Valores de los pesos del índice calculados para el modelo lineal (b_{MCL}) y el modelo umbral (b_{MCU}) para los distintos caracteres.

	PU	CPP	CPA	DEP	RCS	VO
b_{MCL}	0.088	0.022	-0.188	-0.016	-0.173	0.052
b_{MCU}	0.095	0.019	0.008	-0.003	-0.123	0.125

Tabla 5: porcentaje de cambio en el ranking de machos con más de 30 hijas, calculando el índice con el modelo lineal (MCL) y modelo umbral (MCU) para velocidad de ordeño.

Nº cambios de posición	MCL-MCU (%)
No cambia de posición	8.5
Menos de 5 posiciones de cambio	52
De 5 a 10 posiciones	28
+de 10 posiciones	8

El uso de un modelo umbral para la evaluación genética del carácter VO en la población analizada presenta ventajas frente al uso del modelo lineal en cuanto a la obtención de estimas más elevadas de la heredabilidad, con un consiguiente aumento de la precisión en la estima del valor genético de los reproductores. Por otra parte, la selección para mejorar la sanidad de la ubre mediante el índice propuesto no se alteraría de forma sustancial en función del modelo empleado para VO. Más aun, el reducido tamaño de los grupos de comparación y el elevado coste computacional que requiere la metodología umbral, son las desventajas más importantes que hacen que esta alternativa sea, de momento, difícilmente transferible a corto plazo a la evaluación genética nacional de la velocidad de ordeño.

AGRADECIMIENTOS

A EFRIFE por la aportación de los datos de velocidad de ordeño.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Fernández et al. 2000. Estudio del carácter velocidad de ordeño y recuento de células somáticas en primera lactación en la población frisona del país vasco. ITEA. Producción Animal, vol. 96, nº 3: 270-276
- Kadarmideen ., et al. 2000. Linear and threshold model genetic parameters for disease, fertility and milk production in dairy cattle. Anim. Sci. 71: 411-419.
- Pérez-Cabal et al.,2004. Costes de mastitis en vacuno de leche. ITEA. Producción Animal, vol. 100, nº 3: 244-248
- Shook and Schutz.1994. Selection on somatic cell score to improve resistance to mastitis in the United States. J. Dairy Sci. 77:648-658.
- Zwald et al., .2006. Genetic Analysis of Clinical Mastitis Data from On-Farm Management Software Using Threshold Models. J. Dairy Sci.89:330-336.