

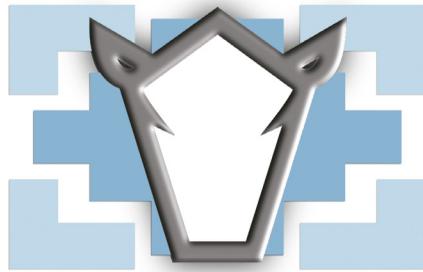
FORO ARGENTINO DE GENETICA BOVINA



GPS

**Guía de Procedimientos Sugeridos:
Evaluación Genética de Bovinos de Carne**

Nueva Edición
Revisada y Ampliada
Julio 2023



GPS

Guía de Procedimientos Sugeridos (GPS) para la Evaluación Genética de Bovinos de Carne

Nueva Edición
Revisada y Ampliada
Julio 2023

EDITORIAL



La Comisión Directiva del Foro Argentino de Genética Bovina se complace en presentarles la "Nueva Edición Revisada y Ampliada de la Guía de Procedimientos Sugeridos (GPS)".

Desde su creación, el FAGB ha impulsado la elaboración del GPS, con el propósito de uniformar la metodología de recolección de datos zootécnicos, orientar y capacitar a los productores ganaderos, a los asesores genéticos, a los técnicos, a los docentes y a los estudiantes en ciencias agropecuarias en la manera en que esos datos deben ser tomados desde su fuente, trasladados y procesados. Esta actualización incorpora las últimas novedades metodológicas y nuevas herramientas para la selección genética.

Hemos convocado a los más reconocidos e idóneos especialistas en genética bovina del país para elaborar esta guía y queremos agradecerles tanto a ellos como a todos quienes han colaborado en el desarrollo del GPS original y de esta nueva edición.

Es nuestro anhelo que la misma se constituya en una herramienta valiosa para todos aquellos a quienes les interese el mejoramiento genético, pilar fundamental en la búsqueda permanente de la eficiencia y la sustentabilidad de la producción de carne bovina.

A handwritten signature in black ink, appearing to read 'Tiziana Prada'.

Ing. Tiziana Prada
Presidente FAGB

GUÍA DE PROCEDIMIENTOS SUGERIDOS (GPS): PARA LA EVALUACIÓN GENÉTICA DE BOVINOS DE CARNE

FORO ARGENTINO DE GENÉTICA BOVINA

Av. Cerviño 4449, piso 10

CP1425 - CABA

Tel.: 011 4516-4807

e-mail: forodegeneticabovina@gmail.com

Coordinador: Ing. Zoot. Diego Rodriguez

ISBN 978-987-26044-1-7

Impreso en Argentina

1ª edición - Julio de 2010

2ª edición - Julio de 2023

Impresión y diagramación:

Publicidad Norte / A. Staricco

San Martín 424, p. 6º of. 17

C1004AAJ - Cdad. de Buenos Aires - Argentina

Tel: (011) 4325-7753 / 4326-5801

e-mail: publicidadnorte@sinectis.com.ar

Quedan reservados todos los derechos de la presente edición.
Esta guía no se podrá reproducir total o parcialmente sin expreso
consentimiento del Foro Argentino de Genética Bovina.



ENTIDADES MIEMBROS DEL **FORO ARGENTINO DE GENÉTICA BOVINA**

Al momento de publicarse esta Nueva Edición
Julio de 2023

-  **ASOCIACIÓN ARGENTINA CRIADORES BLONDE D'AQUITAINE**
no tiene página web
 -  **ASOCIACIÓN ARGENTINA CRIADORES DE HEREFORD**
www.hereford.org.ar
 -  **ASOCIACIÓN ARGENTINA DE CRIADORES
DE GANADO BOVINO CRIOLLO**
www.bovinocriollo.org.ar
 -  **ASOCIACIÓN ARGENTINA DE ANGUS**
www.angus.org.ar
 -  **ASOCIACIÓN ARGENTINA DE BRANGUS**
www.brangus.org.ar
 -  **ASOCIACIÓN ARGENTINA DE CRIADORES DE BONSMARA**
www.bonsmara.org.ar
 -  **ASOCIACIÓN ARGENTINA DE CRIADORES DE LIMOUSIN**
www.limousin.org.ar
 -  **ASOCIACIÓN ARGENTINA DE CRIADORES DE SANTA GERTRUDIS**
www.santagertudisargentina.org
 -  **ASOCIACIÓN ARGENTINA DE MURRAY GREY**
www.murraygreyargentina.com.ar
-

-
-  **ASOCIACIÓN ARGENTINA DE CRIADORES DE SHORTHORN**
www.shorthorn.org.ar
 -  **ASOCIACIÓN BRAFORD ARGENTINA**
www.braford.org.ar
 -  **ASOCIACIÓN CRIADORES BRAHMAN ARGENTINA**
www.brahman.org.ar
 -  **ASOCIACIÓN CRIADORES GANADO SANGA**
www.ganadosanga.com.ar
 -  **ASOCIACIÓN SIMMENTAL ARGENTINA**
no tiene página web
 -  **PRODUCTORES DE LIMANGUS ARGENTINOS**
www.limangus.org.ar

ENTIDADES

-  **CÁMARA ARGENTINA DE BIOTECNOLOGÍA
DE LA REPRODUCCIÓN E INSEMINACIÓN ARTIFICIAL**
www.cabia.org.ar
-  **SOCIEDAD RURAL ARGENTINA**
www.ruralarg.org.ar

NOTA: Al momento de publicarse la 1ra. Edición en julio de 2010 también eran miembros del FAGB las siguientes:

-  **ASOCIACIÓN ARGENTINA DE CRIADORES DE BÚFALOS**
www.bufalos.org.ar
 -  **ASOCIACIÓN CRIADORES DE HOLANDO ARGENTINO**
www.acha.org.ar
 -  **ASOCIACIÓN ARGENTINA DE CRIADORES DE JERSEY**
www.jerseyargentina.com.ar
 -  **ASOCIACIÓN ARGENTINA DE CRIADORES DE WAGYU**
www.wagyuargentina.com.ar
 -  **SOCIEDAD ARGENTINA DE TECNOLOGÍAS EMBRIONARIAS**
www.sateweb.org.ar
-

GRUPO DE TRABAJO

La 1ra. Edición publicada en Julio de 2010 fue elaborada por el siguiente grupo de trabajo, cuyos datos se reproducen textualmente aunque algunos pueden haberse modificado con posterioridad a esa fecha:

El Foro Argentino de Genética Bovina desea agradecer muy especialmente a las siguientes personas que hicieron posible la elaboración de esta “Guía de Procedimientos Sugeridos (GPS): para la Evaluación Genética de Bovinos de Carne”.



Dr. Juan Bullo (f.)

Médico Veterinario

En representación de: Asociación Argentina Criadores de Hereford.

Director Ejecutivo, Asociación Argentina Criadores de Hereford.

e-mail: info@hereford.org.ar



Dra. María Calafé

Médica Veterinaria

Asesora técnica PEG – Programa de Evaluación Genética de la Asociación Argentina Criadores de Hereford.

e-mail: genetica@hereford.org.ar



Dr. Rodolfo J. Cantet

Ingeniero Agrónomo, MSc, PhD

Académico de Número - Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria - Investigador Superior - Instituto de Investigaciones en Producción Animal (INPA) – CONICET.

e-mail: rcantet@agro.uba.ar



Mariano Fernández Alt

Secretario de la Comisión Técnica y Coordinador del Programa ERA (Evaluación de Reproductores Angus).

En representación de: Asociación Argentina de Angus.

e-mail: era@angus.org.ar



Dr. Carlos Fernández Pazos

Médico Veterinario

En representación de: Asociación Argentina de Brangus y Asociación Braford Argentina. Coordinador del Comité Técnico, Asociación Argentina de Brangus.

e-mail: ferpazos@fibertel.com.ar



Dr. Claudio Fioretti

Médico Veterinario, MSc, PhD

En representación de: Asociación Criadores Brahman Argentina.

Director Genético, Estancias y Cabaña Las Lilas S.A.

e-mail: cfioretti@laslilas.com.ar



Dr. Horacio Guitou

Ingeniero Agrónomo, MSc, PhD

En representación de: Asociación Argentina de Angus y Asociación Argentina de Criadores de Shorthorn. Coordinador de la Unidad de Evaluación Genética. Instituto de Genética, INTA Castelar. Profesor Titular, Facultad de Veterinaria, Universidad del Salvador (USAL).

e-mail: hguitou@hotmail.com



Lic. Aldo Monti

MSc

Unidad de Evaluación Genética, Instituto de Genética, INTA Castelar. Profesor adjunto, Facultad de Veterinaria, Universidad del Salvador (USAL).

e-mail: montialdo@inta.gob.ar



Dra. Sol Masgoret

Médica Veterinaria, MSc

Secretaria Técnica de la “Guía de Procedimientos Sugeridos (GPS): Evaluación Genética de Bovinos de Carne”.

En representación de: Asociación Argentina de Criadores de Bonsmara. Gerente, Asociación Argentina de Criadores de Bonsmara.

Consultora Técnica, Solugen.

e-mail: solmasgoret@solugen.com.ar



Ing. Agr. Daniel Musi

Consultor y Asesor en genética de bovinos, colaborador externo del Foro Argentino de Genética Bovina.

e-mail: daniel_musi@yahoo.com.ar



Ing. Agr. Laura Pruzzo

MSc

Cátedra de Mejoramiento Genético Animal, Departamento de Producción Animal, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires (UBA).

e-mail: lpruzzo@agro.uba.ar



Ing. Agr. Mónica Santos Cristal

Cátedra de Mejoramiento Genético Animal, Departamento de Producción Animal, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires (UBA)

e-mail: santos@agro.uba.ar



Dr. Ricardo Sibilla

Médico Veterinario

En representación de: Asociación Argentina de Criadores de Santa Gertrudis. Gerente, Asociación Argentina de Criadores de Santa Gertrudis. Jefe de Registros, Asociación Criadores Brahman Argentina.

e-mail: ric_sibilla@yahoo.com.ar

Nuevos colaboradores que integraron el equipo de trabajo con aportes para la elaboración de esta Nueva Edición.

El Foro Argentino de Genética Bovina agradece también muy especialmente a las siguientes personas que realizaron valiosos aportes de nuevo contenido para agregarle valor a esta Nueva Edición, y que también se mencionan en las secciones correspondientes:



Stewart Kambo, Ing. Agr. Responsable técnico de la Asociación Argentina de Brangus, docente en la cátedra de Bovinos de Carne en la Facultad de Agronomía de la UBA. A cargo de la coordinación de los proyectos técnicos de la raza Brangus; asesor ganadero.

e-mail: genetica@brangus.org.ar

 **Dr. Sebastián Munilla**, Ing. Agr. y Dr. en Ciencias Agropecuarias, Profesor de Mejoramiento Genético Animal en Facultad de Agronomía de la UBA, investigador del CONICET. A cargo del desarrollo e implementación de programas de evaluación genética de diversas razas de bovinos de carne en nuestro país.
e-mail: munilla@agro.uba.ar

 **Dr. Aníbal Pordomingo**, Ing. Agr., M. Sc, PhD en Animal Science, New Mexico State University. Investigador del INTA en alimentación animal, calidad de carne, eficiencia de producción y sistemas ganaderos bovinos para carne. Docente Fac. Cs. Vet. de la UN La Pampa. Profesor Adjunto Central Queensland University North Rockhampton, Australia y Animal Science Department, Clemson University, South Carolina, USA.
e-mail: apordomingo@gmail.com

 **Dra. Adriana Beatriz Pordomingo**, Licenciada y profesora en Química. Universidad Nacional de La Pampa. Doctora en Ciencia Animal. Posgrado de la Universidad Nacional del Centro de la Prov. De Buenos Aires. Investigadora EEA INTA Anguil en producción y calidad de carne. Docente UN La Pampa.
e-mail: msuarez@agro.uba.ar

 **Dra. María José Suárez**, Ing. Agr. y Dra. En Ciencias Agropecuarias. Docente en cátedra de Mejoramiento Genético Animal en la Facultad de Agronomía de la Universidad de Buenos Aires. Participa en programas de evaluación genética de las razas bovinas Brangus, Braford y Limousin.
e-mail: msuarez@agro.uba.ar

Coordinador de contenidos de esta Nueva Edición del GPS 2023

 **Lic. Agustín Arroyo**, Lic. en Cs. Agrarias (UCA), ex Prof. Titular cátedra de Mejoramiento Animal, ex gerente / D.E. asociaciones de Cebú, Angus, Braford y Hereford, colaborador externo en Brangus y Shorthorn, asistente desarrollo de proyectos del Foro Argentino de Genética Bovina.
e-mail: aarroyo.fagb@gmail.com

ÍNDICE

PRESENTACIÓN	19
--------------------	----

CAPÍTULO 1

CONTROL DE PRODUCCIÓN DE BOVINOS DE CARNE	22
1.1 Introducción.....	22
1.2 La importancia de una evaluación genética.....	23
1.3 Selección genética	26
1.4 Importancia de la toma de datos.....	28

CAPÍTULO 2

EVALUACIÓN GENÉTICA OBJETIVA.....	30
2.1 Introducción.....	30
2.2 Características que afectan la eficiencia reproductiva.....	33
2.2.1 Largo de gestación.....	33
2.2.2 Facilidad de parto.....	33
2.2.3 D.E.P. de facilidad de parto.....	35
2.2.4 Circunferencia escrotal.....	40
2.3 Características de crecimiento.....	41
2.3.1 Peso de nacimiento.....	41
2.3.2 Peso al destete	42
2.3.3 Leche o aptitud materna para peso al destete.....	43
2.3.4 Peso final	43
2.3.5 Altura y frame score.....	44
2.3.5 Altura y frame score.....	44

2.4	Peso de vaca adulta	46
2.5	Nuevos DEPs.....	50
2.5.1	D.E.P. de docilidad.....	50
2.6	D.E.P. de tipo de pezuña y D.E.P del ángulo del pie.....	55
2.7	Características de rendimiento y calidad carnicera.....	60
2.7.1	Medición de características por ultrasonido.....	60
2.7.2	Espesor de grasa dorsal.....	63
2.7.3	Espesor de grasa de cadera	64
2.7.4	Área de ojo de bife.....	66
2.7.5	Porcentaje de grasa intramuscular.....	67
2.7.6	Porcentaje de cortes minoristas	69
2.7.7	Protocolo de procedimientos para la medición ecográfica.....	69
2.8	Cronograma de pesadas y medidas.....	70
2.9	Recomendaciones para las pesadas.....	71

CAPÍTULO 3

	PRINCIPALES CONCEPTOS SOBRE LAS DEP	73
3.1	Diferencia esperada entre progenies (DEP)	73
3.1.1	Modelo utilizado para calcular las DEP. Modelo Animal	75
3.1.2	Información utilizada para calcular las DEP	76
3.1.3	Precisión de las DEP	76
3.1.3.1	Cambio posible.....	81
3.1.4	Rangos de las DEP.....	85
3.1.5	Percentiles.....	86
3.1.6	DEP de pedigree y DEP interinas.....	88
3.2	Tendencias genéticas	89
3.3	Base genética.....	90
3.4	Grupos de contemporáneos	92

3.5	Sesgo por información incompleta	95
3.6	Ajuste de las DEP por heterosis en razas compuestas	96
3.7	Toros de referencia.....	97
3.8	Predicción de los valores de cría de animales nacidos por trasplante embrionario en los modelos de evaluación genética empleando metodología de “Error de medición”.....	99

CAPÍTULO 4

USO DE LAS DEP COMO HERRAMIENTA DE SELECCIÓN.....	102
El reproductor adecuado.....	103
Guía práctica para la interpretación y uso adecuado de las DEP	106
Modelo de sumario o de resumen de padres	117
Unidades ejecutoras	122

CAPÍTULO 5

MARCADORES GENÉTICOS.....	124
5.1 Introducción.....	124
5.2 Marcadores moleculares para ternera.....	126
5.3 Marcadores moleculares para otras características	128
5.4 Evaluación genómica	130
5.5 Implementación de la evaluación genómica.....	133
5.6 Evaluación genómica en la raza Hereford.....	146
5.7 Evaluación genética de reproductores empleando genómica para refinar el parentesco: los modelos de “regresión ancestral” y el PAR (“regresión ancestral a los padres”).....	156

CAPÍTULO 6

RESIDUAL <i>FEED INTAKE</i> EN BOVINOS.....	166
Las determinaciones en Argentina.....	167
Implicancias biológicas y ambientales	170
¿Cómo se mide ese carácter de RFI?	171
El sistema de medición de consumo	173
Eficiencia de conversión y su evaluación genética.....	179

GLOSARIO DE TÉRMINOS UTILIZADOS	192
--	-----

APÉNDICE A

Identificación de los animales de un rodeo.....	202
---	-----

APÉNDICE B

Bases genéticas	212
-----------------------	-----

APÉNDICE C

Tablas de frame score	214
-----------------------------	-----

APÉNDICE D

Ajuste de peso al destete y peso final.....	216
---	-----

APÉNDICE E

Planillas orientativas de control de producción.....	219
--	-----

PRESENTACIÓN

El **Foro Argentino de Genética Bovina (FAGB)** es una organización creada el 4 de noviembre de 2003 para promover y fortalecer la oferta, el mejoramiento y la utilización de genética bovina, en un marco de transparencia y profesionalismo, agregando valor a la cadena de producción de carne y leche para beneficio de sus integrantes y de la comunidad en general.

Está integrado por las principales Asociaciones de Criadores de razas bovinas del país, la Sociedad Rural Argentina (SRA) y la Cámara Argentina de Biotecnología de la Reproducción e Inseminación Artificial (CABIA).

Los objetivos del Foro son los siguientes:

- Generar vínculos con los sectores público y privado tendientes a realizar acciones de interés común que contribuyan a mejorar la cadena de valor de la genética bovina.
- Fortalecer la producción, difusión y uso de la oferta de genética bovina mediante actividades de extensión y capacitación.
- Generar información útil para el proceso de decisión empresaria y el conocimiento integral de la actividad para la sociedad en su conjunto.
- Contribuir al desarrollo de las políticas públicas en lo que atañe a la genética bovina y su adecuada aplicación a los sistemas productivos.
- Ampliar los mercados -locales e internacionales- de genética bovina bajo condiciones de transparencia y competitividad.
- Propender a hacer eficientes y efectivas todas las operatorias relacionadas con la transferencia y /o comercialización de la genética bovina tanto a nivel nacional como internacional.
- Difundir mediante congresos, simposios, reuniones de campo, cursos de especialización y material bibliográfico, los conocimientos y formas de aplicación de la genética.

Si bien la reconocida eficiencia de la producción bovina de nuestro país se sustenta en los clásicos pilares constituidos por adecuados niveles de alimentación, manejo, sanidad y genética,

no hay dudas de que ésta última es la principal responsable de la excelencia zootécnica alcanzada por los rodeos argentinos, que cuentan con un muy buen ganado prestigio internacional y cuyo producto final, la carne argentina, es considerada como una de las mejores del mundo.

En la etapa inicial de la cadena de producción de carne bovina argentina coexisten dos eslabones, para los cuales el mejoramiento genético adquiere una prioridad relevante: la cabaña -productores de reproductores- y los criadores comerciales o productores de terneros. Ambos actúan de manera conjunta nutriendo a los demás eslabones de la cadena hasta llegar al plato del consumidor argentino o extranjero.

La gran responsabilidad de la cabaña, consiste en la búsqueda permanente de maximizar el mérito genético de los reproductores -en pie, semen o embriones-, y los resultados de su negocio están asociados al logro de tal objetivo. Asimismo, el éxito del otro eslabón, los criadores, y de las siguientes etapas de recría, invernada y terminación, se sustenta en optimizar la cantidad y calidad de kilos de carne logrados por vientre o por unidad de superficie, según el caso.

Es interés común de todos los actores de la cadena disponer de la mejor genética, que es, ni más ni menos, aquella que permita la optimización de los demás factores de producción; la que dote a los reproductores y a los terneros de ambos sexos del máximo potencial productivo, para producir la mayor cantidad de carne, de la mejor calidad, de la manera más eficiente y rentable posible.

La importancia del rol que la genética desempeña como condicionante de los resultados físicos y económicos de la producción de carne bovina se ha incrementado en los últimos años, y ello se debe en gran medida a las actividades de extensión y capacitación de las distintas organizaciones y entidades técnicas y académicas interesadas en el mejoramiento y el crecimiento de nuestra ganadería.

Entre ellas, adquieren especial trascendencia las distintas Asociaciones de Criadores de las principales razas bovinas del país, que vienen instrumentando desde hace varios años distintos tipos de programas oficiales de evaluación genética de sus reproductores, promocionando entre los cabañeros las mediciones objetivas del comportamiento reproductivo y productivo de los planteles y progenies, centralizando y apoyando el procesamiento científico de las enormes bases de los datos recogidos, para transformarlos luego en resultados confiables y útiles para la valoración y predicción del mérito genético de los individuos superiores disponibles para ser seleccionados.

En este marco, ha surgido en la Argentina la necesidad de establecer normas básicas estandarizadas para que los resultados de esos programas de evaluación genética adquieran la mayor confiabilidad y precisión posible, emulando lo realizado en los países ganaderos técnicamente más avanzados. En primer término, uniformando los criterios en base a los cuales se toman y

recogen los datos de comportamiento reproductivo, productivo y cualitativo de los animales cuyo mérito genético se pretende evaluar. En segundo lugar, estableciendo criterios para la interpretación y uso de los resultados de los programas de evaluación genética.

Por tal motivo, desde su creación, el Foro Argentino de Genética Bovina ha impulsado, como una de sus principales aspiraciones, la elaboración de la presente “**Guía de Procedimientos Sugeridos (GPS): Evaluación Genética de Bovinos de Carne**”, con el propósito de uniformar la metodología de recolección de datos, y orientar y capacitar a los productores ganaderos, a los asesores genéticos, a los técnicos, a los docentes y a los estudiantes en ciencias agropecuarias en la manera en que esos datos deben ser tomados desde su fuente -el animal mismo-, trasladados y procesados, para que se transformen en un reflejo real y fidedigno de la genética que ha sido responsable de su manifestación en el fenotipo del animal.

En síntesis, la mencionada **Guía** tiene como objetivo homologar los procedimientos recomendados para uniformizar la medición, registro y procesamiento de datos zootécnicos y el empleo de la información resultante, uniformando la terminología y la metodología aplicada en los mismos, realzando la importancia que reviste la evaluación objetiva de los reproductores bovinos de razas de carne, y estableciendo recomendaciones y sugerencias para apoyar y orientar a los cabañeros y criadores comerciales de terneros.

Para lograr este objetivo, el Foro Argentino de Genética Bovina convocó a los más idóneos y reconocidos especialistas en genética bovina del país, quienes trabajando en equipo pudieron elaborar la presente **Guía**, fruto de un esfuerzo continuo, experiencia acumulada, consenso y lenguaje accesible para sus lectores.

Con la publicación de la primera edición de esta Guía, el **Foro Argentino de Genética Bovina** satisface una de sus principales aspiraciones, al tiempo que confía en que se constituya en una herramienta valiosa para todos aquellos a quienes les interese el mejoramiento genético de la producción de carne bovina, tanto en la Argentina como en los países vecinos cuyos sistemas productivos resulten similares a los nuestros.

Si este anhelo se logra, uno de los objetivos prioritarios que justifican la existencia misma de este Foro estará cumplido, y con ello estará contribuyendo al beneficio de los integrantes de la cadena de producción de carne, de todos y cada uno de sus integrantes y de la comunidad en general.



1ra. Edición - Julio de 2010
Nueva Edición Revisada y Ampliada - Julio 2023

CAPÍTULO

I

CONTROL DE PRODUCCIÓN DE BOVINOS DE CARNE

1.1 INTRODUCCIÓN

La motivación del estudio de la genética surgió hace muchos años, cuando los productores de distintas especies de vegetales y animales observaban la variabilidad de producción de sus cultivos y ganado. Estos mismos productores fueron entonces los pioneros como genetistas, ya que evaluaban lo más importante de la genética: la variabilidad existente dentro de una misma especie. En lo que se refiere específicamente a la ganadería, la primera herramienta que se utilizó fue la selección visual, que si bien fue muy útil para describir y seleccionar los animales por su aspecto, este tipo de evaluación subjetiva no permitía diferenciar cuánto de esa apreciación visual estaba integrada por efectos genéticos o ambientales.

LA VARIABILIDAD ENTRE LOS INDIVIDUOS DIO LUGAR A LA SELECCIÓN VISUAL

Previo a los años 1800 nada se sabía sobre los genes, ni los cromosomas, ni la mitosis ni la meiosis; mucho menos de la consanguinidad. Posteriormente, Mendel observó la forma mediante la cual se transmiten ciertas características, al poder explicar cómo los genes segregan y se transmiten de padres a hijos. Desde entonces y hasta el presente, numerosos investigadores nos han dotado

de herramientas para producir cambios direccionales en las principales características de interés económico, que permiten capitalizar dicha variabilidad genética en el mejoramiento animal. Como consecuencia de los conocimientos que han surgido de la genética clásica -cuantitativa y molecular- se han desarrollado distintos programas de evaluación genética. El éxito de estos programas sólo puede estar garantizado por el correcto trabajo de los criadores a través de la implementación de un control de producción estandarizado que alimente una base de datos de performance centralizada en las asociaciones de criadores de cada raza.

EL CONOCIMIENTO DE LOS GENES Y LA FORMA DE TRANSMISIÓN (HERENCIA) DIO INICIO A LA EVALUACIÓN GENÉTICA

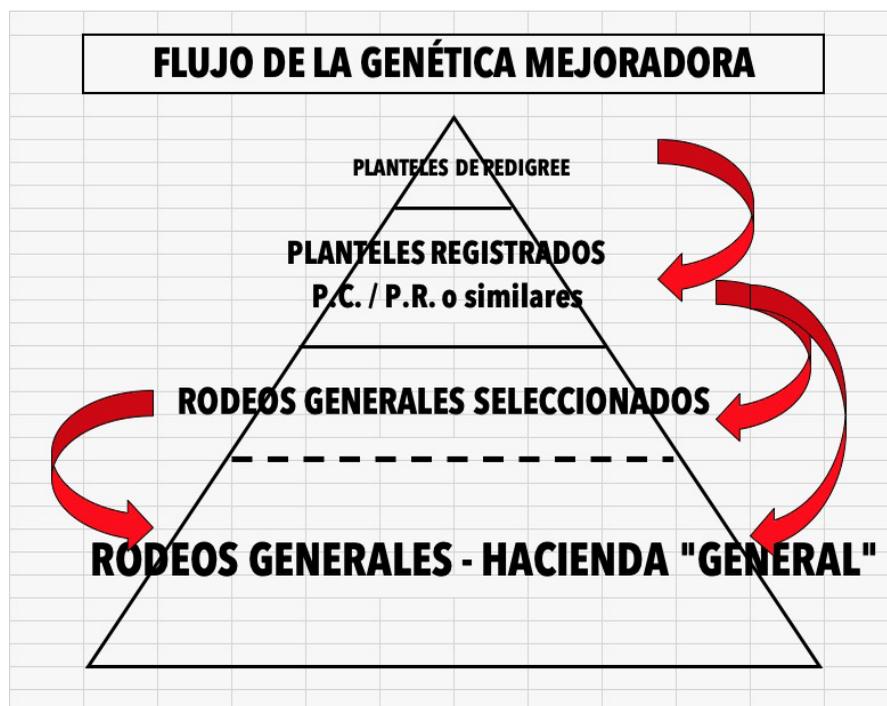
El control de producción se basa fundamentalmente en una correcta identificación y seguimiento de los animales en características que hacen a su eficiencia reproductiva, crecimiento, rendimiento y calidad del producto final: la carne. Con el fin de lograr un adecuado control de producción, es importante no sólo registrar la información de performance de cada animal, desde su nacimiento hasta llegar al mercado, sino también establecer códigos de manejo y unificar distintas características que afectan el valor de dichas mediciones.

LA ADECUADA IDENTIFICACIÓN DE LOS ANIMALES Y EL REGISTRO DE SU PRODUCCIÓN SON LA CLAVE PARA UNA ADECUADA EVALUACIÓN GENÉTICA

Los programas oficiales de evaluación genética involucran no sólo a los toros padres sino también a vientres, toritos, vaquillonas, terneros y terneras. La mayoría de las asociaciones evalúan en forma conjunta reproductores argentinos y extranjeros. Otras asociaciones de una misma raza, pero de diferentes países, comparten sus bases de datos y hacen una evaluación en conjunto, tornándose la misma en una evaluación genética internacional. A través de estos programas, las asociaciones de cada raza proveen a sus criadores los resultados de la evaluación genética de sus reproductores para distintas características de interés económico y publican, generalmente en forma anual o bianual, un Resumen o Sumario de Padres. Esta publicación incluye la evaluación genética de los toros activos para dichas características, dependiendo el criterio de inclusión de estos reproductores exclusivamente de cada asociación de criadores. El desafío de estas entidades no es sólo producir un Resumen de Padres, sino mejorarlo año tras año, mediante la optimización en cantidad y calidad de la información obtenida.

LOS PROGRAMAS DE EVALUACIÓN GENÉTICA INVOLUCRAN A LOS TOROS, LOS VIENTRES Y LA PROGENIE

En la producción de carne existen dos sectores y dos productos que trabajan conjuntamente en beneficio de la ganadería argentina. Por un lado, los criadores (cabañeros), cuya rentabilidad se genera por maximizar el mérito genético de los reproductores, semen o embriones que comercializan. Por otro lado, los productores comerciales (cría, recría e internada), cuya rentabilidad proviene de maximizar los kg/carne/ha/año por vientre que entra en servicio. Sin duda, estos dos sectores están íntimamente relacionados a través de la genética. Esta Guía está orientada tanto a los criadores como a los productores comerciales, y contiene recomendaciones basadas en investigaciones científicas y en experiencias en el sector ganadero. A lo largo del mismo se expondrán una serie de definiciones que tienen por objetivo la integración de todos los participantes en el desafío, no sólo de producir la mejor evaluación genética, sino también interpretarla. Para algunos, ciertas definiciones pueden ser obvias, mientras que para otros las mismas serán informativas y esclarecedoras. Quizá, para la gran mayoría, la definición de ciertos términos de biotecnología parecerá irrelevante para el presente, pero es necesario tener en cuenta que un programa de evaluación genética debe ser dinámico y permitir afrontar el presente, así como también incorporar los nuevos conocimientos a fin de ser activos protagonistas del futuro en beneficio de la producción ganadera de nuestro país.



1.2

LA IMPORTANCIA DE UNA EVALUACIÓN GENÉTICA

La producción animal se sustenta en cinco pilares fundamentales: nutrición, sanidad, manejo, genética y mercados. A diferencia de los otros aspectos mencionados, el mejoramiento genético es permanente y acumulativo en los planteles ganaderos.



Al observar o medir un animal (ejemplo: peso al destete) se está evaluando su fenotipo. Ese fenotipo es el resultado del genotipo (composición genética) más el ambiente (sanidad, nutrición, manejo, etc.) en el cual se desarrolló ese animal. La combinación de estos dos factores dará por resultado un individuo, en el cual los genes actuaron como determinantes y el medio ambiente como condicionante.

Formalmente:

$$F \text{ (fenotipo)} = G \text{ (genotipo o composición genética)} + A \text{ (ambiente)}$$

ES DETERMINANTE **ES CONDICIONANTE**

Donde:

Genotipo: Es su composición genética.

Ambiente: Es la combinación de todos los factores ambientales, con excepción de los genéticos, que pueden afectar la expresión de los genes.

Fenotipo: Es la manifestación externa del genotipo, es decir el conjunto de caracteres observables o medibles en un individuo. Consecuentemente, el fenotipo es el resultado de la interacción entre el genotipo y el ambiente.

El criador puede entonces mejorar la producción de su plantel o rodeo a través de dos vías, ya sea mejorando el ambiente, lo que implica obtener resultados rápidos, pero temporarios (por ejemplo mediante suplementación estratégica), o seleccionando reproductores genéticamente superiores, obteniendo resultados más lentos pero permanentes y acumulativos, siendo los resultados de los programas de evaluación genética la herramienta más importante para caracterizar a los animales y poder detectar así dichos reproductores.

GENETICA SUPERIOR + MEJOR AMBIENTE = MAYOR PRODUCTIVIDAD

1.3 SELECCIÓN GENÉTICA

Las evaluaciones genéticas, coordinadas y centralizadas en las asociaciones de criadores, son el primer paso en el desarrollo de un programa de mejoramiento, ya que predicen el mérito genético de los reproductores para las distintas características de interés económico a partir de la información disponible. Esta información no solo incluye los datos de producción, sino también los registros genealógicos de cada raza, administrados por la Sociedad Rural Argentina o por cada asociación en particular.

**LAS EVALUACIONES GENÉTICAS PERMITEN
PREDECIR EL MÉRITO GENÉTICO DE LOS ANIMALES**

Una vez obtenidos los resultados de la evaluación genética, estos son utilizados por los criadores y productores comerciales para tomar decisiones de selección que aumenten la eficiencia económica de su rodeo en las próximas generaciones. Estos resultados constituyen la mejor herramienta con la que cuenta el criador acorde a sus propios objetivos, su medio ambiente, su sistema de producción y su mercado, logrando de esta manera obtener avances permanentes y acumulativos en su rodeo.

**LA MEJORA GENÉTICA GENERA AVANCES
PERDURABLES Y ACUMULATIVOS**

Dado que existen distintos tipos de mercado, ambientes y sistemas de producción, es el productor ganadero el encargado de establecer sus propios objetivos de selección, es decir la característica o características que se desea mejorar genéticamente dentro de un rodeo y hacia las que se van a direccionar todas sus estrategias de selección. Para que esto pueda

traducirse en un incremento de las utilidades de la empresa, la selección debe estar dirigida a aquellas características que tienen relevancia económica. Estas características se pueden dividir en tres categorías.

Dada la variación que existe en los sistemas de producción y en los ambientes bio-económicos y sociales en los que se desarrollan los planteos ganaderos, surge la necesidad por parte de cada criador o productor comercial, de analizar y revisar periódicamente la definición de sus metas y objetivos de selección.

**CADA CRIADOR DEBE FIJAR LOS OBJETIVOS
DE ACUERDO A SUS NECESIDADES**

PRINCIPALES CARACTERÍSTICAS DE IMPORTANCIA ECONÓMICA

Características que afectan la eficiencia reproductiva: La eficiencia reproductiva es la prioridad en producción de carne, dado que todos los ingresos se multiplican por la cantidad de terneros logrados. Por lo tanto, cuando se habla de eficiencia reproductiva no se puede dejar de mencionar a las características relacionadas a la misma, como el peso al nacer de los terneros, la facilidad de parto y la circunferencia escrotal, en cualquier plantel ganadero.

Características de crecimiento: Lograda una buena eficiencia reproductiva, la velocidad de crecimiento y la precocidad de terminación dentro de un adecuado tamaño corporal, son características a las que se debe prestar especial atención. Monitorear características como el peso al nacer, peso al destete, peso final y altura permite al criador o productor comercial manejarse en la dirección deseada.

Características carniceras (rendimiento y calidad de carne): Estas características reflejan el rendimiento y la composición del producto final: la carne. En la actualidad, la industria de la carne se dirige hacia un mercado de «valor» del producto final: calidad de la carne. La producción agropecuaria en su conjunto se mueve en esta dirección de calidad. Son ejemplos de ello: el maíz, la soja, el trigo y la leche, entre otros. La tipificación porcina por porcentaje de carne magra, a través de equipos de ultrasonido, así como también la proteína en producción de leche, ratifican que la genética se mueve no sólo hacia la cantidad, sino también hacia la calidad del producto final. Otro aspecto a considerar es el mercado exportador, dado que existen exigencias en la calidad del producto, de acuerdo a los diferentes mercados internacionales. La evaluación de los caracteres relacionados con rendimiento y calidad carnicera también favorece a que los reproductores, semen y embriones de nuestro país puedan competir a nivel internacional con el germoplasma animal proveniente de países avanzados en esta materia. Por tales motivos, la selección de reproductores por rendimiento y calidad de carne es una ineludible necesidad del presente para afrontar el futuro (**ver 3.5**).

1.4

IMPORTANCIA DE LA TOMA DE DATOS

Como se mencionó anteriormente, el éxito de todo programa de evaluación genética radica principalmente en la calidad de la información tomada por el criador y los técnicos o profesionales, según corresponda, acorde a las planillas de control de producción desarrolladas por cada asociación de criadores en particular. La información que debe registrar el criador incluye datos de parentesco, tipo y fecha de servicio, fechas de nacimiento y datos de performance (pesadas, mediciones y códigos de manejo). Al comenzar con la toma de datos a campo, es común pensar que los requerimientos son muy complejos y que sólo están al alcance de productores de avanzada o alta tecnificación. Por el contrario, para este proceder sólo basta contar con los animales del plantel o rodeo perfectamente identificados y una balanza correctamente calibrada, ya que los cálculos complejos son llevados a cabo por los técnicos especializados de cada una de las asociaciones, para permitir al criador la posterior lectura e interpretación de los resultados de la evaluación genética.

LOS PRINCIPALES REQUISITOS SON IDENTIFICAR BIEN LOS ANIMALES, Y LA CORRECTA MEDICIÓN Y REGISTRO DE LOS DATOS TOMADOS

Para lograr una correcta identificación de todos los animales del plantel o rodeo, es imprescindible que los mismos cuenten con un número único, permanente e insustituible de identificación (registro particular o RP), a lo largo de todas sus etapas productivas, ya que de lo contrario la información remitida no será el verdadero reflejo del plantel y, por lo tanto, los resultados de la evaluación genética, tampoco lo serán (*ver Apéndice A*).

Uno de los puntos críticos en una evaluación genética es la remisión de datos de performance de mala calidad. Errores tales como fechas de nacimiento incorrectas producen desvíos en la mayoría de las mediciones subsecuentes. Si las edades de los individuos son incorrectas, la información de performance carece de valor. Los datos de peso deben ser tomados dentro de los rangos de edades preestablecidos y debe evitarse la estimación o redondeo de los valores remitidos. Es importante remarcar que los datos de mala calidad no sólo son inválidos, sino que afectan al resto de los animales evaluados, y es por esta razón que no deben ser incluidos en la evaluación genética.

LOS DATOS DE MALA CALIDAD INVALIDAN LOS RESULTADOS DEL CRIADOR Y AFECTAN LA CORRECTA EVALUACIÓN DE LOS DEMÁS

Otro aspecto importante a tener en cuenta a la hora de enviar los datos a la asociación correspondiente, sería el de incluir la información de performance de todos los animales que forman parte de un plantel, inclusive aquellos datos pertenecientes a los teneros nacidos muertos o animales rechazados, ya que al reportar sólo una fracción de los animales se crean desvíos importantes en los resultados de la evaluación genética (**ver 2.5**).

En conclusión: *La calidad de la información que recibe el criador, como resultado de la evaluación genética, será tan buena como la enviada por él para calcularla.*

En esta Guía se detallan las recomendaciones y sugerencias referidas a cuáles son las características que deben registrarse y cómo y cuándo deben medirse. Esta información debe ser volcada en las planillas de control de producción preestablecidas por cada asociación de criadores, para su envío y posterior evaluación.

EL OBJETO DE ESTA GUIA ES SUBRAYAR QUÉ, CÓMO Y CUÁNDO MEDIR



Para información específica sobre la evaluación genética de cada raza, por favor contáctese con la asociación de criadores correspondiente.

CAPÍTULO

II

EVALUACIÓN GENÉTICA OBJETIVA

2.1

INTRODUCCIÓN

En la actualidad, las asociaciones de criadores producen DEP para las distintas características de interés económico(*), a través de sus respectivos programas de evaluación genética. El éxito de estos programas radica, principalmente, en la calidad de información tomada por el criador, técnicos o profesionales, según corresponda, acorde a las planillas de control de producción desarrolladas por cada una de las asociaciones en particular.

(*) EL CAPÍTULO SIGUIENTE SE REFIERE A LAS DEP – DIFERENCIAS ESPERADAS ENTRE PROGENIES, CONCEPTO, FORMA DE CÁLCULO, PRECISIÓN Y OTRA INFORMACIÓN QUE PERMITE SU CORRECTA INTERPRETACIÓN Y UTILIZACIÓN EN LAS EVALUACIONES GENÉTICAS.

Si bien este capítulo está focalizado en la evaluación objetiva de reproductores, es importante recordar que la complementación que se realiza a través de la evaluación visual para ciertas características relacionadas a la funcionalidad de los animales, es un factor determinante a la hora de seleccionar los mismos. En este sentido, cada asociación de criadores cuenta con personal idóneo y con vasta experiencia en este tema, que realiza estas funciones.

LA EVALUACIÓN OBJETIVA COMPLEMENTA LA EVALUACIÓN VISUAL

A continuación se describen las características de interés económico para las cuales se calculan DEP. Las mismas se resumen en la **Tabla XIII**.

Tabla XIII: Características más comunes analizadas en los programas de evaluación genética.

Características que afectan la eficiencia reproductiva:	<ul style="list-style-type: none">• Peso al nacer*• Largo de gestación• Facilidad de parto (directa y materna)• Circunferencia escrotal
Características de crecimiento:	<ul style="list-style-type: none">• Peso al nacer*• Peso al destete• Leche o aptitud materna para peso al destete• Peso final (15 y/o 18 meses)• Altura
Características carniceras:	<ul style="list-style-type: none">• Área de ojo de bife• Espesor de grasa dorsal• Espesor de grasa de cadera• Porcentaje de grasa intramuscular• Porcentaje de cortes minoristas

* Si bien el peso al nacer de los terneros es una característica propia del crecimiento, también se incluye dentro de las variables que afectan la eficiencia reproductiva, ya que está altamente relacionada con los problemas de parto.

Cabe aclarar que no todas las asociaciones de criadores evalúan todas las características mencionadas en la **Tabla XIII**, sino que la evaluación de una u otra depende fundamentalmente de la disponibilidad de información de cada raza. Asimismo, existen otras características de interés económico para las cuales se calculan DEP, tales como intervalo entre partos, días al parto, temperamento, etc. Sin embargo la descripción de estas variables no ha sido incluida en esta Guía, dado que en la actualidad no son informadas en ninguno de los Sumarios o Resúmenes de Padres que se publican en el país.



Para información específica sobre la evaluación genética de cada raza, por favor contáctese con la asociación de criadores correspondiente.

2.2

CARACTERÍSTICAS QUE AFECTAN LA EFICIENCIA REPRODUCTIVA

2.2.1

Largo de gestación (LG)

El largo de gestación se refiere a la cantidad de días que transcurren entre la concepción y el nacimiento del ternero. Esta DEP predice la diferencia en días (en más o en menos) en el LG que tendrá la progenie de un reproductor en particular con respecto a otro. Trabajos de investigación indican que hembras con intervalos de gestación más cortos, tienen más tiempo para reponerse y mejoran su eficiencia reproductiva. LG más cortos también están asociados a pesos al nacer más bajos y tendencia a disminuir las dificultades en el parto. A su vez, los terneros tienden a presentar pesos al destete más altos, debido a la mayor cantidad de tiempo que tienen para crecer con respecto a sus contemporáneos.

La DEP de LG se expresa en días y es calculada utilizando la fecha de concepción y la fecha de parición, únicamente de aquellos animales concebidos por inseminación artificial o servicio denunciado. Por lo tanto, la información requerida para calcular esta DEP es la fecha de inseminación artificial o servicio denunciado y fecha de nacimiento del ternero.

2.2.2

Facilidad de parto (FP)

Las dificultades en los partos de las vaquillonas (distocias) tienen un impacto negativo en la rentabilidad del rodeo, a través de un aumento en la mortandad de las crías y sus madres, mayor tiempo para volver a reproducir y un aumento considerable en los costos de personal y honorarios veterinarios.

Mientras la mayoría de los estudios demostraron que el peso al nacer de los terneros es el factor genético más importante que influye sobre los problemas al parto, también hay otros aspectos a tener en cuenta, tales como: la forma del ternero, el área pélvica y la predisposición a parir de la madre. Registrar los códigos para FP permite que todos estos factores sean evaluados en conjunto y de este modo se pueda realizar el mejoramiento genético del plantel para esta característica. Esto requiere una ordenada y prolija recopilación de información por parte del criador, con el propósito de evaluar correctamente esta variable. Por lo tanto, es recomendable estandarizar la toma de datos sobre los tipos de parto. Cabe recordar que es importante incluir también en la planilla de control de producción, la información correspondiente a aquellos terneros que mueren en el parto o cerca del mismo.

En la siguiente **Tabla XIV** se muestran las distintas categorías utilizadas para clasificar los diferentes tipos de parto.

Tabla XIV: Categorización sugerida de los tipos de asistencias brindadas al momento del parto.

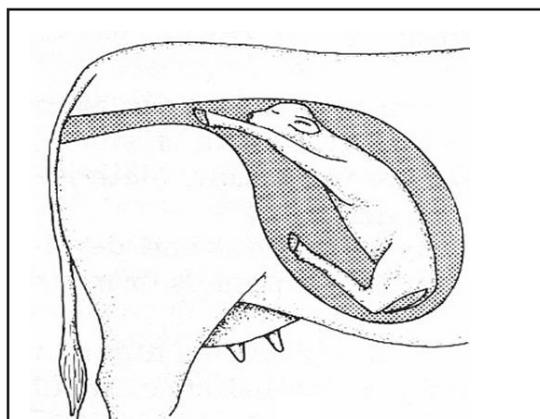
Códigos	Tipo de parto	Descripción
1	Sin asistencia	No requiere asistencia
2	Asistencia menor	Asistencia no mecánica por una sola persona
3	Asistencia mayor	Dos personas sin asistencia mecánica o una persona con asistencia mecánica
4	Cesárea*/Fetotomía	Requiere asistencia veterinaria
5	Mala presentación **	Ej.: Presentación posterior, etc.
6	Sin información	Se desconoce el tipo de parto

Nota: * Cesárea: No deben incluirse casos por mala presentación.

** Mala presentación: Deben incluirse todos los casos por mala presentación.

Es importante establecer la diferencia entre un parto normal (código 1) y un parto distócico (códigos 2 a 4), relevante para la evaluación genética. Un posicionamiento como el ejemplificado en la **Figura VIII**, desencadenará un parto normal dentro de las dos horas de observar la bolsa amniótica y las extremidades delanteras del ternero. En el caso de vaquillonas, este proceso puede prolongarse. Es importante prestar especial atención a estos casos, ya que si la demora es demasiada, el ternero puede morir o nacer debilitado.

Figura VIII: Ilustración de presentación normal.

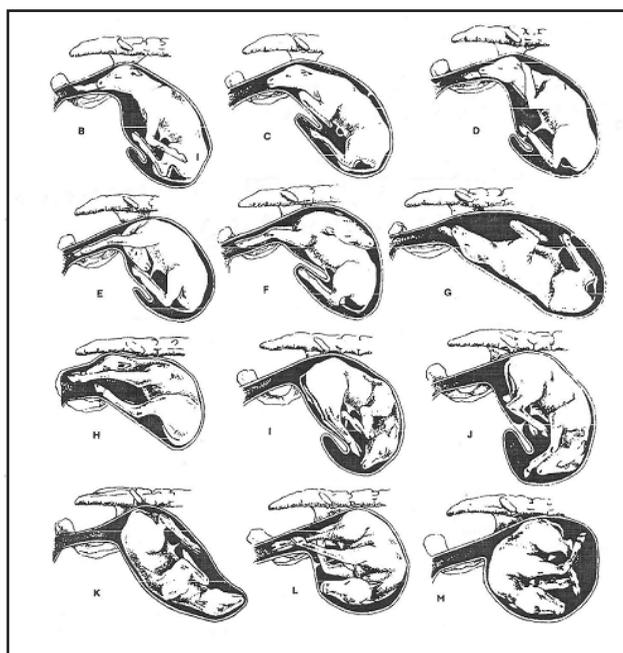


Fuente: Diseases of Cattle, USDA Special Report 1942.

En los partos distócicos, es necesario excluir las malas presentaciones (**Figura IX**). Si bien una mala presentación del ternero al momento del parto puede desencadenar un parto distócico, en general esto no es una causa genética que deba ser atribuida a sus padres. Por lo tanto, las malas presentaciones no deben ser incluidas en los códigos del 2 al 4, sino en el código 5. Lo mismo es válido para las cesáreas, ya que deben incluirse con código 4 solamente aquellos

animales sujetos a cesáreas que no sean producto de malas presentaciones. Por tal motivo, en estos casos es imprescindible la colaboración o aclaración del veterinario para la elección de los códigos 4 ó 5.

Figura IX: (B-M): Ilustración de casos de malas presentaciones al momento del parto. B-H: Presentaciones anteriores del ternero al momento del parto. I-M: Presentaciones posteriores del ternero al momento del parto.



Fuente: Diseases of Cattle, USDA Special Report 1942.

Las DEP para características relacionadas con la FP son calculadas partiendo de tres fuentes principales de información: los códigos de facilidad de parto, los pesos de nacimiento y el largo de gestación.

Los programas de evaluación genética pueden generar dos tipos de DEP para FP:

1) Facilidad de parto directa: se refiere a la aptitud que presentan los hijos de un toro para nacer sin asistencia. Esta DEP es informada como diferencia en el porcentaje de partos sin asistencia.

2) Facilidad de parto materna o de las hijas: se refiere a la aptitud de las hijas de un toro para parir a sus terneros sin asistencia, a los dos años de edad. También esta DEP es informada como diferencia en el porcentaje de partos sin asistencia.

ESTA SECCIÓN REFERIDA A DEP DE FACILIDAD DE PARTO INTEGRA PARTE DEL NUEVO CONTENIDO DE ESTA EDICIÓN REVISADA Y AMPLIADA

En el 2007, la Asociación Argentina de Angus decidió recopilar datos sobre facilidad de parto (“ease calving”), con el propósito de obtener un DEP para esta característica tan importante en la eficiencia reproductiva. Cabe recordar que el 80% de los problemas de parto están relacionados con el peso al nacer, lo cual está documentado en la literatura. Por ello, nuestro Resumen de Padres Angus brinda, desde 1989, un DEP de peso al nacer, a los fines de controlar los problemas de distocia.

Sin embargo, existe la posibilidad de complementar el mencionado problema con información adicional. De esta manera, la información recopilada por nuestros criadores desde 2007 nos brinda la oportunidad de a un conjunto de criadores que toman scores, una nueva característica como facilidad de parto, al menos para aquellos toros padres que tengan la información pertinente, diseñada a tal efecto.

FUENTES DE DATOS

La facilidad de parto se ve afectada tanto por factores ambientales como por factores genéticos. Para obtener los DEP de facilidad de parto para los toros padres, tanto directo como materno, pueden usarse el peso al nacer, el largo de gestación, así como también códigos numéricos que indican si los partos provenientes de vaquillonas han necesitado algún tipo de ayuda o no. El peso al nacer es el factor genético más importante, ya que tiene una correlación de casi 0,80 con el DEP directo de facilidad de parto.

Con respecto al largo de gestación, está bien documentado en la literatura que las gestaciones más cortas generan terneros con menores pesos al nacer. El área pélvica y la forma del ternero/a no se usan en la obtención de los DEP de facilidad de parto, pues los códigos de facilidad de parto reflejan mejor la incidencia de ambos factores. La American Angus Association sólo usa, como fuente de información para predecir los DEP de facilidad de parto, lo siguiente: el peso al nacer y los códigos de asistencia al parto. La Angus Society of Australia, por su parte, agrega la longitud de gestación a dicha información.

CÓDIGOS DE FACILIDAD DE PARTO

La calidad del dato y la definición clara de cada una de las diferentes ayudas que pueden presentarse al momento de un parto, con diferentes grados de asistencia, nos permitirá la inclusión de la facilidad de parto en los próximos Resúmenes de Padres Angus, la cual será un instrumento más en la evaluación y selección de toros.

Por tal motivo, fue necesario protocolizar la toma de datos sobre el tipo de parto en vaquillonas, de acuerdo a la siguiente categorización (Tabla I). Nos basamos en la Angus Society of Australia.

TABLA 1

CÓDIGOS DE ASISTENCIA AL PARTO

<i>Código</i>	<i>Definición</i>
1	SIN ASISTENCIA.
2	TRACCIÓN LEVE <i>(una persona sin asistencia mecánica).</i>
3	TRACCIÓN FUERTE <i>(dos personas o con asistencia mecánica).</i>
4	CESÁREA
5	MALA PRESENTACIÓN
6	SIN INFORMACIÓN <i>(se desconoce el tipo de parto).</i>

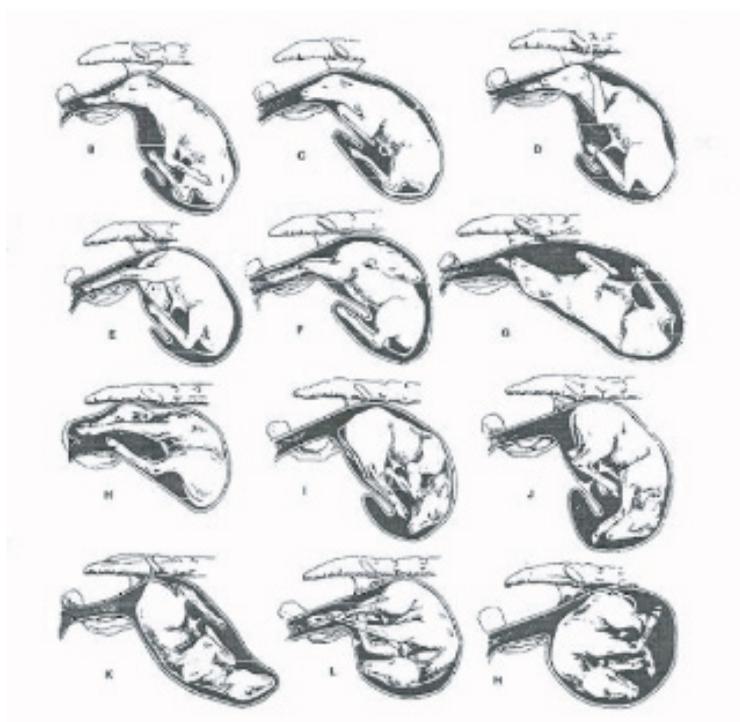
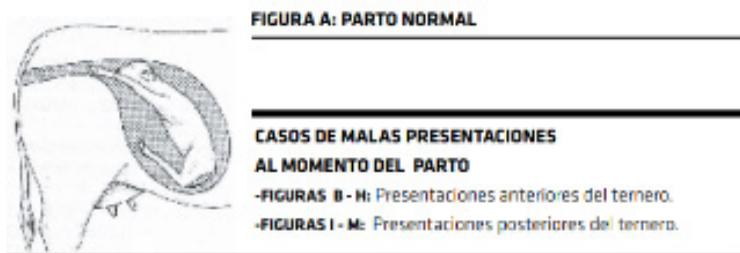
Nota: * No deben incluirse los casos de cesárea por mala presentación.
** Deben incluirse todos los casos por mala presentación.

Es importante definir en esta instancia qué consideramos un parto normal y qué un parto distócico, relevante para la evaluación genética. Un posicionamiento para un parto normal, como el descrito en la **Figura A**, es el que se desencadena con éxito dentro de las dos horas de observar la bolsa amniótica y las extremidades delanteras. En el caso de vaquillonas, este proceso puede sufrir una mayor demora; si ésta es demasiada, el ternero puede morir o nacer debilitado. Por lo tanto, debe prestarse especial observación en dichos casos.

Con respecto a los partos distócicos relevantes para la evaluación genética (códigos 1 al 4), es necesario excluir las malas presentaciones (**Figuras B a M**), dejando bien en claro que toda mala presentación de un ternero al momento del parto, si bien puede originar en muchos casos un parto distórico, en general no es una causa genética que deba ser atribuida al padre ni a su madre. Por lo tanto, las malas presentaciones no deben ser incluidas en los códigos del 1 al 4, sino en el código 5.

Lo mismo es válido para las cesáreas, pues deben incluirse con código 4 solamente los animales sujetos a cesáreas que no sean producto de malas presentaciones. Por tal motivo, en estos casos es imprescindible la colaboración y/o aclaración del veterinario para la codificación con el código 4 o 5.

El objetivo de codificar correctamente el tipo de parto es detectar toros padres que causen problemas o partos distócicos, pero debemos ser cautos y excluir las malas presentaciones, pues éstas no responden a causas genéticas de la madre ni del padre.



Tanto el DEP de peso al nacer como el DEP de facilidad de parto son dos herramientas que sirven para evitar problemas de distocia, principalmente en las vaquillonas de primer servicio, que son las que podrían presentar más inconvenientes. Las unidades en que se expresan son diferentes. La Dra. Sally Northcutt, de la American Angus Association, hace una excelente descripción de los mismos. En base a ello, a continuación explicamos esta nueva característica que deseamos incorporar.

INTERPRETACION DEL DEP DE PESO AI NACER versus EL DEP DE FPD Y FPM

El DEP de peso al nacer es la tradicional herramienta genética, la cual se expresa en kilos y es un indicador de la característica de facilidad de parto, principalmente en vaquillonas, que es la categoría más crítica o de mayor riesgo. El valor más bajo del DEP de peso al nacer es considerado el más favorable, aunque cada productor debe establecer el rango más razonable de DEP para peso al nacer en el apareamiento de sus vaquillonas. Recordemos que siempre deben verse simultáneamente las demás características de interés económico, pero siempre priorizando y evitando problemas de parto.

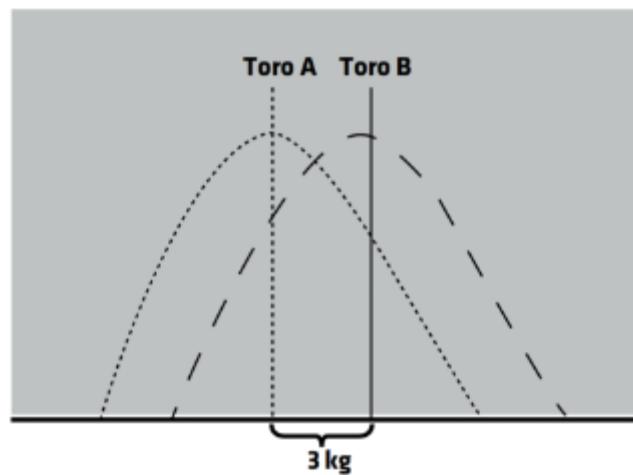
En la **Tabla II** damos un ejemplo del DEP de peso al nacer de dos toros. En promedio, las futuras crías del toro A es esperado que pesen 3 kilos menos que las crías provenientes del toro B, siempre y cuando ambos toros hayan sido apareados con comparables hembras y expuestas a las mismas condiciones ambientales. En dicho caso, los promedios de los pesos al nacer de sus progenies es esperado que difieran en 3 kilos.

TABLA 2

EJEMPLO DE LA INTERPRETACIÓN DEL DEP		
<i>de peso al nacer entre dos toros</i>		
PESO AL NACER	TORO A	TORO B
DEP	+ 0	+ 3

El peso al nacer es una característica lineal y tiene una distribución normal. La **Figura I** ilustra qué en ambos toros, sus crías variarán en un rango de peso al nacer. La distribución normal muestra que las progenies de dichos toros se distribuirán entre valores de peso al nacer bajos a más altos, con distintas probabilidades. A su vez, ambos toros podrían tener crías del mismo peso al nacer, como se muestra en el área donde ambas curvas se superponen. Pero en promedio, la diferencia entre las progenies de ambos toros será de 3 kilos.

DISTRIBUCIÓN ESPERADA en la progenie de peso al nacer



DEP DE FACILIDAD DE PARTO (CALVING EASE DIRECT)

El uso del DEP de peso al nacer es un buen indicador indirecto de la facilidad de parto. Sin embargo, hay algunas excepciones donde un toro padre con bajo DEP de peso al nacer genera problemas de parto y también, en algunos casos, toros padres con altos DEP de peso al nacer no presentan dificultades al parto. Por tal motivo, la facilidad de parto es la verdadera característica que buscan los criadores para manejar estas excepciones.

Los DEP de facilidad de parto se expresan en unidades porcentaje **(%) de partos sin ayuda o asistencia**. Se obtienen dos DEP de facilidad de parto, denominados: DEP de facilidad de parto directo (DEP-FPD) cuya heredabilidad es 0.19 y el DEP de facilidad de parto materno (DEP-FPM) que tiene una heredabilidad=0.20.

También, es importante aclarar que la correlación genética entre el DEP-FPD y el DEP-PN es negativa (-0.65). Pues, los % más alto del DEP-FPD son mejores, mientras y que los DEP-PN los valores negativos tienden a ser mejores. Lo cual es lógico y conviene saberlo interpretar. Es fácil darse cuenta si se piensa en los percentiles, pues se ordenan al revés.

1. EL DEP-FPD entre el toro A y el toro B predice la diferencia promedio de partos sin ayuda. La **Tabla III** nos ilustra un 7% de diferencia favorable al toro A. La forma más fácil para entenderlo es que si uno apareara el toro A y el toro B, cada uno con 100 vaquillonas similares o al azar, entonces uno esperaría un 7% más de vaquillonas sin ayuda (código de parto: 1) a favor del toro A. Cuando usamos DEP-FPD, los valores más altos son los más favorables, dado que la unidad se expresa en porcentaje de nacimientos no asistidos o sin ayuda. Recomendamos nunca olvidarse de ver las Precisiones de dicho DEP, que por razones didácticas las hemos omitido.

TABLA 3

DEP DE FACILIDAD DE PARTO DIRECTO (DEP-FPD)

TORO A	+ 10%
TORO B	+ 3%
DIFERENCIA	+ 7%

- *DEP más altos son más favorables.*
- *Usado como herramienta de selección en toros para vaquillonas.*
- *Incrementa la probabilidad de facilidad de parto o partos no asistidos.*

Fuente: Dra. Sally Northcutt (American Angus Association).

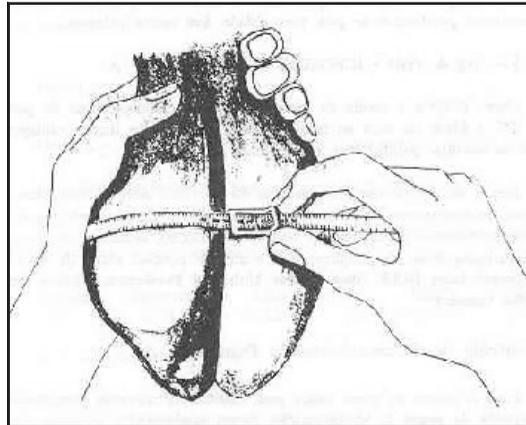
2. El DEP-FPM es una herramienta genética que se usa para elegir padres a los fines de seleccionar vaquillonas de reemplazo. Se eligen los toros padres en base al DEP-FPM, a los fines de incrementar los partos sin ayuda de sus hijas. Un valor (%) más alto es lo más favorable. Sin embargo, la correlación genética entre los DEP-FPD y DEP-FPM es casi cero (-0.6). Se debe recordar que la madre incide en el peso al nacer, tanto en una forma directa, así como también con el ambiente y la alimentación intrauterina.

2.2.4 Circunferencia escrotal (CE)

La circunferencia escrotal es un indicador de la cantidad de tejido testicular productor de espermatozoides. Por lo tanto, una mayor CE está asociada con una mayor producción seminal, no con una mejor calidad seminal. Numerosos estudios han demostrado que una mayor CE también está asociada a una entrada más temprana a la pubertad (precocidad sexual), de los hijos e hijas del toro en cuestión.

La técnica de medición de CE es sencilla y ampliamente conocida por los veterinarios que trabajan con bovinos. La misma consiste en tomar el escroto por el cuello con una mano, desplazar los testículos hacia abajo hasta que llenen la bolsa escrotal, sujetarlos al cerrar el pulgar para que queden retenidos, cuidando de no presionar sobre la zona intertesticular, y con la otra mano, llevar el escrotómetro o cinta métrica con el asa abierta desde abajo, ciñéndolo sobre el diámetro mayor de ambos testículos, para leer la medida indicada (**Figura X**). Esta medida, tomada en centímetros, debe ir acompañada de la fecha de medición, el peso del animal y el código de manejo correspondiente. Se sugiere medir la circunferencia escrotal entre los 500 y 600 días de edad. En el caso de las evaluaciones de toritos jóvenes, la medida de CE puede tomarse a partir de los 10,5 meses de edad.

Figura X: Ilustración de la medición de la circunferencia escrotal en bovinos.



Así como la medición de la CE se registra en centímetros, las DEP para esta característica son informadas en la misma unidad.

NOTA: Para esta nueva edición la sección CARACTERÍSTICAS QUE AFECTAN LA EFICIENCIA REPRODUCTIVA fue revisada y conformada por los Dres. Carlos Fernández Pazos y el grupo GREVET (Grupo de Reflexión Veterinaria) también integrado por los M.V. Carlos Scena, Jorge Polito, Rodolfo Peralta, Diego Laphitzondo y Eduardo Paramidani.

2.3 CARACTERÍSTICAS DE CRECIMIENTO

2.3.1 Peso de nacimiento (PN)

El PN es el peso de balanza de un ternero, tomado dentro de las 24 horas de nacer. El PN del ternero es el factor genético más importante que influye sobre los problemas al parto. Por esta razón, y a fin de controlar posibles distocias, los programas de evaluación genética brindan información sobre esta característica. Numerosos estudios han demostrado una correlación genética positiva entre el peso al nacer y las ganancias diarias de peso pre y posdestete. Consecuentemente, así como los altos pesos al nacer tienden a incrementar las dificultades al parto (distocia), los muy bajos pueden disminuir el potencial de crecimiento de un animal, resultando en pesos al destete y finales menores, en comparación con sus contemporáneos.

El PN del ternero depende de su constitución genética y de la alimentación intrauterina, sumados a otros efectos ambientales asociados con la edad de la madre. Debido a que existe una variación significativa en el peso de un ternero durante su primera semana de vida, se recomienda tomar el PN dentro de las 24 horas del nacimiento. Actualmente existen diferentes métodos para medir el PN de los terneros, tales como balanzas convencionales o balanzas especialmente adaptadas para sujetar a las crías al momento de pesarlas (**Figura XI**). Así como el PN se mide en kilos, las DEP para esta característica también son informada en esta misma unidad.

Figura XI: Ilustración de la toma del peso al nacer de un ternero.



Al informar el nacimiento de una cría, es importante aclarar, cuando fuera necesario, los nacimientos de mellizos, prematuros y animales muertos. En caso de un parto de mellizos, también se debe comunicar el sexo de cada uno de los mellizos. También es relevante declarar el manejo del vientre en el último tercio de su gestación, pues en dicho período es cuando más crece el feto. En consecuencia, los manejos diferenciales de los animales a parir deben ser codificados, para ajustar y eliminar este efecto ambiental que afectará el PN.

2.3.2 **Peso al destete (PD)**

El PD es el carácter que refleja el potencial genético de crecimiento de un animal desde su nacimiento hasta el destete, así como también la aptitud de su madre para producir más kilos de ternero, debido básicamente a su producción de leche. Es decir, que el PD depende de dos factores fundamentales: la constitución genética del ternero y el ambiente que le provee su madre para crecer. En consecuencia, a partir del PD del ternero se calculan, tanto las DEP de PD directo del ternero como las DEP de aptitud materna (AM o leche) de su madre (**ver 3.3.3**). Ambas DEP (PD y AM) son expresadas en kilos.

Otros factores que influyen sobre el PD de un ternero son: su sexo, su edad al destete, la edad de la madre al nacimiento de la cría y el tipo de manejo. La edad de la madre afecta significativamente el PD de su cría, dado que el crecimiento del ternero acompaña la curva de producción de leche de la vaca. Se observa un aumento en la producción lechera de la madre hasta cierta edad (en general entre los 5 y los 8 años), donde alcanza su pico máximo de producción, para luego declinar a edades superiores. Este efecto de la edad de la madre sobre el PD es de naturaleza netamente ambiental para la cría. Por ello, la unidad ejecutora, al momento de

realizar la evaluación genética, ajusta por modelo o emplea factores de corrección aditivos, de modo de evitar que las diferencias genéticas reales entre animales queden enmascaradas por el efecto ambiental de la edad de la madre (*ver Apéndice D*).

Se sugiere registrar el peso al destete entre los 160 y 250 días de edad del animal. En el caso de medir esta característica fuera de dicho rango recomendado, debe asignarse un código especial de manejo para diferenciar los grupos contemporáneos, los que deben ser manejados como grupos separados o eliminados, de acuerdo al criterio de cada unidad ejecutora de cada asociación. Los destetes precoces deben ser codificados y eliminados de la evaluación; sólo se utilizará de los mismos, el peso al nacer.

2.3.3 Leche o aptitud materna (AM) para peso al destete

Como se explicó en el punto anterior (**3.3.2**), al registrar el peso al destete se evalúa también la aptitud lechera que transmite un toro a sus hijas, la cual es medida a través del peso al destete de sus nietos y nietas. La DEP de AM, expresada en kilos, es una medida de la capacidad productiva de una vaca para generar más kilos de peso al destete, reflejando su potencial de producción de leche. El resto de la contribución de la vaca al peso al destete de su cría consiste en haberle transmitido a ella la mitad de su capacidad genética (DEP) para crecimiento.

El nivel óptimo del potencial de producción de leche en vacas de razas carniceras depende de los sistemas de producción y del ambiente en las que ellas son manejadas. La selección de vacas con alta producción de leche es importante en condiciones nutricionales favorables y cuando los terneros se venden al destete. Sin embargo, algunos ambientes, generalmente con bajas condiciones nutricionales, no son favorables para vacas con alta producción lechera, ya que este aumento en la producción iría en detrimento de su fertilidad. Este mayor potencial de producción de leche se ve reflejado a través de un mayor peso al destete de los terneros de las vacas hijas de esos toros.

2.3.4 Peso final (PF)

El PF es un carácter que refleja el potencial genético de crecimiento de un animal a partir del destete. La DEP de PF indica entonces, la aptitud que tiene un reproductor para transmitir a sus hijos crecimiento posdestete. Al igual que los otros pesos, las DEP para PF se expresan en kilos.

Se sugiere registrar este peso alrededor de los 550 días de edad, dentro del rango 500-600 días, dependiendo de la raza. En general, las razas británicas se evalúan a edades ligeramente más tempranas que las razas índicas. En los establecimientos que utilizan toritos jóvenes para el servicio y vaquillonas para entorar a los 15 meses, así como en aquellos que comercializan estas categorías, se sugiere tomar el PF alrededor de los 12 meses de edad. Es importante

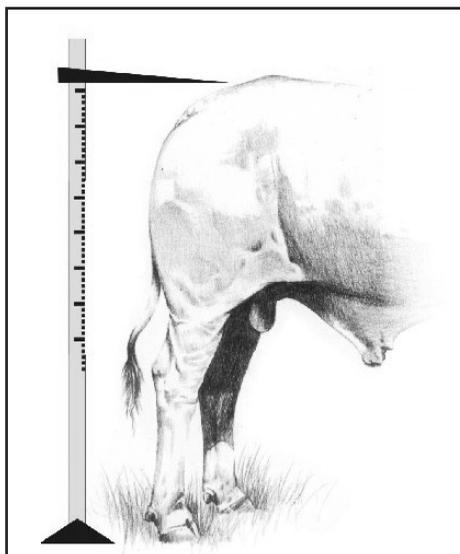
remarcar que no deben incluirse en la evaluación de esta característica las hembras que superen los 3 meses de gestación. Del mismo modo que el peso al destete, el peso final también es ajustado a una edad estandarizada (*ver Apéndice D*).

2.3.5 Altura (Alt.) y frame score

La altura de un animal, conjuntamente con su edad al momento de la medición y su sexo, permite calcular el frame score, término utilizado como estimativo del tamaño corporal, que fuera desarrollado por la Universidad de Missouri, en Estados Unidos.

Se recomienda tomar la altura alrededor de los 18 meses de edad (± 45 días), si bien puede tomarse a edades más tempranas. La misma debe medirse desde el piso hasta la punta de la cadera, como se muestra en la **Figura XII**.

Figura XII: Ilustración de la medida de la altura en bovinos.



Utilizando la altura y edad del animal, dentro de una fórmula matemática suministrada por Federación Estadounidense para el Mejoramiento de Bovinos de Carne (Beef Improvement Federation - BIF) se puede calcular el frame score (*ver Apéndice C*).

El frame score puede tomar valores de 1 a 10, indicando así, los animales que tienen menor o mayor tamaño corporal, considerando condiciones nutricionales que les permitan desarrollar un normal crecimiento. Cada criador debe buscar el frame score correcto que le permita adecuar no sólo tamaño-sistema, sino tamaño-sistema-mercado, sin descuidar la siempre prioritaria eficiencia reproductiva. Por tal motivo, con el propósito de brindar otra herramienta de selección, algunas evaluaciones genéticas incluyen una DEP de altura, expresada en cm, para cada reproductor.

La utilización de esta DEP puede ejemplificarse de la siguiente manera: si el toro A y el toro B tienen una DEP igual para peso final (+20 kg), podría suponerse, erróneamente, que ambos toros tienen similar velocidad de crecimiento posdestete y similar precocidad de terminación. Si cada DEP de peso final estuviera acompañada por su respectivo frame score, su interpretación podría cambiar radicalmente. En este ejemplo, si el toro A tiene un frame score 5 y el toro B un frame score 8, se puede concluir que, aunque ambos tengan igual DEP de peso final, son animales de diferente precocidad de terminación. En consecuencia, los novillos del toro A se terminarán en menor tiempo que los del toro B, lo que resulta aún más relevante en sistemas pastoriles. Dado que la altura es la base para calcular el frame score, es recomendable, en el caso de estar disponible, tener en cuenta esta DEP al momento de la elección de un toro padre.



Dentro de una raza no existe el toro ideal, sino que la riqueza de la misma está en la variabilidad genética, lo cual le permite ofrecer reproductores adecuados para los diversos sistemas productivos.

2.4 PESO DE VACA ADULTA

INCORPORADA A LA EVALUACION GENETICA PANAM 2016

Por la Dra. María Calafé, asesora del Programa de Evaluación Genética de la AACH

La ganadería argentina se encuentra hoy frente a un gran desafío al tener que competir no solo con otros tipos de producciones animales, como el cerdo o pollo, sino también con la producción agrícola que está ocupando lugares tradicionalmente destinados a cría y engorde, con excelentes rindes y márgenes económicos. Esto se ha dado no solo por los precios de los cereales, sino por la utilización de distintas herramientas que permiten maximizar la producción, tal el caso de los avances genéticos en materia de semillas, la medición objetiva de distintos parámetros y fijación de objetivos claros y precisos de selección y/o producción. Es por ello un momento clave para que el empresario ganadero aliñe sus recursos para asegurar mejores márgenes productivos y maximice sus ingresos de manera estratégica mediante el aumento de la producción y la reducción de costos, buscando un balance entre ambos.

Tradicionalmente la selección genética se ha orientado en el aumento de la tasa de crecimiento de los animales, incrementando la cantidad de kilos producidos y por ende los ingresos obtenidos. Sin embargo, este aumento trae aparejado un aumento en el tamaño de los vientres adultos del rodeo y con ello los requerimientos para su mantenimiento. Esto está dado por la fuerte correlación genética existente entre las características de crecimiento que produce que cuando se selecciona por un carácter, modificará otro debido a la interrelación que existe entre sus genes y, a su vez, nos permite predecir cómo se comportará determinada característica con relación al desempeño de otra, afectándola de forma positiva o negativa (FALCONER y MACKAY, 1996).

RECORDEMOS QUE LA CORRELACIÓN GENÉTICA ES LA TENDENCIA DE UNA VARIABLE A MODIFICAR PROPORCIONALMENTE A OTRA VARIABLE, BIEN POSITIVAMENTE O NEGATIVAMENTE. LAS CORRELACIONES GENÉTICAS SE PRESENTAN COMO OTRA HERRAMIENTA FUNDAMENTAL PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO.

Bajo esta premisa, debemos tener en cuenta que al aumentar la presión de selección sobre el crecimiento de los animales, también se traccionará sobre dos variables claves en la reducción de costos de la empresa ganadera: el peso de los terneros al nacer y peso de la vaca adulta.

Es así que la Asociación Argentina Criadores de Hereford (AACH) en su larga tradición en el uso del mejoramiento genético, este año presenta el DEP para Peso de Vaca Adulta, característica que influye en los requerimientos de alimentación, donde vacas más livianas tienden a consumir menos y consecuentemente tienen menores costos de mantenimiento.

En los planteles ganaderos, la alimentación representa más de un 50% de los costos de producción, pudiendo llegar hasta un 70% en entornos desfavorables. Es muy importante que el productor realice un correcto balance entre tamaño de sus vientres y características ambientales dado que, con el objetivo de no perder eficiencia reproductiva y crecimiento podría tener un costo muy alto en producir o comprar alimento para mantener un buen estado nutricional de su rodeo.

La posibilidad de seleccionar animales con alto potencial de crecimiento, sin incrementar necesariamente el tamaño de la vaca y por ende sus requerimientos nutricionales, hoy se hace real mediante la incorporación de esta nueva característica en la evaluación genética: PESO DE VACA ADULTA, un indicativo del tamaño de las vacas presentes en el rodeo que permite la selección de animales de alto potencial de crecimiento sin incrementar necesariamente los requerimientos de las vacas, esto es especialmente importante en nuestros sistemas pastoriles.

La DEP de Peso de Vaca Adulta (DEP PVA) permite estimar las diferencias genéticas en el peso de las hijas de un toro cuando estas alcanzan los 5 años de edad, se expresa en kilogramos y se calcula a partir del peso vivo de las vacas registrado en el momento del destete de sus terneros.

De la misma forma que el resto de las DEP, su interpretación debe realizarse al comparar varios animales o un animal frente a un promedio. De esta manera puede interpretarse que un reproductor con valores altos y positivos de DEP PVA se espera tenga una progenie con mayores pesos de vacas adultas en comparación con reproductores con valores bajos de DEP para esta característica.

Por ejemplo: entre un toro con una DEP de PVA de 50 kg y otro que tiene una DEP de 40 kg, se espera que este último tenga hijas 10 kg más livianas cuando alcancen los 5 años de edad.

Otra guía para tener en cuenta si el objetivo es mantener un peso adulto moderado es que la DEP de PVA debe ser menor que la DEP de Peso Final del mismo animal. Así una vaca con una DEP de PVA menor que su DEP a los 600 días, es capaz de heredar su potencial de crecimiento mientras mantiene un moderado tamaño adulto.

Como el resto de las características dentro de la evaluación genética, el peso adulto de la vaca adecuado debe ser definido para cada rodeo y en función de los objetivos de selección de cada productor.

Guía Práctica para el registro y envío de información de PVA:

Esta guía resume los principales puntos a considerar para registrar y enviar la información a la Asociación Argentina Criadores de Hereford.

RECUERDE QUE LAS DEP DE PESO DE VACA ADULTA SON UN ESTIMADOR DE LA DIFERENCIA GENÉTICA DEL PESO DE LAS VACAS A LOS 5 AÑOS DE EDAD Y ESTÁ BASADO EN LA PESADA REALIZADA EN LAS VACAS EN EL MOMENTO EN QUE SE REALIZA EL DESTETE DE SU TERNERO.

1. ¿Cuándo se debe registrar la información del peso de vaca adulta?

La Evaluación PanAm analizará el peso de vaca adulta, si este fue registrado dentro de las dos semanas de haberse realizado la pesada del destete.

El momento ideal para pesar a la vaca es en el mismo día en que se está realizando el destete y se pesan tanto terneros (para generar DEP Peso al Destete) como sus madres (para generar DEP PVA). En caso de no poder realizarlo el mismo día, se puede hacer 15 días previo y 15 días posterior a dicha maniobra.

2. ¿Cómo define la PANAM si un peso de vaca adulta es “válido”?

Cuando se evalúa el Peso de Vaca Adulta enviado para un animal, el análisis que lleva a cabo la PanAm se hace las siguientes preguntas:

(i) ¿Tiene esta vaca un ternero registrado en la Asociación?

(ii) ¿Este ternero, tiene un peso a los 200 días registrado en el sistema?

(iii) ¿El peso a los 200 días del ternero, fue registrado dentro de las 2 semanas de registrado el peso de vaca adulta de su madre?

Si la respuesta a alguna de estas tres preguntas es “No” entonces el peso de vaca adulta será considerado “inválido” y será excluido del análisis de la PanAm.

Es importante tener en cuenta que el sistema solo analizará los pesos de las vacas siempre y cuando su primer peso de vaca adulta válido haya sido tomado antes de cumplir los 6 años de edad (2200 días). Si este primer peso fuera posterior a esta edad, entonces ninguno de sus pesos adultos será analizado.

El sistema puede analizar hasta 4 pesos adultos por vaca a lo largo de su vida, no importa que no estos no sean en años consecutivos. Puede pasar que algún año la vaca no destete un ternero y por ello no servirá su pesada en ese momento, sin embargo servirá la próxima siempre y cuando cumpla con los requisitos antes mencionados.

3. ¿Se debe registrar información de grupos de manejo cuando se envía información de pesos de vaca adulta?

Las prácticas de manejo realizadas a campo pueden tener un impacto muy significativo en las DEP que calcula la PanAm si la información de los grupos de manejo no es registrada o si se registra incorrectamente. Por este motivo, es importante que los criadores registren correctamente la información de grupos de manejo para la performance de pesos de vaca adulta y así todos los animales serán evaluados en igualdad de condiciones.

Los grupos de manejo en el peso de vaca adulta se forman de distinta manera:

- Si los pesos de vaca adulta no tienen información de grupos de manejo, el sistema utilizará el mismo grupo de manejo registrado para el peso al destete de sus crías. Es por esto que si un criador registra correctamente los grupos de manejo para el peso de destete, solo deberá asignar un grupo de manejo distinto a una vaca que haya sido manejada en forma distinta que su ternero durante el periodo anterior al destete. Por ejemplo, si una vaca sufrió alguna herida/enfermedad o si fue suplementada por alguna razón en particular.*
- Si el peso al destete de las crías, así como el peso de vaca adulta de las vacas son registrados ambos sin información de grupos de manejo, el sistema asumirá que tanto las vacas como los terneros han sido manejados de la misma manera y en los mismos ambientes.*

4. ¿Cómo hacer para enviar los pesos de vaca adulta para su evaluación?

Con el objetivo de incorporar toda la información necesaria para generar una DEP de peso de la vaca adulta (peso, fecha de pesada y grupo de manejo), la Asociación ha adaptado sus planillas, de manera que pueda agregar esta información, sin mayor dificultad.

2.5

NUEVOS DEPs

2.5.1

D.E.P. de Docilidad

ESTA SECCIÓN REFERIDA A DEP DE DOCILIDAD INTEGRRA PARTE DEL NUEVO CONTENIDO DE ESTA EDICIÓN REVISADA Y AMPLIADA

Históricamente, los criadores de ganado bovino han encontrado una variabilidad importante en el temperamento o docilidad de los animales de sus rodeos. En casos extremos, esto causa tantos problemas de manejo y seguridad de los reproductores, así como también riesgos en sus recursos humanos.

A su vez, la comunidad académica ha demostrado que la docilidad está correlacionada con varias características de importancia económica. En primer lugar, es importante destacar que en la Universidad de Missouri, el Dr. Bob Weaver, a través de sus trabajos encontró que la docilidad tiene una heredabilidad de moderada a alta, dentro de un rango de 0,36 a 0,45. Esto nos permite, si medimos, evaluamos y seleccionamos por dicha característica, lograr un pronto progreso genético en temperamento, así como también en los caracteres correlacionados con docilidad.

Medición

Hay varios métodos para medir o categorizar la docilidad, utilizándose una escala de puntos o scores. Tanto la American Angus Association como la Angus Society of Australia usan scores para codificar el temperamento de sus reproductores, con pequeñas variantes entre ellas: la de Estados Unidos, usa scores de 1 a 6; y la de Australia, aplica scores de 1 a 5. Si bien hay otros métodos, la Asociación Argentina de Angus ha decidido, para nuestra toma de datos de docilidad y posterior generación de su DEP, usar los mismos scores que aplica Australia, que se describen en la **Tabla I**.

Tabla I. Scores de Docilidad	
Scores	Descripción
1 Dócil	Disposición tranquilo, manso y de fácil manejo. Se queda quieto o se mueve lentamente durante el manejo. No se molesta. Adquiere una posición cómoda, como aburrido. Cuando sale de la manga con calma.
2 Inquieto	Tranquilo, pero ligeramente inquieto. Puede ser terco durante el manejo y puede intentar ir hacia hacia atrás en la manga, con algún movimiento de la cola. Sale prontamente de la manga, al soltarlo.
3 Nervioso	Manejable, pero nervioso e impaciente. Lucha moderadamente, se mueve y los movimientos de su cola son mayores al de score 2. sale enérgicamente al soltarlo de él.
4 Impredecible	Saltarán y fuera de control. Se estremece y lucha con violencia. Puede emitir sonidos y tener espuma en la boca, con movimientos continuos de su cola. Defeca y se orina durante el manejo, encara frenéticamente los corrales y puede saltarlos, aun estando solo. Muestra una gran distancia de huida y sale salvajemente de la manga, al soltarlo.
5 Agresivo	Puede ser similar al score 4, pero además, con conducta agresiva, temerosa, agitación extrema y movimiento continuo, que puede incluir saltos y bramidos mientras está en la manga. De ésta sale frenéticamente al soltarlo y puede mostrar un comportamiento de ataque cuando se lo maneja individualmente en el corral.

Fuente: Angus Society of Australia

Momento de medición de la docilidad y consideraciones

1. La docilidad debe medirse en las crías, de acuerdo a los scores descriptos, en el rango de 60 a 90 días posteriores a su destete. La ventaja de medir después del destete es asegurarnos que, previo a la medición, los terneros y terneras han tenido un tratamiento similar, minimizándose así el manejo previo al calificar el score.
2. La evaluación de la docilidad en los terneros y terneras, usando los scores descriptos en la Tabla I, consiste en pasarlos individualmente por la manga y codificar su comportamiento, al salir de la misma hacia el corral, durante 30 segundos. Después que el animal ha sido codificado, debe soltarse para que el siguiente ingrese a la manga vacía y se repita el procedimiento.
3. Para que los criadores usen el mismo criterio para determinar los cinco scores descriptos, la Asociación elaboró un didáctico video con ejemplos ilustrativos, que está disponible en nuestra web (www.angus.org.ar), en el Canal de Youtube (Asociación Argentina de Angus Oficial) y en las demás redes sociales.

-
4. La medición de la docilidad debe hacerse como una actividad específica, es decir separada de las demás tareas ganaderas, como el destete, marcación, vacunación, etc.
 5. Durante la evaluación de la docilidad, con la menor cantidad de personas posible, el ambiente tiene que ser calmo, sin golpes, gritos, rebencazos ni perros, mientras que el ingreso de los animales a la manga debe hacerse a pie.
 6. Grupo contemporáneo de docilidad: El criador, en la nueva planilla de Pesadas Pos destete, además de poner el score de cada animal, tiene que codificar el manejo, es decir asignar el mismo número a todos los terneros y terneras que fueron manejados igual en su acarreo y bienestar, desde el nacimiento hasta la evaluación de su docilidad, como fue descrito.
 7. Si a todos los animales de un mismo grupo contemporáneo se les asigna el mismo score de docilidad, no serán evaluados por la Unidad Ejecutora, pues no nos brindan variabilidad genética para la evaluación de la docilidad. El criador tiene que poner siempre el score, mientras que la Unidad Ejecutora se encargará de armar los distintos grupos.
 8. Para mantener el trabajo consistente dentro de un mismo día, la calificación de scores debe ser realizada por la misma persona.
 9. La fecha de medición, el score y el código de manejo de medición, desde el nacimiento hasta la calificación del score, deben anotarse. Cabe aclarar que el código de manejo de medición no se refiere al código de manejo nutricional, sino al tratamiento grupal de los animales, con respecto a su acarreo o bienestar expuesto entre el nacimiento y la adjudicación del score. En otras palabras, en un mismo grupo de manejo de medición pueden agruparse juntos animales con diferentes códigos nutricionales.

Interpretación del DEP de Docilidad

El DEP de Docilidad se expresa en porcentaje (%): un valor mayor es considerado más favorable, es decir más dócil, en términos de temperamento. La **Tabla II** ilustra cómo usarlos.

En este ejemplo podemos ver que hay un 10% de diferencia entre el DEP del toro A y del toro B. Esto significa que, en promedio, si ambos toros son apareados con hembras comparables, cabe esperar que 10 crías “más”, provenientes del toro A, sean de temperamento más dócil (score = 1), en comparación con las crías del toro B.

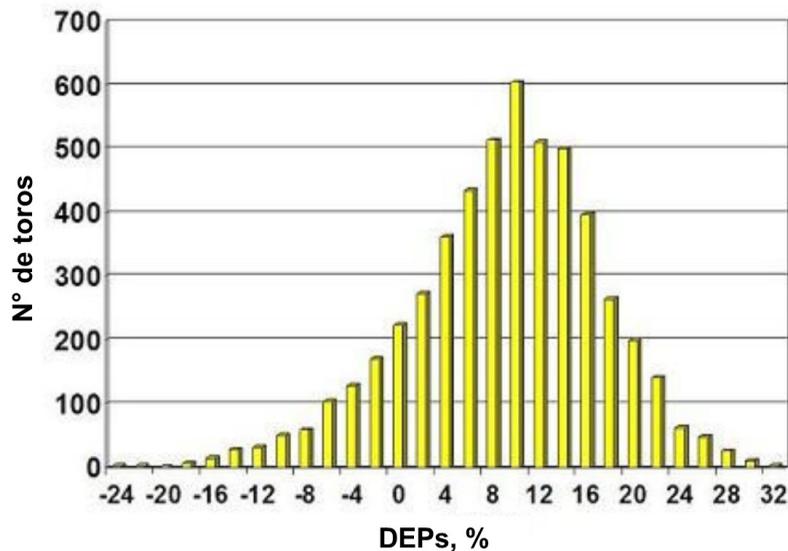
Tabla II. Interpretación del DEP de Docilidad	
Toro A	+13%
Toro B	+3%
Diferencia	10%

Fuente: American Angus Association

Distribución del DEP de Docilidad y percentiles

La **Figura I** y la **Tabla III** son muy buenos ejemplos de la variabilidad genética que existe en la raza Angus para el DEP de Docilidad. En consecuencia, iniciar la toma de datos de docilidad y generar el DEP de esta importante característica, nos permitirá hacer un rápido progreso genético en los plantales de cabaña y, por ende, en los rodeos generales, en beneficio de nuestra ganadería.

Figura I: Distribución de los DEPs de Docilidad



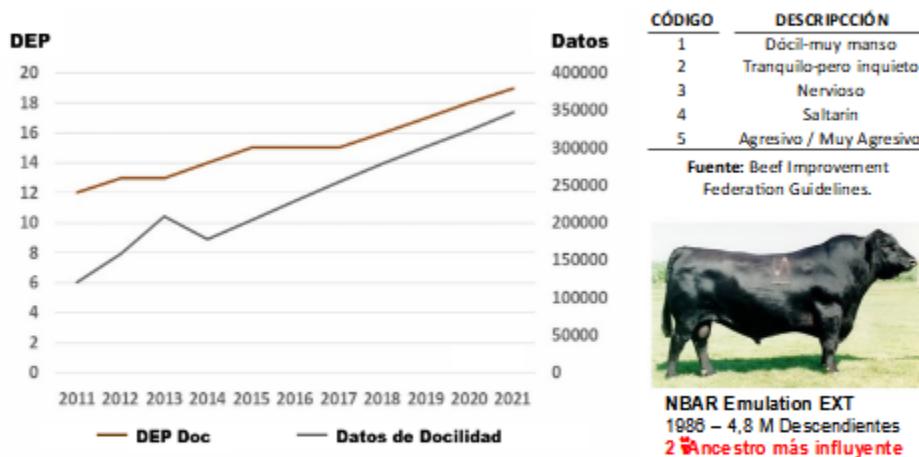
Fuente: American Angus Association

Tabla II. Percentiles	
Algunos Percentiles	Docilidad (%)
1%	26
5%	21
20%	18
25%	14
50%	9
75%	4
90%	-3
95%	-7
99%	-14

Fuente: American Angus Association

La siguiente **Tabla III**, muestra un buen ejemplo, de un toro nacido en 1986, con excelentes datos en todas las características de performance evaluadas en ese entonces, por lo cual se contabilizaron la actualidad 4.800.000 descendientes, fue el segundo toro más influyente en ese momento. Posteriormente, en el año 2011, la American Angus empezó a incluir la medición de docilidad (scores), resultando dicho toro tan influyente, ser uno de los peores toros en docilidad ubicándose el percentil **95%**. Por lo cual los criadores, no querían toros padres que en su genealogía este **NBAR Emulation Ext**. En el Resumen de Padres Angus 2022, fue incluida la evaluación de esta importante característica expresada como DEP Clásico, pues no teníamos datos de docilidad al momento de formar nuestra población de referencia propia.

TABLA III. Selección por Docilidad Disminuye los nervios y la agresividad de los reproductores



La Docilidad también es una prioridad para los feedlot

Fuente: American Angus Association – Steve Miller

Correlaciones genéticas y progreso genético

Algunos investigadores han encontrado una correlación genética positiva entre la docilidad y la ganancia diaria pos destete en feedlot, así como también con el peso de la res caliente. Los DEP de Docilidad más favorables (animales más tranquilos) están correlacionados positivamente con los DEP de Peso al Año (Dra. Sally Northcutt, American Angus Association). Para el feedlot, donde hay cierta competencia, muchas veces los criadores prefieren seleccionar animales con score 2, en lugar de 1. Si bien hay publicaciones que asocian la docilidad con la terneza y otras características carniceras, los trabajos no son concluyentes, por lo menos para todas las razas.

Dada la alta heredabilidad de docilidad, alrededor de 0.40, la medición de la misma, la evaluación genética y la selección de destacados reproductores nos garantiza un rápido progreso genético.

2.6 DEP DE TIPO DE PEZUÑA Y DEP DEL ÁNGULO DEL PIE

Dr. Horacio Guitou / Dr. Aldo Monti

Los criadores y productores comerciales pueden diferir en sus opiniones con argumentos, sobre cuál es el reproductor ideal en lo que respecta a condición corporal, musculatura, “frame”, funcionalidad, apariencia general, composición corporal, etc., y también en los DEP más adecuados para los diferentes sistemas de producción. Sin embargo, todos ellos coinciden en que es clave la corrección estructural para tener una buena producción en pasturas y/o feedlot. Ellos también destacan la importancia de la longevidad de los vientres y un buen trabajo de sus toros y vientres a campo.

Por tal motivo, en 2014, los criadores de la American Angus Association solicitaron a dicha entidad, la necesidad de trabajar objetivamente en el tipo de pezuña y en el ángulo del pie (cuartilla), dado que observaban una gran variabilidad en estas dos características y que era necesario incluirlas en la evaluación genética objetiva de la raza. En consecuencia, un año después, Kelli Retallick, presidenta de Angus Genetics Inc. (AGI), de la American Angus Association, empezó a organizar la toma de datos basados en los trabajos de la Angus Society of Australia, para, en primer lugar, poder estimar los parámetros genéticos (heredabilidades y correlaciones genéticas) a fines de generar dos nuevos DEP: uno para tipo de pezuña y el otro, para ángulo del pie (cuartilla).

En 2019, con 20.000 datos tomados para las dos características mencionadas, ambas con **scores de 1 a 9**, la asociación estadounidense publicó sus primeros resultados en el “Angus Journal”. La heredabilidad de ambas características es 0.25, es decir moderada y similar a la de peso al destete, con lo cual podemos lograr un buen progreso genético. Dado que la correlación genética entre ambas características resultó ser baja (0.22), se aconsejó generar dos DEP en forma independiente. En base a dicha experiencia, en la Asociación Argentina de Angus avanzaremos en esa dirección: recibir los datos (scores) de los criadores, para así poder generar el DEP para tipo de pezuña y el DEP para ángulo del pie (cuartilla). Creemos que estos son dos DEP importantes para cualquier raza.

Toma de datos del tipo de pezuña

A continuación, se ilustra la toma de datos para el largo de pezuña, lo cual se indica con **scores de 1 a 9**, como muestra la **Figura 1**. Cabe aclarar que se deben tomar todos los scores que surjan del **1 al 9**, pero muy probablemente, como sucedió en la American Angus Association, no se encuentren muchos reproductores con **scores entre 1 y 4**. Si es así, los mismos serán eliminados, previos a la evaluación genética. El **score ideal** es **5**.



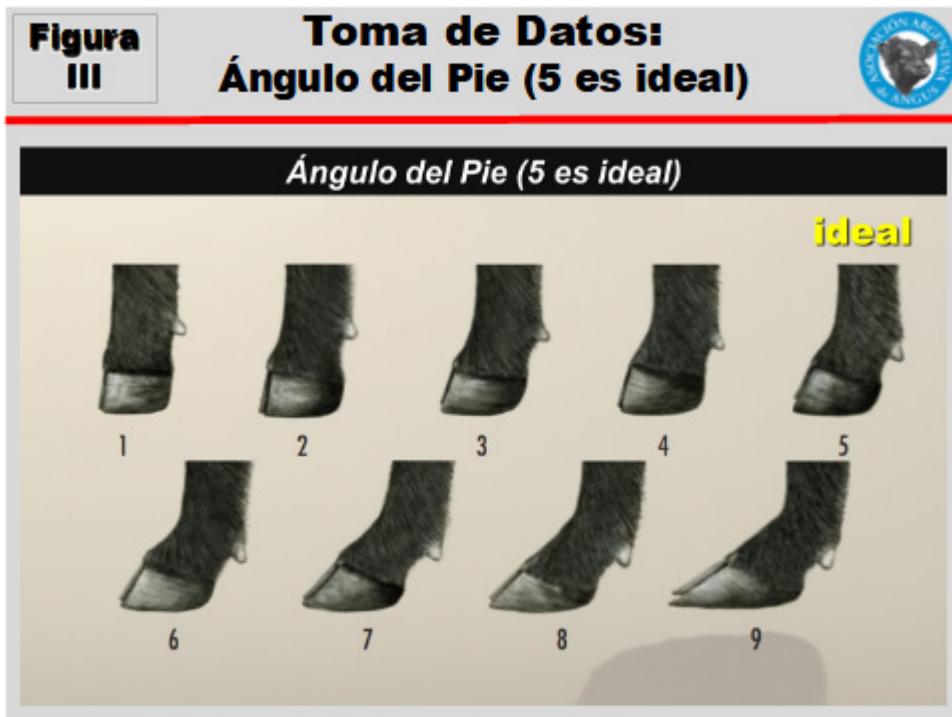
A continuación, la **Figura II** describe precisamente cada uno de los 9 scores que se usaran en la toma de datos de tipo de pezuña, remarcando que el **score 5** es el **ideal** que buscan los criadores y productores comerciales de todas las razas.

Figura II: Descripción de los códigos del tipo de pezuña.



Toma de datos del ángulo del pie (cuartilla)

La **Figura III** ilustra la toma de datos del ángulo del pie (cuartilla), la cual se realiza, al igual que la anterior característica, indicando también **scores de 1 a 9**. Cabe aclarar que se deben tomar todos los scores que surjan del **1 al 9**, pero muy probablemente, como sucedió en la American Angus Asociación, no se encuentren muchos reproductores con **scores entre 1 y 4**. Si es así, estos serán eliminados, previos a la evaluación genética. El **score ideal** es 5.



La **Figura IV** describe detalladamente cada uno de los 9 scores usados en la toma de datos del ángulo del pie (cuartilla), destacándose que el **score 5** es el **ideal** que buscan los criadores y productores comerciales.



Edad de la toma de datos y registro de estos

La **Figura V** resume la información con respecto a la edad que deben tener los machos y hembras para poder evaluarse su tipo de pezuña y el ángulo de su pie (cuartilla), indicando el score correspondiente. Allí se señala que al animal se le debe adjudicar el score, previo al desvasado. También aclara que, cuando entre los cuatro miembros de un mismo animal hay alguna variación en el tipo de pezuña (por ejemplo, entre una mano y una pata, o entre las dos manos), el criador siempre debe adjudicar el peor score, de acuerdo con su criterio. Cabe recordar que el **score 9** es el más extremo (peor, no deseado).

Es importante también remarcar que, tanto el tipo de pezuña como el ángulo del pie (cuartilla), se ven afectados por la edad del animal. Por lo tanto, en la **Figura V** se explicita que la edad puede ser de **365 ± 45 días**. Por fines operativos en la raza Angus los scores se tomarán a los **550 ± 45 días**.

En cuanto al lugar dónde volcar los mencionados scores para ambas características, más la identificación del animal, sexo, fecha de evaluación, etc., para así poder enviar todo al programa a su programa nacional, el criador tiene que utilizar las planillas oficiales del de cada Asociación.

Figura V

Fecha y detalles en la Toma de Datos



- 1. Al animal debe ponerse el Score previo a desbazar!**
- 2. Cuando hay una variación entre los Tipos de Pezuñas en un mismo animal, siempre poner el Score mas bajo. Siendo 9 el peor.**
- 3. Fecha de Toma de Scores:
Toritos 550 ≅45 días.
Vaquillonas 550 ≅45 días.**

Interpretación de los DEP

DEP para tipo de pezuña

Está expresado en unidades de score de tipo de pezuña. Un DEP menor indica que un toro padre o vientre producirá progenies más próximas al ideal (score 5), es decir que las pezuñas sean simétricas, parejas y con un espaciamiento apropiado.

DEP para ángulo del pie (cuartilla)

Está expresado en unidades de score del ángulo del pie (cuartilla). Un DEP menor indica que un toro padre o vientre producirá progenies más próximas al ideal (score 5). El objetivo ideal es un ángulo de 45 grados (promedio en la American Angus Association).

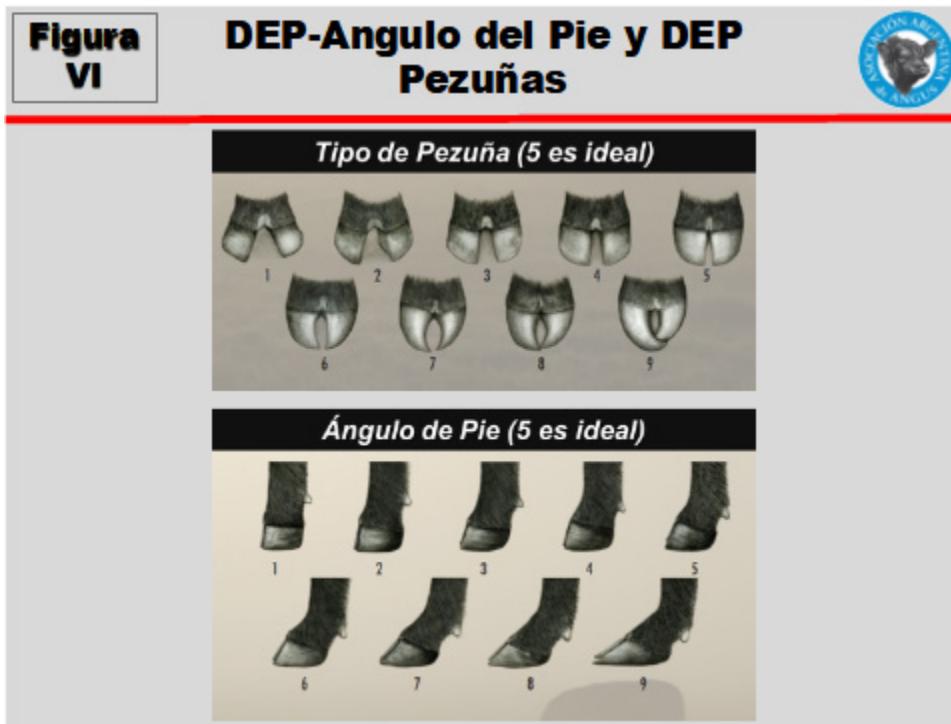
Objetivo

Actualmente, con 30.000 datos analizados en la American Angus Association, el promedio para ambos DEP es de 0.5. Esto significa que un reproductor con DEP menor a 0.5 puede considerarse “mejorador”, para cualquiera de estas dos características.

Utilizar estos dos DEP nos permitirá hacer correctas comparaciones entre potenciales reproductores y producir cambios direccionales en los mismos.

Por ejemplo, un torito que tiene un DEP para tipo de pezuña de +0.5, comparado con un torito B de DEP 0.0, nos indica que, en promedio, la progenie del torito B será 0.5 mejor, en la escala de **5 a 9**, en comparación con la progenie del torito A.

El objetivo **Figura VI**, es resumir en forma integrada los scores, para generar los dos DEP a los fines de aportar objetivamente a la corrección estructural de los reproductores machos y hembras.



Fuente: American Angus Association.

2.7 CARACTERÍSTICAS DE RENDIMIENTO Y CALIDAD CARNICERA

2.7.1 Medición de características por ultrasonido

El mundo de la ganadería exige de los reproductores una caracterización cada vez más completa. La inconsistencia de la calidad de la carne es uno de los principales factores que han afectado su consumo y precio durante años. Para afrontar este problema, la industria mundial ha destinado grandes sumas de dinero para determinar las preferencias de los consumidores y desarrollado sistemas de tipificación que garanticen una calidad consistente. Todo esto, sumado a la demanda global creciente, nos indica la necesidad de comenzar a trabajar en el mejoramiento de características vinculadas con rendimiento y calidad carnicera.

En la actualidad, países como Australia y Estados Unidos venden semen, embriones y reproductores al Mercosur y otros países latinoamericanos, brindando información genética (DEP) de características de rendimiento y calidad carnicera. Con el objetivo de estar en condiciones de competir en este ámbito, es importante que los programas de evaluación genética en la Argentina, incluyan no sólo aquellas variables de interés económico relacionadas con eficiencia reproductiva y potencial de crecimiento, sino también con la calidad y rendimiento de la res.

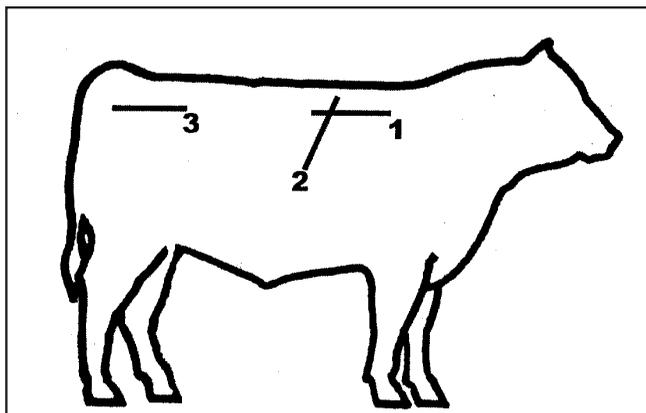
El Foro Argentino de Genética Bovina alienta enfáticamente a los criadores a realizar el registro de la información de características carniceras de sus reproductores, tomando datos por ultrasonido, sin los cuales no pueden calcularse sus DEP.

En la Argentina, muchas de las asociaciones de criadores trabajan en convenio con la Asociación Argentina de Angus, a través de su Centro de Interpretación de Imágenes Ecográficas (CIIE), con sede en el Instituto de Genética del INTA Castelar, con el objetivo de obtener una interpretación de imágenes ecográficas de manera independiente e imparcial por técnicos certificados en interpretación de imágenes en Estados Unidos. Es importante remarcar que los técnicos que toman las imágenes a campo, también están certificados en los cursos que se realizan en la Argentina liderados por el Dr. Doyle Wilson, profesor emeritus de Iowa State University, quien introdujo esta tecnología en Estados Unidos, Canadá, Australia, Argentina, Brasil y Méjico, entre otros países. Las imágenes interpretadas por el CIIE son remitidas luego a las asociaciones de criadores correspondientes, a fin de ser utilizadas para la generación de DEP de características carniceras. Las características que se evalúan comúnmente son: espesor de grasa dorsal (EGD), espesor de grasa de cadera (EGC), área de ojo de bife (AOB) y porcentaje de grasa intramuscular (%GI). Estas características permiten predecir las diferencias genéticas entre reproductores (machos o hembras), no sólo en cantidad, sino también en rendimiento y calidad de carne.

Actualmente, las medidas tomadas en el animal vivo mediante la técnica de ultrasonido son (**Figura XIII**):

- **Espesor de grasa dorsal (EGD)**
- **Espesor de grasa de cadera (EGC)**
- **Área de ojo de bife (AOB)**
- **Porcentaje de grasa intramuscular (%GI)**

Figura XIII: Áreas de interés para la toma de imágenes ecográficas de características de rendimiento y calidad carnífera.



Referencias:

- 1: Imagen longitudinal para %GI.
- 2: Imagen transversal para el AOB y EGD a la altura de la 12^a-13^a costilla.
- 3: Imagen de EGC.

Fuente: Guidelines for Uniform Beef Improvement Programs, BIF, 8va. edición.

Es importante recordar que las características carníferas, al igual que el resto de las características productivas, son variables cuantitativas, es decir que cada una de ellas está gobernada por varios genes. A su vez, existen genes que pueden afectar a más de una característica (efecto pleiotrópico) y esto causa la correlación genética entre dos caracteres. En la siguiente **Tabla XV** se muestran, en forma orientativa, las heredabilidades y correlaciones genéticas de las características carníferas medidas por ultrasonido calculadas en una población de bovinos.

Tabla XV: Heredabilidades y correlaciones de las características carníferas

	PM	%GI	AOB	EGD	EGC	%CM
Peso a la medición (PM)	0,57	-0,09	0,45	0,32	0,29	-0,23
Porcentaje de grasa intramuscular (%GI)	0,06	0,37	-0,05	0,20	0,17	-0,17
Área de ojo de bife (AOB)	0,46	-0,07	0,36	0,26	0,20	0,61
Espesor de grasa dorsal (EGD)	0,43	0,18	0,25	0,37	0,65	-0,44
Espesor de grasa de cadera (EGC)	0,43	0,17	0,23	0,55	0,41	-0,45
Porcentaje de cortes minoristas (%CM)	-0,27	-0,19	0,64	-0,41	-0,4	0,36

- Nota:**
- La diagonal representa la heredabilidad de la característica.
 - Por encima de la diagonal están las correlaciones genéticas.
 - Por debajo de la diagonal están las correlaciones fenotípicas.

Fuente: Doyle Wilson, Iowa State University, 2002.

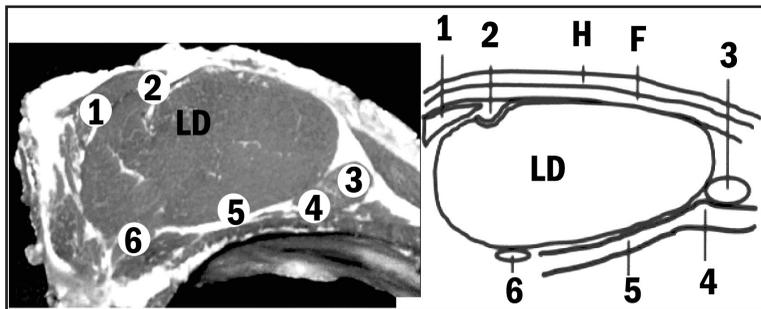
2.7.2

Espesor de grasa dorsal (EGD)

¿Cómo se mide el EGD?

La **Figura XIV** ilustra un corte transversal a la altura de la 12ª y 13ª costilla. La imagen ecográfica debe tomarse entre la 12ª y 13ª costilla del animal (**Figura XV**). El EGD debe ser interpretado a las $\frac{3}{4}$ partes del ancho del AOB (**Figura XVI**), considerando que el inicio del AOB se encuentra próximo a la columna vertebral. La imagen debe tomarse (transductor en forma perpendicular a la posición del animal) utilizando el «standoff» (guía del transductor) (**Figura XV**).

Figura XIV: Ilustración de un corte transversal a la altura de la 12ª y 13ª costilla para la interpretación de AOB y EGD, y croquis de los puntos de referencia importantes a la altura de la 12ª y 13ª costilla.



Referencias:

- 1- Músculo *Spinalis dorsi*;
- 2- Grasa del cuerno de ojo de bife,
- 3- Músculo *Longissimus costarum*;
- 4- Corte en los músculos intercostales,
- 5- Unión de los músculos intercostales;
- 6- Músculo *Quadratus lumborum*
- H- Piel del dorso del animal;
- F- Grasa subcutánea medida a los $\frac{3}{4}$ del ojo de bife;
- LD- Músculo *Longissimus dorsi* u ojo de bife.

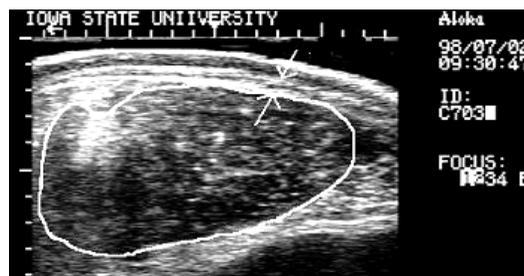
Fuente: Doyle Wilson, Iowa State University, 2002.

Figura XV: Ubicación del transductor para la medición del EGD y AOB usando el “standoff”.



Fuente: Doyle Wilson, Iowa State University, 2002.

Figura XVI: Imagen ecográfica interpretada. Tomada a la altura de la 12ª y 13ª costilla. Las flechas indican el lugar de medición del EGD ubicado en la $\frac{3}{4}$ parte del área delimitada para la medición de AOB.



Fuente: Doyle Wilson, Iowa State University, 2002.

Se toma una única imagen ecográfica, sobre la cual se interpreta el EGD. Debemos destacar que esta medida es de moderada heredabilidad (0,37) y tiene una baja correlación genética (0,20) con el %GI y una alta correlación genética negativa (-0,44) con el %CM.

Esto sugiere que:

- Con una moderada heredabilidad, podríamos seleccionar reproductores genéticamente superiores y obtener un progreso genético razonable en las próximas generaciones.
- Con una baja correlación genética positiva, podríamos seleccionar reproductores con mayor porcentaje de grasa intramuscular sin incrementar necesariamente el EGD.
- Con una alta correlación genética negativa, podríamos seleccionar reproductores de razonable EGD y obtener un incremento paralelo del porcentaje de cortes minoristas.

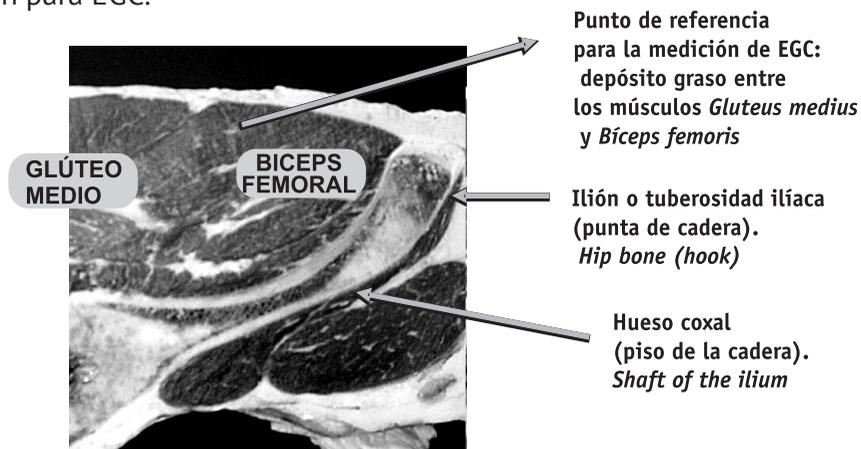
El EGD de los reproductores es interpretado en milímetros (mm). Luego es ajustado a una determinada edad fija por la unidad ejecutora, y se genera la evaluación genética en base a DEP, la cual es expresada en la misma unidad de medición (mm). Esta DEP predice la capacidad de los reproductores de transmitir mayor o menor EGD a sus progenies.

2.7.3 Espesor de grasa de cadera (EGC)

¿Cómo se mide el EGC?

La **Figura XVII** es un corte que ilustra el lugar de la toma de imagen del EGC. La imagen debe tomarse sobre la línea imaginaria que une la punta de la cadera y la punta de nalga (región caudal, **Figura XVIII**). El EGC se interpreta en el punto de unión de los músculos bíceps femoral y glúteo medio, más cercano al plano dorsal (**Figura XIX**).

Figura XVII: Ilustración del EGC. Área específica de la carcasa, que muestra el lugar de la toma de la imagen para EGC.



Fuente: Doyle Wilson, Iowa State University, 2002.

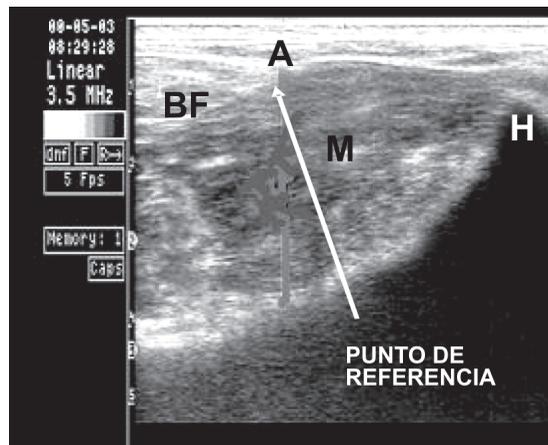
Figura XVIII: Ubicación del transductor para la medición del EGC.



Fuente: Doyle Wilson, Iowa State University, 2002

Figura XIX: Imagen ecográfica interpretada de la zona de la cadera con los puntos de referencia típicos identificados. Se ve claramente cómo el punto de intersección del músculo *Biceps femoris* (BF) y la línea de grasa subcutánea que está bien definida se encuentra próxima a las 2/3 partes de la imagen (punto de referencia). Podemos ver también cómo el hueso pélvico (IS) absorbe las ondas de ultrasonido en la parte derecha inferior de la imagen.

El transductor es ubicado sobre una línea recta imaginaria entre la punta de nalga (H: ilion) y la punta de cadera (isquión), para obtener la imagen. La cabeza del animal se ubica hacia la derecha de la imagen, mientras que su cola hacia la izquierda. A: Espesor de grasa de cadera (EGC).



Fuente: Doyle Wilson, Iowa State University, 2002.

El EGC de los reproductores es interpretado en milímetros (mm). Luego es ajustado a una determinada edad fija, por la unidad ejecutora y se genera la evaluación genética en base a DEP, la cual es expresada en la misma unidad de medición (mm). Esta DEP predice la capacidad de los reproductores de transmitir mayor o menor EGC a sus progenies.

Esta medida, tomada a lo largo de la cadera, es de suma importancia en sistemas pastoriles, donde en algunos casos, los animales no han acumulado suficiente grasa dorsal al momento de la medición ecográfica. En estos casos, el EGC puede ser más útil que el EGD para predecir el porcentaje de cortes minoristas, dado la alta correlación que existe entre ellos.

Esto sugiere:

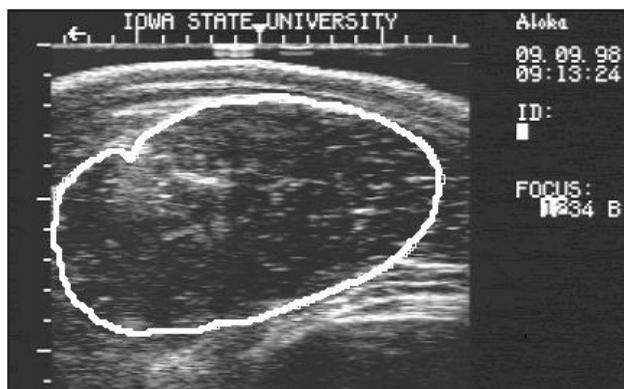
- ♦ Que el EGC en un sistema pastoril limitado (sequía, exceso de humedad, etc.) es un buen indicador del EGD, debido a la alta correlación genética entre los mismos.
- ♦ El EGC es de moderada heredabilidad (0,41) y tiene una alta correlación genética positiva con el EGD (0,65) y una moderada correlación genética negativa (-0,45) con el porcentaje de cortes minoristas.

2.7.4 Área de ojo de bife (AOB)

¿Cómo se mide el AOB?

El AOB se refiere al área del músculo *Longissimus dorsi*. La imagen del AOB debe tomarse (**Figura XV**) entre la 12^a y 13^a costilla del animal (transductor en forma perpendicular a la posición del animal) utilizando el “standoff” (guía del transductor). Esta imagen es la misma que se utiliza para medir el EGD, es decir sobre una misma imagen se interpretan dos características: EGD y AOB. La **Figura XX** muestra una interpretación del AOB.

Figura XX: Imagen interpretada del AOB entre la 12^a y 13^a costilla.



Fuente: Doyle Wilson, Iowa State University, 2002.

El AOB de los reproductores es interpretada en cm². Luego es ajustada a una determinada edad fija por la unidad ejecutora. Posteriormente, en la evaluación genética se calculan las DEP de los mismos, las cuales son expresadas en la misma unidad de medida (cm²). Esta DEP predice la capacidad de los reproductores para transmitir mayor o menor AOB a sus progenies, dependiendo si sus valores son positivos o negativos, respectivamente. El AOB tiene una alta correlación genética (0,61) con el %CM, es decir a mayor AOB, mayor rendimiento. Esta medida es de moderada heredabilidad (0,36).

Esto sugiere que:

- ♦ Con una alta correlación genética positiva podríamos seleccionar reproductores de mayor DEP de AOB, y conseguir un incremento paralelo del porcentaje de cortes minoristas.

2.7.5 Porcentaje de grasa intramuscular (%GI)

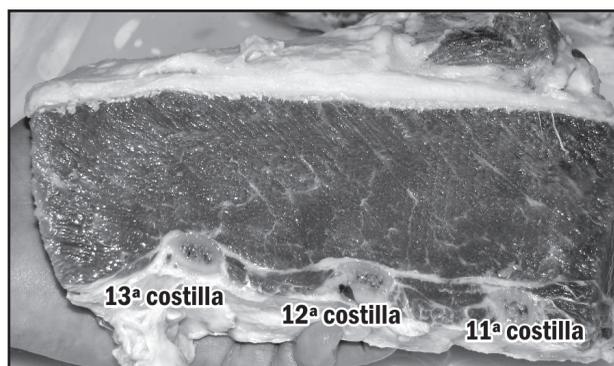
Es importante aclarar las diferencias conceptuales entre “marmoreo” y “porcentaje de grasa intramuscular”, pues ambos conceptos intentan estimar el veteadado de grasa dentro del AOB (entre la 12ª y 13ª costilla), pero de manera diferente. El marmoreo es una apreciación visual, es decir subjetiva, donde un técnico calificado, dentro de la industria frigorífica, le asigna un puntaje a cada animal faenado, de acuerdo a la magnitud del veteadado en el área mencionada.

Por su parte, el %GI se calcula en el laboratorio por extracción química. Consecuentemente, es una medida objetiva que, sin embargo, requiere la faena del animal. En la actualidad, este porcentaje puede estimarse también por ultrasonido en el animal en vivo, existiendo una correlación de 0,98 entre el %GI calculado en laboratorio y el obtenido por ultrasonido. El %GI está asociado muy fuertemente al sabor y a la jugosidad de la carne, y por lo tanto es determinante en su palatabilidad.

¿Cómo se mide el %GI?

La **Figura XXI** es una ilustración de un corte longitudinal del *Longissimus dorsi*, mostrando la 11ª, 12ª y 13ª costilla. Esta medida debe tomarse en el área ubicada entre la 11ª, 12ª y 13ª costilla del animal (**Figura XXII**). El ecografista debe tomar cuatro imágenes (transductor en forma paralela al animal). Para medir el porcentaje de grasa intramuscular, cada imagen debe ser independiente. En la **Figura XXIII** se muestra la forma de la correcta interpretación de las mismas.

Figura XXI: Ilustración de la zona donde se mide el %GI. Corte longitudinal del *Longissimus dorsi*, mostrando la 11ª 12ª y 13ª costilla.



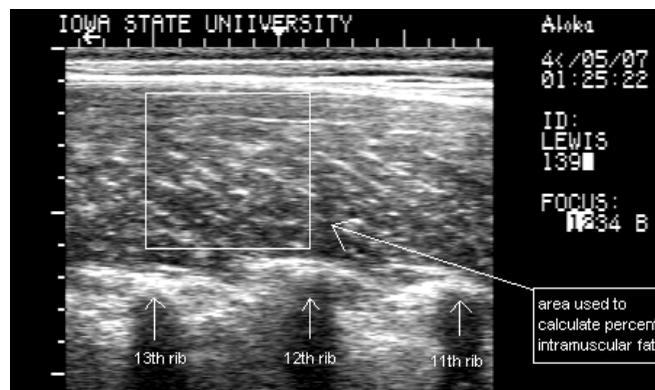
Fuente: Doyle Wilson, Iowa State University, 2002.

Figura XXII: Ubicación del transductor para la medición del %GI.



Fuente: Doyle Wilson, Iowa State University, 2002.

Figura XXIII: Interpretación del %GI. Imagen ecográfica longitudinal del *Longissimus dorsi* tomada sobre la 13^a, 12^a y 11^a costilla. La primera capa superior uniforme es el cuero del animal. La segunda capa es la de grasa subcutánea. En la parte superior derecha se puede apreciar una forma triangular que corresponde al músculo *Spinalis dorsi*, ubicado debajo de la capa de grasa subcutánea y sobre la 11^a costilla, y el aumento de luminosidad en la zona de la imagen ubicada por debajo de dicho músculo.



Fuente: Doyle Wilson, Iowa State University, 2002.

Cuando la grasa intramuscular de los reproductores es interpretada, su resultado se expresa en porcentaje (%). Luego es ajustada a una determinada edad fija por la unidad ejecutora. Posteriormente, en la evaluación genética se calcula la DEP de los mismos, siendo ésta expresada en la misma unidad de medida (%). Esta DEP predice la capacidad de los reproductores para transmitir mayor o menor %GI a sus progenies, dependiendo si sus valores son positivos o negativos, respectivamente.

Esta medida es de moderada heredabilidad (0,37) y tiene una baja correlación genética positiva (0,20) con el EGD. Esto sugiere que:

- Con una baja correlación genética positiva se podrían seleccionar reproductores con alto porcentaje de grasa intramuscular sin incrementar el EGD.

2.7.6 Porcentaje de cortes minoristas (%CM)

El %CM es una DEP compuesta que combina principalmente, la información del peso al momento de la medición ecográfica, el AOB y el EGD. Esta DEP predice la diferencia en kilos de cortes minoristas que daría, en promedio, la progenie de un toro padre particular, con respecto a otro. El %CM es de moderada heredabilidad (0,36) y tiene una alta correlación genética positiva (0,61) con el AOB y una moderada correlación genética negativa con el EGD (-0,44).

Esto sugiere que:

- Con una alta correlación genética positiva, podríamos seleccionar reproductores de mayor AOB y conseguir un incremento paralelo del porcentaje de cortes minoristas.
- Con una moderada correlación genética negativa, podríamos seleccionar reproductores de bajo EGD y obtener un incremento paralelo del %CM.

2.7.7 Protocolo de procedimientos para la medición ecográfica

En sistemas de producción pastoriles no se ha establecido la edad precisa a la cual deben tomarse las medidas en los animales para evaluar las características de calidad de carne. Experiencias australianas recomiendan medir los toritos y las vaquillonas a los 18 meses \pm 45 días, y no medir las hembras con más de 3 meses de preñez. Una evaluación prematura sólo puede realizarse con animales sujetos a feedlot o confinamiento. En este caso, los mismos pueden ecografiarse a los 15 meses \pm 45 días de edad, señalando, al igual que en los casos anteriores, el correspondiente código de manejo. No se recomienda medir animales a dicha edad en sistemas pastoriles, ya que difícilmente demuestren su potencial para EGD y %GI. En todos los casos debe asignarse el mismo código de manejo a aquellos animales que hayan recibido igual manejo nutricional desde el destete hasta el momento de la medición ecográfica. Para la generación de las DEP de características carniceras, es indispensable informar también el peso del animal, el que tiene que ser tomado dentro de \pm 7 días con respecto a la fecha de medición ecográfica.

Es importante remarcar que no sólo deben medirse las características de rendimiento y calidad de carne en los animales en los cuales el criador tiene interés específico, sino también en sus compañeros de parición. Esto debe realizarse a fin de poder armar los grupos contemporáneos necesarios para eliminar los factores ambientales y generar de esta manera una correcta evaluación genética (**ver 3.4**).

La recolección de datos precisos de performance es fundamental para que una evaluación genética sea exitosa. Como se ha desarrollado a lo largo de esta Guía, existen a lo largo del ciclo de vida de los animales varios momentos en los cuales es necesario registrar e informar datos para garantizar una evaluación completa y precisa.

A continuación se brindan las edades sugeridas para registrar los pesos y las distintas mediciones en los animales, de acuerdo a la característica a evaluar. Para asegurar una buena calidad de la información resultante, es fundamental cumplir con el calendario sugerido. Es importante recordar que los datos registrados son tan importantes como las fechas en las cuales fueron tomados y el código correspondiente del grupo de manejo.

Peso al nacer: Debe tomarse dentro de las 24 horas del nacimiento.

Peso al destete: Debe tomarse entre los 160 y 250 días edad. En los casos de destete precoz, el mismo debe ser explicitado mediante el uso de un código de manejo diferente.

Peso final, circunferencia escrotal y altura: Estos datos se deben registrar entre los 500 y 600 días de edad (16,5 y 19,5 meses). En los casos de establecimientos que comercializan animales entre los 12 y 15 meses, se sugiere evaluar los machos y hembras para estas características a partir de los 10,5 meses de edad.

Características carniceras (EGD, EGC, AOB y %GI): Estos caracteres deben medirse entre los 13,5 meses de edad (confinamiento) y los 19,5 meses de edad (machos a campo). No deben ecografiarse aquellas hembras que superen los 3 meses de preñez. Es importante recalcar que para la generación de las DEP de características carniceras, es indispensable enviar el peso del animal, el cual tiene que ser tomado dentro de ± 7 días con respecto a la fecha de medición.

RESUMEN DE CONTROL DE PRODUCCIÓN

RANGO DE EDADES Y CÓDIGOS DE MANEJO		
Característica	Rango de Edad	Código de Manejo
Peso al nacer	Dentro de las 24 horas	Sí, del vientre (1)
Peso al destete (ajustado a 205 días)	205 días \pm 45 días	Sí, de la cría (2)
Peso final (ajustado a 550 días)	550 días \pm 50 días	Sí, de la cría (3)
CE (ajustada a 550 días)	550 días \pm 50 días	Sí, de la cría (3)
Altura (ajustada a 550 días)	550 días \pm 50 días	Sí, de la cría (3)
Ecografías	550 días \pm 50 días	Sí, de la cría (4)

(1) Asignar el mismo código numérico a las crías cuyas madres recibieron igual manejo nutricional durante el último tercio de gestación. De lo contrario, poner otro código.

(2) Asignar el mismo código de manejo a todas las crías que recibieron igual manejo nutricional entre nacimiento y el destete. De lo contrario, asignar otro código.

(3) Asignar el mismo código de manejo a todas las crías que recibieron igual manejo nutricional entre el destete y el peso final. De lo contrario, asignar otro código.

(4) Asignar el mismo código de manejo a todas las crías que recibieron igual manejo nutricional entre el destete y la medición ecográfica: los machos, hasta los 19,5 meses de edad, y las hembras, hasta los 3 meses de preñez. De lo contrario, asignar otro código.

Fuente: Resumen de Padres Angus 2009.

Nota: Cada unidad ejecutora ajustará a una determinada edad fija, de acuerdo a su criterio y con la metodología que considere más conveniente. Lo previamente expresado es orientativo para una raza en particular. Para información específica de la evaluación genética de cada raza, por favor contáctese con la asociación de criadores correspondiente.

2.9

RECOMENDACIONES PARA LAS PESADAS

Existen distintos factores que pueden producir variación en los pesos tomados a campo. Estas variaciones pueden dividirse en dos tipos:

1) Variaciones verdaderas del animal:

- Contenido del aparato digestivo (rumen principalmente): estas diferencias pueden eliminarse por medio del ayuno.
- Deshidratación: este estado varía de acuerdo a las condiciones climáticas y la demora en ejecutar los trabajos a campo.

2) Variaciones originadas por el instrumento de pesada:

■ Balanzas (convencional o electrónica).

- Capacidad de pesaje.
- Tara.
- Errores de lectura.
- Movimientos del animal.
- Acumulación de estiércol.

■ Redondeos/estimaciones: Es importante eliminar este tipo de procedimiento cuando es constatado por el personal a cargo, y en su lugar entregar valores de pesadas exactos.

■ Errores de identificación del animal.

Considerando la importancia de la exactitud de los datos informados a la asociación de criadores correspondiente, es fundamental planear el procedimiento de pesada cuidadosamente, a fin de evitar las variaciones antes mencionadas. En primer lugar, los animales deben ser pesados en forma individual, tratando de pesar la totalidad del grupo de animales (los pesos tomados deben ser expresados en kg). Se recomienda, antes del inicio de la pesada, someter a los animales a un ayuno total de por lo menos 12/14 horas, pesando por la mañana a los terneros encerrados el día anterior y por la tarde a los terneros encerrados por la mañana. Es importante evitar la ingestión de líquidos, dado que es el componente de error más importante. Los bebederos pueden ser vaciados o tapados. *Las condiciones de pesadas deben ser las mismas para todo el grupo de animales a ser comparado y se debe pesar la totalidad de la producción, especialmente al destete, realizando el descarte solamente luego de esta práctica (ver 2.5).* Preferentemente, las pesadas deben realizarse evitando que coincidan con prácticas de manejo que causen estrés y que puedan afectar los resultados de la toma de datos, como por ejemplo castración, vacunación, marcación y señalada.

Otras consideraciones generales sobre las pesadas son:

- Usar una balanza de porte mediano con límite de peso hasta 1500 kg.
- La balanza debe estar colocada en la manga, a continuación del cepo.
- Destarar y limpiar -de estiércol y barro- periódicamente la balanza.
- La persona que identifica a los animales debe ser siempre la misma. La lectura debe realizarse en las dos orejas y el peso debe ser informado directamente a quien anota, evitando intermediarios.
- La persona que pesa a los animales debe ser siempre la misma.
- Nunca estimar ni redondear los pesos, ni las fechas.

 **La buena práctica del procedimiento de pesadas permitirá al criador informar datos exactos para ser incorporados en la base de datos de la asociación correspondiente, y obtener así una evaluación genética con resultados confiables.**

CAPÍTULO

III

PRINCIPALES CONCEPTOS SOBRE LAS DEP

3.1 DIFERENCIA ESPERADA ENTRE PROGENIES (DEP)

Como resultado del trabajo que han desarrollado los criadores en conjunto con sus respectivas asociaciones, en la actualidad es posible seleccionar reproductores basándose no sólo en la observación visual (evaluación subjetiva), sino también en los resultados de la evaluación genética objetiva de los mismos. A partir de los años '70 se produjeron transformaciones profundas en las metodologías utilizadas en los programas de evaluación genética, con el propósito de brindar a los criadores las herramientas adecuadas para producir cambios en sus planteles ganaderos a través de una correcta selección de toros padres, vientres, toritos y vaquillonas.

Debido a que no se puede conocer el verdadero mérito genético que poseen los animales para cada una de las características analizadas, los programas de evaluación genética tienen como objetivo *predecir* el mérito genético o valor de cría de los animales para esas características. Estas predicciones se denominan DEP o diferencia esperada entre progenies. Para cada característica considerada (peso al nacer, circunferencia escrotal, área de ojo de bife, etc.), la DEP predice cómo será el comportamiento (performance) promedio de las futuras crías de un toro, en comparación con las que producirán el resto de los padres incluidos en la misma evaluación genética. Las DEP son diferencias relativas entre los animales evaluados y se expresan en la unidad en que se mide cada característica (ejemplo: peso al nacer en kg, circunferencia escrotal en cm, grasa en mm, etc.).

Con el objetivo de ilustrar en forma sencilla cómo deben interpretarse las DEP, se presentan los toros A y B con sus respectivas DEP para la característica peso al destete: el toro A, con una DEP de +16 kg, y el toro B, con una DEP para esa misma característica de +6 kg. A su vez, el peso al destete de los terneros hijos del toro promedio (DEP = 0) es hipotéticamente de 210 kg. Si se utiliza el toro A para servir un lote de vacas y el toro B para servir otro lote de hembras de similar mérito genético, se puede esperar que la progenie del toro A tenga un peso promedio al destete de 226 kg ($210 + 16 = 226$), mientras que la progenie del toro B pese al destete, en promedio, 216 kg ($210 + 6 = 216$).

Figura I: Ejemplo de interpretación de las DEP.

INTERPRETACIÓN DE LAS DEP		
PESO AL DESTETE		
Promedio: 210 kg (DEP=0)		
TORO A	TORO B	DIFERENCIA
+16	+ 6	+10
210	210	0
<hr/>	<hr/>	<hr/>
226 kg	216 kg	+10 kg

La diferencia en performance ($226 - 216 = 10$ kg) es exactamente igual a la diferencia entre las DEP de los dos toros ($16 - 6 = 10$ kg), lo que demuestra que no es necesario conocer el promedio fenotípico de la raza para la característica considerada.

El uso de DEP permite a los usuarios de las evaluaciones genéticas comparar reproductores pertenecientes a una misma base genética (**ver 3.3**), aunque éstos hayan sido evaluados en diferentes cabañas y dejen descendencia en distintas localidades, años y meses de parición. Por todo ello, dentro de cada raza, las DEP brindadas por las asociaciones de criadores son la mejor herramienta de selección genética, pues permite al criador encontrar los reproductores que mejor se adaptan a sus condiciones de producción, medio ambiente y necesidades de mercado. Como toda herramienta, debe ser utilizada en forma criteriosa y balanceada, recordando la relación que puede existir entre las características (**ver 3.1.3**)

Es importante remarcar, que sólo deben utilizarse los resultados de la última evaluación genética brindada por la asociación de criadores respectiva para comparar distintos reproductores,

dado que no se pueden comparar animales cuyas DEP pertenecen a distintas evaluaciones, ya sea realizadas en años diferentes o llevadas a cabo por distintas unidades ejecutoras. Ejemplo de este último caso es el de reproductores cuyas evaluaciones son realizadas en su país de origen; nuestras evaluaciones incluyen toros nacionales y extranjeros.

3.1.1

Modelo utilizado para calcular las DEP. Modelo Animal

El Modelo Animal (MA) es utilizado para realizar el análisis de los datos incluidos en las evaluaciones genéticas, dado que es el modelo operacional o de trabajo más avanzado, pues describe de manera más completa las características de interés económico en producción animal. Se denomina Modelo Animal porque todos los animales que forman parte de la base de datos utilizada para el análisis, son evaluados genéticamente sin distinción de sexo ni edad, para cada característica de interés económico. En otras palabras, toros, toritos, vientres, vaquillonas, terneros y terneras reciben sus DEP (Diferencia Esperada entre Progenies), como resultado de dicha evaluación.

El MA tiende a predecir el verdadero valor genético de cada reproductor, basando su cálculo en el comportamiento propio de cada animal, en la performance de sus crías y en la de todos sus parientes (genealogía). Para ello, utiliza todas las relaciones de parentesco entre los animales incluidos en la evaluación, lo que da como resultado un aumento en el grado de confiabilidad o precisión de las DEP obtenidas (**ver 3.1.3**).

El análisis de mayor difusión utilizado dentro del MA es el Multi-Carácter (Multiple Traits). En éste se evalúan varias características de manera simultánea. Este análisis permite corregir, en alguna medida, la pérdida o falta de información de alguna característica, ya que utiliza las “correlaciones genéticas” entre ellas, es decir, la influencia o impacto que tiene una característica sobre otra, la cual puede ser positiva, negativa o cero (**ver 3.1.3**). Por ejemplo, considerando las características de crecimiento, algunos animales salen del rodeo al destete, debido a la selección que ocurre al momento del mismo, impidiendo medir su peso final. En este caso, se usa la correlación genética entre el peso al destete y la ganancia diaria posdestete. Esto nos permite usar información de peso al destete proveniente de una población menos afectada por la selección, para obtener la DEP de la ganancia diaria posdestete, a los fines de construir la DEP de peso final.

La metodología utilizada para el MA se basa en los modelos mixtos, que nos permiten predecir los valores genéticos con propiedades estadísticas denominadas BLUP (Best Linear Unbiased Prediction). Esta metodología posee óptimas propiedades desde el punto de vista estadístico y, además, una gran flexibilidad en su aplicación.

3.1.2 Información utilizada para calcular DEP

Las DEP se originan a partir de la información que los criadores reportan a los programas de evaluación genética para cada raza en particular, la cual es procesada aplicando el Modelo Animal mencionado anteriormente. Las DEP para cada una de las características evaluadas se calculan utilizando:

- **Datos propios del animal**
- **Datos de su progenie**
- **Datos de otros parientes (genealogía)**
- **Heredabilidad de cada característica (ver 3.1.3)**
- **Correlaciones genéticas y ambientales entre las variables (ver 3.1.3)**

Cada una de las fuentes de información que proveen datos, tanto del animal como de sus parientes, está apropiadamente ponderada de acuerdo al lugar que ocupa el animal emparentado en el registro de genealogía. Cuanto más cercana es la relación de parentesco, mayor importancia relativa tiene esa información. Por ejemplo, cuando se comienza a evaluar la progenie de un reproductor, la información proveniente del resto de sus parientes adquiere menor importancia. Asimismo, a medida que se disponga de mayor cantidad de información de cada animal y sus parientes, mayor será la precisión del cálculo de sus DEP (**ver 3.1.3**).

3.1.3 Precisión de las DEP

La precisión o exactitud es un indicador del grado en que la DEP predice el verdadero valor genético de un reproductor para cada una de las características evaluadas. En otras palabras, la precisión nos indica la confiabilidad con que la DEP predice la característica evaluada. El valor de la precisión también provee una dimensión de la estabilidad de la DEP y puede considerarse como un indicador de la cantidad de información que fue utilizada para su cálculo. Cuanto mayor sea la precisión de la DEP de un reproductor, menor es la probabilidad de cambio de la DEP ante la inclusión de nueva información para ese reproductor, en futuras evaluaciones.

El valor de la precisión depende de los siguientes factores:

- **La heredabilidad de la característica evaluada**
- **La correlación genética entre las distintas características**
- **La cantidad de registros (datos) del reproductor y de sus parientes**
- **La distribución de los reproductores en distintos grupos contemporáneos**

La heredabilidad de la característica evaluada:

La heredabilidad (h^2) puede definirse, en sentido estricto, como la proporción de la varianza fenotípica o total que es atribuible a los efectos aditivos de los genes o valores de cría. Mas explícitamente, es el cociente entre la varianza aditiva y la varianza fenotípica ($h^2 = V_a/V_p$), donde la varianza aditiva es la varianza de los valores cría de un carácter en particular, en una población específica. De esta manera, la heredabilidad nos permite predecir cuánto de una característica es transmitida a la progenie de un individuo. La heredabilidad, como fue mencionado, es un parámetro poblacional, es decir que es particular del conjunto de animales para la cual ha sido estimada y, por lo tanto, puede variar entre una población y otra. Este parámetro toma valores entre 0 (cero) y 1 (uno). Si su valor es alto (cerca de 1), gran parte de las variaciones son de origen genético, y así las diferencias en producción observadas en los individuos serán en su mayoría debidas a los genes que poseen y serán transmitidas a su progenie. Por el contrario, si su valor es bajo (cerca de 0), la mayor parte de las diferencias entre los animales es el resultado de factores ambientales y, por lo tanto, esos efectos no serán transmitidos a la generación siguiente. De una manera simple se puede decir que se habla de alta heredabilidad cuando ésta es mayor a 0,5, mediana cuando se encuentra en un rango entre 0,15 y 0,5, y baja cuando es menor a 0,15. A continuación se presenta, a fines orientativos, la **Tabla I** con los valores de heredabilidad para algunas características incluidas en la evaluación genética de una raza bovina.

Tabla I: Valores de heredabilidad para distintas características estimadas en una población bovina.

Característica	Heredabilidad
Peso al nacer	0,36
Peso al destete	0,26
Aptitud materna/Leche	0,14
Peso final	0,28
CE	0,50
Largo de gestación	0,21
Altura	0,50

Los caracteres con alta heredabilidad requerirán menor cantidad de información que aquellos de baja heredabilidad, para obtener el mismo nivel de precisión, o dicho en otras palabras, con menor información pueden obtenerse mayores precisiones.

La correlación genética entre las distintas características (Modelo Multi-Carácter): La correlación es una medida del grado de asociación genética entre dos o más caracteres en el mismo individuo. La existencia de genes que pueden afectar a más de una característica produce la correlación genética entre las mismas. Cuanto más genes en común tengan dos características, mayor será su correlación genética y más difícil será producir cambios en una variable sin arrastrar a la otra. La correlación genética puede tomar valores entre -1 y +1 (correlación negativa y positiva, respectivamente). Si la correlación es cero (0), se dice que dichos caracteres no están correlacionados genéticamente. Cuando existe correlación genética, la presencia de datos de otros caracteres permite predecir la DEP de un carácter faltante. A su vez, el hecho de tener información sobre dos caracteres aumentará su precisión mediante la utilización de la correlación entre los mismos, ya que se cuenta con información adicional sobre ellos. En la **Tabla II** se muestran las heredabilidades y correlaciones genéticas de características de crecimiento calculadas en una raza bovina de carne, diferente a la de la **Tabla I**.

Tabla II: Heredabilidades y correlaciones genéticas de características de crecimiento calculadas en otra población bovina.

Característica	PN	PD	AM	GDP	PF
PN	0,30	0,40	-0,12	0,46	0,48
PD		0,25	-0,20	0,15	0,70
AM			0,14	-	-0,07
GDP				0,28	0,98
PF					0,30

Fuente: Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics (AAABG), perteneciente al CSIRO (Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation), de Australia.

Referencias: PN = peso al nacer. PD = peso al destete. AM = aptitud materna. PF = peso final. GDP= ganancia diaria de peso.

Nota:La diagonal representa la heredabilidad de la característica. Por encima de la diagonal están las correlaciones genéticas.

Es importante recordar que tanto las heredabilidades como las correlaciones son propiedades de la población evaluada y del ambiente en la cual se desarrolla. Cada unidad ejecutora utiliza estos parámetros calculados de su base de datos y, por lo tanto, los mismos podrán presentar variaciones en las evaluaciones de las diferentes razas.

Las correlaciones genéticas también proveen una indicación de lo que se espera que ocurra con un carácter cuando se selecciona por otro que está correlacionado con el primero. Por ejemplo, si se selecciona por mayor peso al destete, se espera que aumenten también los pesos al nacer y final, que se encuentran positivamente correlacionados. Dado que no existe ningún par de caracteres que estén perfectamente correlacionados (es decir, aquellos en los cuales la correlación genética sea igual a 1), es factible encontrar animales que tengan DEP para ambas características con valores diferentes al sentido de la correlación, como por ejemplo, individuos con una DEP baja para peso al nacer, pero alta para peso al destete. Estos individuos son conocidos como “curve benders” (literalmente, “modificadores de la curva de crecimiento”), término que se refiere a la capacidad de ir contra la tendencia, es decir a modificar la curva de crecimiento. Así, un toro con esta capacidad mostrará, por ejemplo, una DEP baja para peso al nacer y alta para peso al destete y peso final, y por lo tanto se lo conoce también como “rompe-reglas”. Estos reproductores pueden ser encontrados solamente a través de las evaluaciones objetivas que se brinda en el Resumen o Sumario de Padres de las diferentes razas.

■ **La cantidad de registros (datos) del reproductor y de sus parientes:** Como se mencionó, las fuentes de información que se utilizan para el cálculo de las DEP son: la performance propia del animal (en caso de que esté disponible), la de sus hijos y la de sus parientes, que surge de la genealogía de dicho animal. Cuanto mayor es el número de registros de los animales emparentados y más cercana la relación de parentesco, mayor es la precisión. Por ejemplo, 25 hijos proveerán mayor precisión que 25 medio hermanos paternos, y 35 hijos con datos producen más precisión que 20.

■ **La distribución de los reproductores en distintos grupos de contemporáneos (ver 2.4):** Este punto es muy importante para los toros de inseminación artificial o para las vacas de trasplante embrionario, que pueden tener hijos en más de un plantel o rodeo. Cuanto mejor distribuida esté la progenie de un animal, mayor será la exactitud de cálculo de la DEP, es decir que la precisión será mayor en un reproductor con menos hijos pero en distintos rodeos, que un reproductor con muchos hijos en un solo rodeo.

En la **Tabla III** se observa el impacto que tiene la distribución de la progenie de un reproductor en distintos planteles o rodeos, para dos valores distintos de heredabilidad.

Tabla III: Impacto de la distribución de los hijos de un toro en distintos rodeos sobre la precisión.

Número total de rodeos	Número de rodeos con hijos del toro "X"	Heredabilidad	
		0,25	0,50
		Precisión calculada	
2	1	0,60	0,71
2	2	0,66	0,76
4	4	0,70	0,80
5	5	0,72	0,81

Nota: En todos los casos, el toro "X" tiene 25 hijos, y hay 100 hijos de otros toros.

En los cuatro casos analizados se calculó la precisión para un toro con 25 hijos, habiendo 100 hijos de otros toros. Es notable que el efecto más pronunciado sobre la precisión ocurre cuando los 25 hijos se distribuyen en 2 rodeos, aumentándose la precisión en un 6% y 5% para heredabilidades de 0,25 y 0,50, respectivamente. Asimismo, a medida que los 25 hijos se distribuyen en más rodeos, la precisión aumentó. Generalmente, en el Resumen o Sumario de Padres, la precisión se acompaña del número de rodeos en los cuales el toro fue probado.

En resumen, toda DEP va acompañada de un valor numérico que indica la precisión o exactitud de la misma. La precisión, como ya ha sido definida, indica la confiabilidad en la DEP que acompaña: en qué grado la DEP predice el verdadero valor genético aditivo de un reproductor para cualquier característica considerada en el Resumen de Padres. La precisión varía de 0 a 1, aproximándose a 1 cuando mayores son las fuentes de información utilizadas para la predicción de una DEP. La aproximación a valores más altos, como fue mencionado, depende de varios factores: de la característica y su heredabilidad, de la correlación genética entre los diferentes caracteres asociados (Multiple Trait Model) y de las distintas fuentes de información utilizadas para obtener las DEP de los reproductores. En un reproductor, uno puede tener como fuentes de información: su propia performance, la de sus hijos y la información de otros parientes que surjan del pedigree de dicho toro o vientre. A su vez, si un toro padre tiene hijos en un mayor número de grupos contemporáneos o rodeos, esto incide favorablemente en su precisión. Todos los factores mencionados transforman el "número real de crías" de un toro padre en lo que académicamente se denomina "número efectivo de progenies", lo cual tiene mucha influencia en la precisión. Por los motivos mencionados, *toros padres con igual número de crías reales pueden tener diferentes precisiones, porque su número efectivo de progenies es diferente.*

Con el propósito de ilustrar cómo varía el significado de la precisión en los toros padres o vientres y orientar al criador, mostramos la **Tabla IV**, que está basada en el número de crías (hijos/hijas), más las distintas fuentes de información previamente mencionadas, generando distintas precisiones. A su vez, presentamos diferentes características, pues las que tienen

mayor heredabilidad, tienden a incrementar más rápida su precisión, con menor número de crías. A su vez, la precisión sube más rápido si el toro padre o vientre no sólo tiene más hijos/as, sino también, si cuenta con su propia performance y está presente en mayor número de rodeos o planteles.

Tabla IV: Precisiones orientativas de acuerdo a la heredabilidad de cada característica, con diferente cantidad de crías, con y sin propia performance.

Cantidad de crías	Heredabilidad 0,30 (Peso al destete)		Heredabilidad 0,50 (CE y Altura)	
	Sin propia performance	Con propia performance	Sin propia performance	Con propia performance
10	0,48	0,68	0,67	0,81
20	0,68	0,75	0,78	0,85
100	0,85	0,87	0,92	0,93
1000	0,97	0,98	0,99	0,99

Fuente: Resumen de Padres Angus 2009. Estos valores pueden variar de acuerdo con la información del pedigree o ge-neologica de cada reproductor en particular.

Es decir, la precisión siempre varía entre 0 y 1; al estar más cerca de 1, la DEP es más confiable. La precisión de un toro es mayor si tiene propia performance, y se incrementa a medida que se cuenta con mayor cantidad y distribución de sus hijos con información entre rodeos y, desde ya, depende de la heredabilidad del carácter evaluado y de la correlación genética de las características evaluadas conjuntamente (Multiple Trait Model). Al incorporar nueva información a un padre con alta precisión, ésta cambiará menos en el siguiente Resumen de Padres, que la de un toro con baja precisión.

Seguramente, a esta altura del conocimiento, muchos se preguntarán si se puede comparar reproductores con diferentes precisiones, pues eso existe en todos los Resúmenes de Padres. La respuesta es sí, ya que las DEP están ajustadas por las diferentes fuentes de información disponible. En este caso, la precisión nos indica el mayor o menor riesgo que corremos al elegir uno u otro toro. Al incorporar nueva información a un padre con alta precisión, su DEP cambiará menos en el siguiente Resumen de Padres, que la de un toro con baja precisión. En este sentido, recomendamos leer la siguiente sección (Cambio posible).

3.1.3.1 Cambio posible

Tomando como referencia la DEP calculada, el cambio posible es el rango dentro del cual es esperable se encuentre el verdadero mérito genético de cada reproductor, para cada característica dentro de la evaluación. Se lo puede interpretar señalando que, si la evaluación se repitiese un número grande de veces, en el 67% de ellas la DEP se modificará dentro del cambio posible. Alternativamente, es esperable que la DEP a calcular en la futura evaluación del año

próximo, se ubique en un rango de más o menos un cambio posible, con una confianza del 67%. El cambio posible depende de la precisión que tiene la DEP: a mayor precisión (cuanto más cercana a 1), menor cambio posible.

En la **Tabla V** se muestran los valores de cambio posible asociados con los distintos niveles de precisión de las DEP, para las diferentes características evaluadas.

Tabla V: Cambio posible de las DEP, según su precisión.

Prec	DEP LG	DEP PN	DEP PD	DEP LECHE	DEP PF	DEP CE	DEP ALT	DEP AOB	DEP EGD	DEP EGC	DEP %GI	DEP %CM
0,05	± 2,57	± 1,05	± 6,72	± 6,01	± 9,38	± 0,69	± 1,35	± 3,48	± 0,40	± 0,66	± 0,43	± 0,74
0,10	± 2,43	± 0,99	± 6,36	± 5,69	± 8,88	± 0,66	± 1,28	± 3,29	± 0,38	± 0,63	± 0,41	± 0,70
0,15	± 2,30	± 0,94	± 6,01	± 5,38	± 8,39	± 0,62	± 1,21	± 3,11	± 0,36	± 0,59	± 0,39	± 0,66
0,20	± 2,16	± 0,88	± 5,66	± 5,06	± 7,90	± 0,59	± 1,13	± 2,93	± 0,34	± 0,56	± 0,36	± 0,62
0,25	± 2,03	± 0,83	± 5,30	± 4,74	± 7,40	± 0,55	± 1,06	± 2,75	± 0,31	± 0,52	± 0,34	± 0,59
0,30	± 1,89	± 0,77	± 4,95	± 4,43	± 6,91	± 0,51	± 0,99	± 2,56	± 0,29	± 0,49	± 0,32	± 0,55
0,35	± 1,76	± 0,72	± 4,60	± 4,11	± 6,42	± 0,48	± 0,92	± 2,38	± 0,27	± 0,45	± 0,29	± 0,51
0,40	± 1,62	± 0,66	± 4,24	± 3,79	± 5,92	± 0,44	± 0,85	± 2,20	± 0,25	± 0,42	± 0,27	± 0,47
0,45	± 1,49	± 0,61	± 3,89	± 3,48	± 5,43	± 0,40	± 0,78	± 2,01	± 0,23	± 0,38	± 0,25	± 0,43
0,50	± 1,35	± 0,55	± 3,54	± 3,16	± 4,94	± 0,37	± 0,71	± 1,83	± 0,21	± 0,35	± 0,23	± 0,39
0,55	± 1,22	± 0,50	± 3,18	± 2,85	± 4,44	± 0,33	± 0,64	± 1,65	± 0,19	± 0,31	± 0,20	± 0,35
0,60	± 1,08	± 0,44	± 2,83	± 2,53	± 3,95	± 0,29	± 0,57	± 1,46	± 0,17	± 0,28	± 0,18	± 0,31
0,65	± 0,95	± 0,39	± 2,47	± 2,21	± 3,45	± 0,26	± 0,50	± 1,28	± 0,15	± 0,24	± 0,16	± 0,27
0,70	± 0,81	± 0,33	± 2,12	± 1,90	± 2,96	± 0,22	± 0,43	± 1,10	± 0,13	± 0,21	± 0,14	± 0,23
0,75	± 0,68	± 0,28	± 1,77	± 1,58	± 2,47	± 0,18	± 0,35	± 0,92	± 0,10	± 0,17	± 0,11	± 0,20
0,80	± 0,54	± 0,22	± 1,41	± 1,26	± 1,97	± 0,15	± 0,28	± 0,73	± 0,08	± 0,14	± 0,09	± 0,16
0,85	± 0,41	± 0,17	± 1,06	± 0,95	± 1,48	± 0,11	± 0,21	± 0,55	± 0,06	± 0,10	± 0,07	± 0,12
0,90	± 0,27	± 0,11	± 0,71	± 0,63	± 0,99	± 0,07	± 0,14	± 0,37	± 0,04	± 0,07	± 0,05	± 0,08
0,95	± 0,14	± 0,06	± 0,35	± 0,32	± 0,49	± 0,04	± 0,07	± 0,18	± 0,02	± 0,03	± 0,02	± 0,04

Fuente: Resumen de Padres Angus 2009.

Referencias: LG (largo de gestación), PN (peso al nacer), PD (peso al destete), LECHE (leche), PF (peso final), CE (circunferencia escrotal), ALT (altura), AOB (área de ojo de bife), EGD (espesor de grasa dorsal), EGC (espesor de grasa de cadera), %GI (porcentaje de grasa intramuscular), %CM (porcentaje de cortes minoristas).

Por ejemplo, un toro padre con una DEP para peso al nacer de + 2,0 y una precisión de 0,65, de acuerdo con la **Tabla V** se esperaría que su verdadero mérito genético esté dentro del rango $2 \pm 0,39$, es decir de 1,61 kg a 2,39 kg, con un 67 % de confianza. Se puede observar que a medida que aumenta la precisión, disminuye el cambio posible. Esto se debe a que la DEP calculada está muy próxima al verdadero mérito genético del reproductor evaluado: la diferencia entre la DEP calculada y la DEP verdadera es menor. A través de las sucesivas evaluaciones genéticas y mediante la incorporación de mayor cantidad de información sobre el reproductor y sus parientes, la DEP calculada se va acercando al verdadero mérito genético del reproductor.

A continuación se presentan dos ejemplos numéricos, para ilustrar el concepto y la interpretación entre los valores del cambio posible y la precisión.

El Ejemplo 1 se refiere a los toros padres A y B, que poseen iguales DEP para peso al destete (+15 kg), pero distinta precisión (**Tabla VI**).

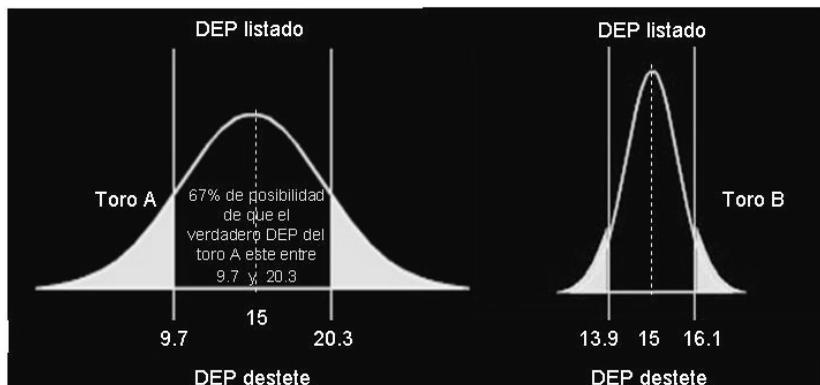
Tabla VI: Valores de cambio posible asociados con diferentes niveles de precisión e iguales DEP de peso al destete.

	TORO A	TORO B
DEP peso al destete	+ 15 kg	+ 15 kg
PREC.	0,25	0,85
Cambio posible	$\pm 5,3$ kg	$\pm 1,1$ kg
67% de las veces, la DEP "verdadera" estará entre:	+ 9,7 y + 20,3 kg	+ 13,9 y + 16,1 kg

Fuente: Resumen de Padres Angus 2009.

En el caso del toro A, con una precisión de 0,25, su verdadero mérito genético estará entre 9,7 kilos y 20,3 kilos en el 67% de las veces, con una probabilidad de 0,33 de estar fuera de dicho rango. Por el contrario, en el toro B, con una precisión mayor (0,85), su cambio posible es de sólo $\pm 1,1$, por lo que su verdadero mérito genético está muy próximo a la DEP calculada en la evaluación (**Figura II**).

Figura II: Ilustración del concepto de valores de cambio posible, asociados con diferente niveles de precisión e iguales DEP de peso al destete.



Fuente: Resumen de Padres Angus 2009.

A diferencia del caso anterior, en el Ejemplo 2 se muestran dos toros padres con igual precisión, pero difieren en sus DEP para peso final (**Tabla VII**).

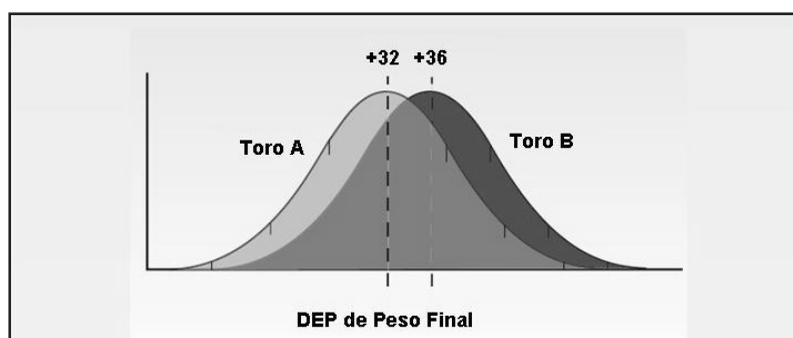
Tabla VII: Valores de cambio posible asociados con iguales niveles de precisión y diferentes DEP de peso final

	TORO A	TORO B
DEP peso final	+ 32 kg	+ 36 kg
PREC	0,25	0,25
Cambio posible	± 7,4 kg	± 7,4 kg
67% de las veces la DEP "verdadera" estará entre:	+ 24,6 y + 39,4 kg	+ 28,6 y + 43,4 kg

Fuente: Resumen de Padres Angus 2009.

De acuerdo a la **Tabla V**, ambos toros tendrán el mismo cambio posible para peso final ($\pm 7,4$), por lo tanto, su rango de cambio posible será el mismo (**Figura III**).

Figura III: Ilustración del concepto de valores de cambio posible, asociados con iguales niveles de precisión y diferentes DEP de peso final.



Fuente: Resumen de Padres Angus 2009.

3.1.4 Rangos de las DEP

Para cada característica de importancia económica hay un DEP máximo y un DEP mínimo, conformando lo que se denomina un rango de DEP, ya que estos se distribuyen entre esos dos valores extremos. El rango de DEP puede variar entre un Resumen de Padres y otro. En la **Tabla VIII** se muestra la cantidad de toros evaluados, el número de registros analizados y los rangos de DEP para las distintas características consideradas en un Resumen de Padres, con sus correspondientes unidades.

Los rangos allí expuestos son de utilidad, pues ayudan a interpretar la selección de un determinado reproductor en base a DEP, y a ver dentro de estos valores extremos dónde él está ubicado. Esto permite a cada criador o productor verificar si se moverá en la dirección deseada de acuerdo a sus objetivos de selección. *Recordar que es cada criador o productor en particular quien fija las metas de selección. El Resumen de Padres es sólo una herramienta objetiva para llegar a ellas, pero no fija direcciones en uno u otro sentido.*

Tabla VIII: Rangos de DEP para diferentes características de interés económico.

Característica	Cantidad de Toros	Cantidad de Registros	Rangos de DEP	Unidad
Largo de gestación	2.613	50.4863	- 3,3 a + 3,9	días
Peso al nacer	4.407	271.722	- 5,1 a + 4,5	kg
Peso al destete	4.268	274.578	- 19,7 a + 31,2	kg
Leche	4.268	91.570	- 18,7 a + 16,6	kg
Peso final	3.425	155.091	- 52,3 a + 51,1	kg
Circunferencia escrotal	3.044	65.524	- 2,2 a + 4,1	cm
Altura	2.996	75.873	- 3,5 a + 7,3	cm
Espesor de grasa dorsal	1.671	31.822	- 1,2 a + 3,2	mm
Espesor de grasa de cadera	1.649	30.274	- 2,4 a + 4,5	mm
Área de ojo de bife	1.724	31.130	- 10,0 a + 10,0	cm ²
Porcentaje de grasa intramuscular	1.689	28.315	- 0,4 a + 0,8	%
Porcentaje de cortes minoristas	1.655	26.934	- 3,5 a + 2,6	%

Fuente: Resumen de Padres Angus 2009.

Los valores de DEP de cada una de las características incluidas en una evaluación genética oscilan entre dos valores extremos o rangos (DEP máxima y DEP mínima), presentando una distribución propia de cada carácter y de cada raza en particular. Tanto los rangos como la distribución de las DEP pueden variar entre una evaluación genética y la siguiente. Generalmente, las evaluaciones genéticas incluyen, como parte de sus resultados, tablas de rangos de DEP. Estas tablas son de gran utilidad pues ayudan a ubicar dentro de los valores extremos de DEP dónde se encuentra un animal en particular.

3.1.5 Percentiles

Se sabe que la evaluación en DEP de un toro está dentro de un rango, propio de la característica evaluada (**Tabla VIII**). Sin embargo, ese rango es útil como primera aproximación, ya que no nos permite precisar en qué posición se ubica (en términos de porcentaje) el toro seleccionado dentro de toda la población evaluada.

Por tal motivo, en la **Tabla IX**, tomada de un Resumen de Padres a modo de ejemplo, presentamos los percentiles, es decir los porcentajes de toros padres por encima o por debajo de determinados valores de DEP, tanto para las características asociadas a la eficiencia reproductiva, al crecimiento como así también para las carniceras, con el propósito de que los criadores y productores comerciales puedan interpretar de manera más precisa su distribución y ubicación relativa.

En tal sentido, cuando el usuario de un Resumen de Padres busca un toro para usar en vaquillonas, seguramente elegirá el que tenga una DEP negativa para peso al nacer. Pero con la ayuda de esta **Tabla IX**, ahora puede ser más preciso: seleccionar aquel que no sólo sea negativo, sino que se ubique, por ejemplo, dentro del 5% de los más negativos. En este caso, la **Tabla IX** nos indica a partir de qué valor negativo de DEP para peso al nacer se acumula el 5% de los toros más negativos.

Por el contrario, si se desea seleccionar reproductores con DEP positiva para incrementar cierta característica, esta **Tabla IX** brinda la misma utilidad. Pero en este caso hay que ser cautelosos. Por ejemplo, si se quiere aumentar leche, está bien elegir toros con DEP positiva para esta característica, pero hay que tener cuidado de que no sean extremadamente positivas, pues en un futuro se podría ver afectada la eficiencia reproductiva de los vientres. Esto también es válido para otros rasgos, como peso al destete y peso final, pues las DEP extremadamente altas probablemente conduzcan a un aumento de tamaño corporal, con sus correspondientes consecuencias negativas.

Otra ventaja de los percentiles, respecto de los rangos de DEP, es que describen con más exactitud si los reproductores seleccionados son extremos o moderados dentro de cada característica evaluada.

Tabla IX: Percentiles: Porcentajes de toros padres por encima o por debajo de determinados valores de DEP.

	CARACTERÍSTICAS PARA											
	CRECIMIENTO							CALIDAD CARNICERA				
	DEP LG	DEP PN	DEP PD	DEP LECHE	DEP PF	DEP CE	DEP ALT	DEP EGD	DEP EGC	DEP %GI	DEP AOB	DEP %CM
1%	-2,0	-2,0	+19,3	+7,4	+35,7	+2,6	+4,2	-0,9	-1,1	+0,4	+8,3	+1,7
2%	-1,8	-1,7	+16,3	+6,3	+31,4	+2,3	+3,7	-0,8	-1,0	+0,4	+7,0	+1,5
3%	-1,6	-1,4	+14,8	+5,7	+29,2	+2,1	+3,3	-0,7	-0,9	+0,3	+5,9	+1,3
4%	-1,5	-1,2	+14,0	+5,3	+27,7	+2,0	+3,1	-0,6	-0,8	+0,3	+5,2	+1,2
5%	-1,4	-1,1	+13,4	+5,0	+26,6	+1,9	+3,0	-0,6	-0,7	+0,2	+4,4	+1,1
10%	-1,1	-0,7	+11,0	+3,9	+22,9	+1,6	+2,5	-0,4	-0,5	+0,2	+2,8	+0,8
15%	-0,8	-0,5	+9,6	+3,1	+20,2	+1,4	+2,2	-0,3	-0,4	+0,1	+1,8	+0,6
20%	-0,6	-0,3	+8,4	+2,5	+17,9	+1,3	+1,9	-0,2	-0,3	+0,1	+1,4	+0,5
25%	-0,5	-0,2	+7,5	+1,9	+16,3	+1,2	+1,7	-0,1	-0,2	+0,1	+1,0	+0,4
30%	-0,4	-0,1	+6,7	+1,5	+14,9	+1,0	+1,5	-0,1	-0,1	+0,1	+0,7	+0,3
35%	-0,3	0,0	+6,1	+1,1	+13,7	+1,0	+1,4	-0,1	-0,1	+0,1	+0,5	+0,2
40%	-0,2	0,0	+5,5	+0,8	+12,5	+0,9	+1,2	0,0	0,0	0,0	+0,3	+0,1
45%	-0,1	+0,1	+5,0	+0,4	+11,3	+0,8	+1,1	0,0	0,0	0,0	+0,2	0,0
50%	0,0	+0,2	+4,4	0,0	+10,2	+0,7	+0,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
55%	0,0	+0,3	+3,9	0,0	+9,3	+0,6	+0,8	+0,1	+0,1	0,0	-0,1	-0,1
60%	+0,1	+0,4	+3,4	0,0	+8,3	+0,6	+0,6	+0,1	+0,2	0,0	-0,2	-0,2
65%	+0,2	+0,5	+2,9	-0,3	+7,4	+0,5	+0,5	+0,2	+0,2	0,0	-0,4	-0,2
70%	+0,2	+0,6	+2,3	-0,7	+6,3	+0,4	+0,3	+0,2	+0,3	-0,1	-0,5	-0,3
75%	+0,3	+0,7	+1,5	-1,1	+5,1	+0,4	+0,2	+0,3	+0,4	-0,1	-0,8	-0,4
80%	+0,5	+0,8	+0,8	-1,6	+3,5	+0,3	0,0	+0,4	+0,5	-0,1	-1,0	-0,6
85%	+0,6	+0,9	-0,3	-2,2	+1,5	+0,2	-0,1	+0,5	+0,7	-0,1	-1,3	-0,7
90%	+0,9	+1,2	-1,7	-3,0	-0,9	+0,1	-0,3	+0,6	+0,9	-0,1	-1,8	-1,1
95%	+1,3	+1,5	-4,0	-4,4	-4,5	-0,2	-0,7	+0,9	+1,4	-0,2	-2,6	-1,5
100%	+3,9	+4,5	-19,7	-18,7	-52,3	-2,2	-3,5	+3,2	+4,5	-0,5	-10	-4,0

Fuente: Resumen de Padres Angus 2009.

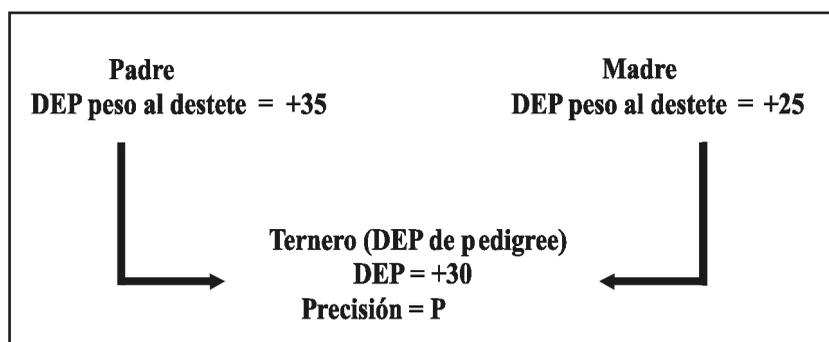
Referencias: LG (largo de gestación), PN (peso al nacer), PD (peso al destete), LECHE (leche), PF (peso final), CE (circunferencia escrotal), ALT (altura), AOB (área de ojo de bife), EGD (espesor de grasa dorsal), EGC (espesor de grasa de cadera), %GI (porcentaje de grasa intramuscular), %CM (porcentaje de cortes minoristas).

3.1.6 DEP de pedigree y DEP interinas

Las DEP son predicciones de los efectos de los genes que llevan los reproductores y que pueden transmitir a sus crías para cada característica de interés económico. Por lo tanto, hasta que el potencial reproductor tenga sus propios datos fenotípicos (pesadas, medidas, ecografías, etc.), o aún mejor, los datos fenotípicos de su propia progenie, es difícil conocer qué genes transmitirá al usarse como padre. Sin esta información, la única forma de estimar preliminarmente el potencial genético de un futuro reproductor es mediante el promedio de las DEP de sus padres. Esto significa que todas las crías nacidas del mismo padre y madre -hermanos completos- tendrán las mismas DEP, hasta que cada una de ellas tenga sus datos propios y/o datos de su propia progenie. Consecuentemente, estas DEP, que son un simple promedio de las DEP de sus padres, son estimaciones a través de su ascendencia, por lo que se las conoce como DEP de pedigree.

En algunas evaluaciones genéticas, las DEP de pedigree son fáciles de identificar, ya que a su precisión, se le asigna generalmente la letra "P" en lugar de un valor numérico, dependiendo de la asociación de criadores que suministre la información (**Figura IV**). Algunas asociaciones de criadores, en cambio, publican valores numéricos de precisión para las DEP de pedigree, los cuales son extremadamente bajos.

Figura IV: Ilustración del cálculo de la DEP de pedigree.

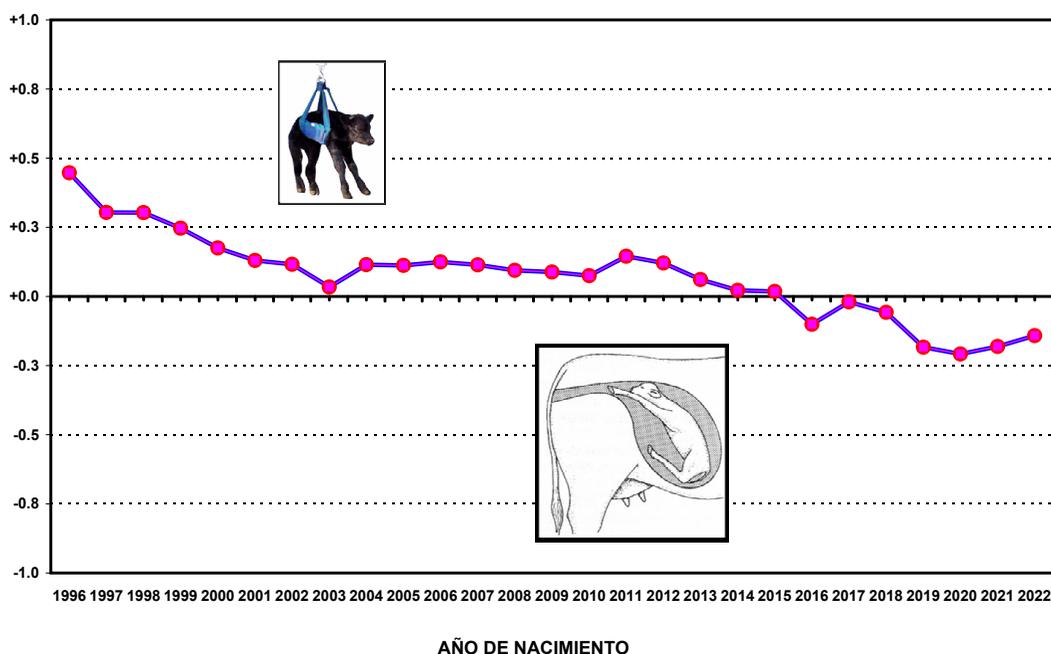


Otro tipo de DEP que puede obtenerse es la DEP interina. Una de las características de esta DEP es que es calculada entre dos Sumarios de Padres. Estas DEP se calculan agregando a la información de genealogía, los datos de la performance propia del animal para la característica evaluada, es decir que se cuenta para su cálculo con los datos propios del animal. En algunos casos, las DEP interinas se distinguen, ya que a su valor de precisión se le añade la letra "I".

3.2 TENDENCIAS GENÉTICAS

La tendencia genética es el cambio que se produce a lo largo del tiempo, en el promedio de las DEP de los animales nacidos en cada año, fundamentalmente debido a la selección entre y dentro de los rodeos. “¿Dónde está la raza y hacia dónde se dirige?” es uno de los temas de mayor discusión entre los criadores. Las tendencias genéticas ayudan a monitorear el progreso genético de la raza a través del tiempo. En las dos figuras que se muestran a continuación, se exponen dos ejemplos extraídos de un programa de evaluación genética. En la **Figura V** se observa la tendencia genética del peso al nacer en la raza Angus, como resultado de la selección para disminuir los problemas al parto en vaquillonas, realizada en los últimos 20 años. Los puntos representan el promedio de las DEP del peso al nacer, por año de nacimiento de los animales.

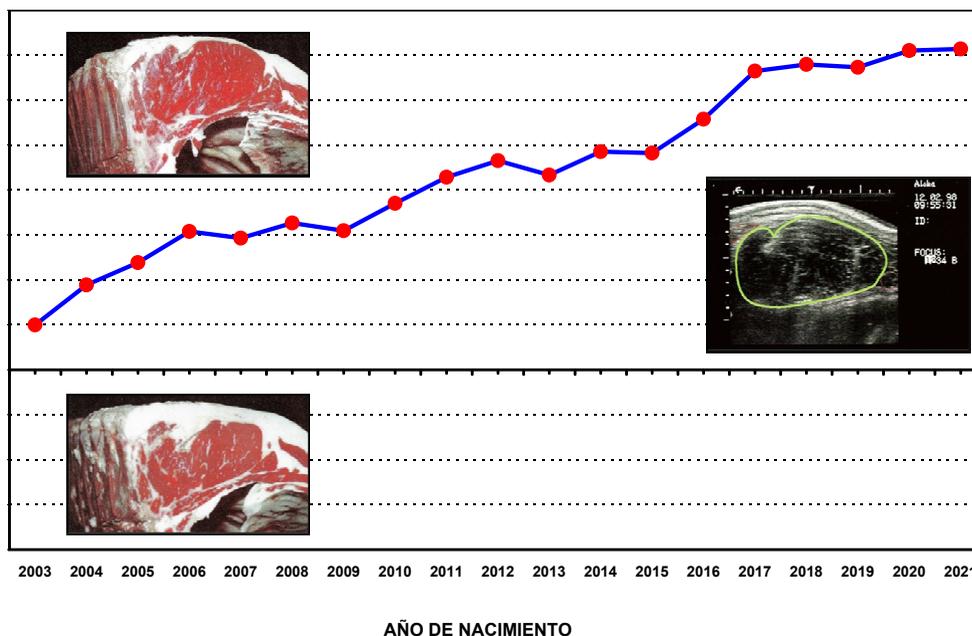
Figura V: Tendencia genética del peso al nacer.



Fuente: Resumen de Padres Angus 2023.

En la **Figura VI** se ilustra la tendencia genética en la raza Angus para el área de ojo de bife (AOB), un indicador de la producción de músculo en la res. Los puntos representan el promedio de las DEP del AOB, por año de nacimiento de los animales. Cuando el AOB aumenta, también lo hace el rendimiento de los cortes de mayor valor.

Figura VI: Tendencia genética del área de ojo de bife.



Fuente: Resumen de Padres Angus 2023.

Se puede concluir que las tendencias genéticas muestran en qué dirección y a qué ritmo cambia el valor genético de la raza a través de los años. Es una forma de confirmar el progreso genético logrado, en cada característica de interés económico. Algunos programas de evaluación genética también entregan a los criadores reportes de tendencias genéticas de su plantel, los cuales pueden resultar particularmente útiles al permitir la comparación del nivel genético de un plantel específico, con el de la raza en general.

3.3 BASE GENÉTICA

La base genética es el punto de referencia (punto cero) utilizado para calcular las DEP de los reproductores para las características evaluadas. Todos los valores de DEP son expresados como desvío con respecto a la base genética establecida. En términos simples, se puede decir que la base genética es el promedio de las DEP de los animales incluidos en la evaluación, nacidos en un momento dado o año específico. La base se establece forzando el promedio de las DEP a un valor "cero" para un grupo de animales. La elección de los animales que conformarán la base es una decisión técnica de las entidades responsables de llevar adelante la evaluación genética.

Actualmente, las bases más difundidas son la fija y la móvil. En nuestro país, la base fija es la utilizada por todas las asociaciones de criadores para sus evaluaciones genéticas. La decisión de qué tipo de base se utilizará ha sido siempre un tema de debate entre los académicos, pero

es importante remarcar que la elección de una u otra modalidad depende exclusivamente de cada asociación.

Las bases fijas permanecen estables a la largo del tiempo. Sin embargo, si se produce un progreso genético de la raza evaluada, la base puede quedar muy por debajo de los valores de DEP del resto de los animales, por lo tanto se puede “modificar” la base fijando otro “cero” que permanecerá estable por un período de tiempo. Esta modificación de la base no influye en la comparación de los animales entre sí, ya que las diferencias relativas entre ellos serán siempre las mismas. Lo que cambia son los valores absolutos de las DEP y, en algunos casos, el signo. Si se toman como ejemplo los toros A y B, cuyas DEP para peso al destete son +10 kg y +3 kg, respectivamente, las diferencias esperadas entre las progenies de ambos será:

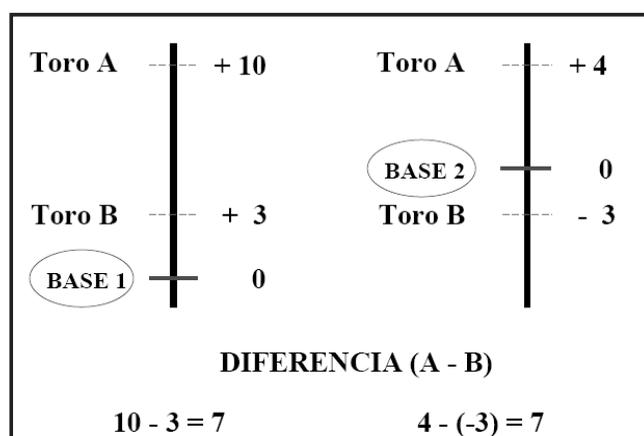
$$(\text{DEP toro A}) - (\text{DEP toro B}) = (10 \text{ kg}) - (3 \text{ kg}) = 7 \text{ kg}$$

De dicho cálculo se puede esperar que, en promedio, bajo iguales condiciones de manejo y sirviendo vacas de similar nivel genético, la progenie del toro A supere en 7 kg a la progenie del toro B, en peso al destete. Ahora bien, luego de modificar la base y de realizar el nuevo cálculo de DEP, en el que el toro A obtiene una DEP para peso al destete de +4 kg y el toro B una DEP de -3 kg para la misma característica, en este caso la diferencia entre ambos será:

$$(\text{DEP toro A}) - (\text{DEP toro B}) = (4 \text{ kg}) - (-3 \text{ kg}) = 7 \text{ kg}$$

Se puede concluir que la superioridad del toro A sobre el toro B es siempre la misma, sin importar el valor absoluto de las DEP, el cual se ha modificado, ya que se ha “bajado” el cero de la escala para el rasgo peso al destete (**Figura VII**).

Figura VII: Efecto producido en las DEP, debido al cambio de base.



Desde el punto de vista práctico, la comparación entre toros es más útil que referirse a la base genética, la cual pierde importancia a la hora de compararlos.

El uso de uno u otro tipo de base (fija o móvil) no afecta las diferencias relativas entre las DEP, sino que sólo afecta los valores absolutos y, en algunos casos, el signo de los valores de las DEP publicados (ver Apéndice B).

3.4 GRUPOS CONTEMPORÁNEOS

Toda evaluación objetiva significa *medir, pesar, ecografiar y estudiar el ADN*. Sin embargo, tales mediciones, pesadas y ecografías carecen de validez si las mismas no son hechas, para cada característica, dentro de un rango de edad específico y acompañadas de los correspondientes códigos de manejo en las distintas etapas de crecimiento. La excepción son los estudios de ADN, que pueden realizarse en cualquier edad del animal.

Como ya mencionamos, cualquier medida, pesada o ecografía de un animal son datos fenotípicos (F), es decir que el valor o resultado obtenido involucra una componente genética propia del animal, y otra componente ambiental, a la que fue expuesto dicho animal. Es decir, $F = \text{genética} + \text{ambiente}$. La única forma de “eliminar” gran parte de esos efectos ambientales que llevan todos los datos (F) de su control de producción, es codificar por reconocidos efectos ambientales que afectan -positiva o negativamente- al animal medido, pesado o ecografiado. De esta forma podemos ilustrar, de una manera simplificada:

$F = \text{genética} + \text{ambiente (codificable y no codificable)}$

$F = \text{genética} + \text{ambiente (codificable)} + A (\text{efectos ambientales no codificables})$

$F = \text{genética} + \text{grupo contemporáneo} + A (\text{efectos ambientales no codificables})$

En este sentido, definimos como grupo contemporáneo al conjunto de animales que tuvieron las mismas oportunidades para desempeñarse. De este modo, cada dato o registro de un reproductor es comparado, en primera instancia, con el promedio del grupo contemporáneo al que pertenece. Esto nos permite estimar los efectos de los grupos contemporáneos y eliminar de nuestros datos (medidas, pesadas o ecografías), los efectos ambientales que podemos identificar y codificar. La estimación de los efectos del grupo contemporáneo se realiza “simultáneamente” con la predicción de los efectos genéticos (DEP) correspondientes a los toros padres, vientres, toritos, vaquillonas, terneros y terneras, mediante el denominado Modelo Animal. De esas mismas ecuaciones calculamos el error de predicción, que luego es transformado en la precisión.

Por ejemplo, para peso al nacer, un grupo contemporáneo está conformado por todas las crías de igual sexo, nacidas el mismo mes, año, categoría (PP, PC, PR, etc), tipo de servicio (SN/IA o TE), raza o cruce de la receptora (si la hubiera) y cuya madre (o receptora), haya sido manejada igual en el último tercio de gestación. Es decir, que para el cálculo de sus respectivos DEP, reciben los mismos ajustes por efectos ambientales. El peso al nacer y los pesos al destete son preajustados por la edad de la madre (o receptora) antes de formar los grupos contemporáneos. Para el caso de peso al destete, peso a los 18 meses, circunferencia escrotal y altura, se arman de manera similar, pero con el agregado de un código de manejo específico para cada una de esas etapas de crecimiento, acompañado de su correspondiente mes y año de medición. *Una pesada, una ecografía o una medida de circunferencia o altura, sin los códigos de manejo respectivos, carecen de valor desde el punto de vista de una evaluación genética objetiva.*

La correcta identificación de las crías, en los aspectos de nutrición y manejo, requiere especial atención por parte de los criadores, con el propósito de poder conformar los grupos contemporáneos a través de la codificación y posterior eliminación de los efectos ambientales conocidos. Esto permite predecir las diferencias genéticas reales entre reproductores, enmascaradas por dichos efectos ambientales codificables. En consecuencia, a través de los programas oficiales de evaluación genética de las diferentes razas se obtendrán DEP de mayor confiabilidad. El criador sólo debe suministrar la información, mientras que la unidad ejecutora de cada asociación, armará los grupos contemporáneos de su plantel.

En pocas palabras, los grupos contemporáneos son la “piedra fundamental” o “llave” de la evaluación genética objetiva. Ellos son el único camino para determinar y eliminar los efectos ambientales codificables (identificables), quedándonos con las diferencias entre los animales atribuibles exclusivamente a la genética, la que es cuantificada en base a DEP. Como la estimación de los efectos de los grupos contemporáneos es simultánea con la predicción de las DEP, la mala declaración de los factores que integran un grupo contemporáneo afectará la predicción de dichas DEP.

Cuatro pasos sugeridos para el armado de los grupos contemporáneos:

- 1.** Cada grupo contemporáneo debe estar conformado preferentemente por no menos de 5 animales. Cuanto mayor sea la cantidad, más precisa será la evaluación genética. Un sólo animal no genera un grupo contemporáneo. Si son sólo dos, los mismos deben ser de diferentes padres y madres, pero recuerde que lo deseable es 5 animales como mínimo.
- 2.** Una sola diferencia entre animales, ya sea de categoría (PP o PC o PR, etc.), tipo de servicio (SN/IA versus TE), sexo, mes, año de nacimiento, raza o cruce de la receptora (edad de la misma) y manejo, por ejemplo, requiere conformar distintos grupos contemporáneos. Si el criador no brinda la información requerida para la conformación de los grupos contemporáneos, los animales serán eliminados de la evaluación genética, por lo que no obtendrán DEP.

-
3. Después de armados los grupos contemporáneos de destete, *los mismos no pueden crecer en cantidad de animales*. Sí, en cambio, pueden permanecer igual o disminuir en la medida que el criador aparte los animales que manejará diferente, posterior al destete (para una exposición o por problemas operativos, por ejemplo), preferentemente sin caer del mínimo requerido (5 animales). Esto también vale para el posdestete.
 4. Los animales que conforman diferentes grupos contemporáneos de destete *no pueden ser recombinados o juntarse posteriormente*. Es decir, si hasta el destete el criador tuvo dos grupos que se diferenciaban en nutrición, manejo o en algún otro efecto ambiental codificable (mes, por ejemplo), continuarán separados, aunque reciban igual manejo posdestete. Es decir, el criador, después del destete podrá o no manejarlos igual, pero si pertenecieron a diferentes grupos contemporáneos de destete nunca más se volverán a juntar en un grupo contemporáneo posdestete de peso final, por ejemplo.

Como mencionamos al principio, para poder conformar los grupos contemporáneos con la mayor precisión posible, brindamos a continuación una serie de aclaraciones y recomendaciones para obtener una correcta evaluación genética de sus reproductores. Para la carga y envío del control de producción al programa de su asociación, el criador debe recordar completar, indefectiblemente, los siguientes campos que hacen al armado de los grupos contemporáneos:

Planilla de nacimientos y destetes

- De la cría: RP, sexo, fecha de nacimiento, categoría (PP o PC o PR, etc.), código de manejo nutricional de la madre en el último tercio de gestación, fecha de destete y código de manejo de la cría. Asignar el mismo código (número) a las crías que recibieron igual manejo nutricional desde el nacimiento hasta el destete.
- De la madre: Fecha de nacimiento y tipo de servicio recibido (SN/IA o TE). En el caso de que la cría provenga de una transferencia embrionaria, se deberá registrar también la identificación del vientre receptor, su fecha de nacimiento y su raza o cruce. Se recomienda que los vientres receptores sean de la misma raza que usted trabaja y que pertenezcan a la base de datos de su asociación. Todos estos factores afectan tanto el desarrollo del feto durante la gestación, como el crecimiento del ternero hasta el destete.

Planilla de pesadas posdestete

- De la cría: RP, fecha de pesada final y manejo. Asignar el mismo código a los animales que recibieron igual manejo nutricional desde el destete hasta la pesada final.

Planilla de características carniceras

- De la cría: RP, establecimiento donde fue terminada, peso vivo a la fecha de medición ecográfica (ó +/- 7 días) y código de manejo. Las ecografías sin pesada al momento de la medición (ó +/- 7 días) carecen de valor y no serán interpretadas, pues no pueden ser ajustadas, por lo que dichos potenciales reproductores no recibirán DEP. Asignar el mismo código a los animales que recibieron igual manejo nutricional desde el destete hasta la medición ecográfica.
- Cuando nos referimos a la asignación de un código numérico en las distintas etapas de crecimiento de los animales, los ejemplos pueden ser: (1) A campo natural; (2) En pradera; (3) A campo con suplementación; (4) En confinamiento, etc. El criador puede usar sus propios números que identifiquen diferentes manejos, pero una vez que los prefijó, es fundamental que mantenga la norma.

Cada unidad ejecutora puede tener diferentes criterios sobre el armado de los grupos contemporáneos de la evaluación genética de su raza. Por tal motivo, para conocer los criterios que utiliza su asociación de criadores, por favor contáctese con ella.

3.5

SESGO POR INFORMACIÓN INCOMPLETA

Existe una tendencia, por parte de los criadores, a no incluir los datos de aquellos animales cuya información de performance no es buena, siendo estos individuos generalmente parte del lote de “animales rechazo”. Sin embargo, cuando se reportan sólo los mejores datos, el valor resultante de las DEP, lleva aparejado desvíos importantes. Este punto es de vital importancia en una evaluación genética, ya que al no involucrar todos los animales del rodeo, se está produciendo un “sesgo” en la información por estar incompleta.

Asimismo, los animales que quedan fuera de la evaluación pueden ser genéticamente superiores, pero simplemente no tuvieron la misma oportunidad que el resto de sus contemporáneos para expresar su potencial genético. Por ejemplo: dos toros poseen crías dentro de un mismo grupo de contemporáneos, y uno de ellos produce terneros que, en promedio, resultan superiores a los del otro padre. Los datos correspondientes a las crías del toro superior son informados en su totalidad, mientras que sólo los mejores datos del toro inferior son remitidos para su análisis. Como consecuencia, el toro inferior aparenta ser mejor de lo que realmente es. Se puede concluir entonces, que el envío de información incompleta no sólo afecta las tendencias genéticas y las diferencias relativas, sino la calidad de los resultados finales de la evaluación genética.

En la **Tabla X** se observa el impacto del sesgo por información incompleta del peso al destete de seis animales incluidos en una evaluación genética.

Tabla X: Impacto del sesgo por información incompleta.

Animal ejemplo	Peso al destete	Diferencia	DEP Verdadera	Dato informado	Peso al destete	Diferencia	DEP calculada
RP 11	225	37 = 225-188	5,5	Sí	225	19,25 = 225-205,75	3,0
RP 23	204	16	2,4	Sí	204	-1,75	-0,1
RP 18	201	13	1,9	Sí	201	-4,75	-0,6
RP 37	193	5	0,8	Sí	193	-12,75	1,8
RP 51	165	-16	-2,4	No	-	-	-
RP 21	140	-48	-7,2	No	-	-	-
Promedio	188				205,75		

En este ejemplo se cuenta con los datos de un grupo contemporáneo (GC) de seis animales, de los cuales sólo se informaron los cuatro más pesados al destete. Se puede observar la manera en que se perjudican los animales evaluados, al comparar las DEP verdaderas con las calculadas - aquellas en que se omitieron los dos animales más livianos al destete (RP21 y RP 51)-; dado que las DEP son calculadas como diferencias respecto del promedio de los contemporáneos. La tercera columna de la **Tabla X** muestra el desvío sobre el verdadero promedio. A partir de esta diferencia se calculan las DEP (columnas cuarta y sexta). Como sólo los primeros cuatro animales son informados, el promedio del grupo es ahora 205,75 kg. Nótese cómo decrecen todas las DEP calculadas de los animales evaluados en relación con aquellas DEP verdaderas.

3.6 AJUSTE DE LAS DEP POR HETEROSIS EN RAZAS COMPUESTAS

Al cruzar animales de diferentes razas se obtienen terneros que pueden presentar, para un carácter dado, heterosis o vigor híbrido, que es la diferencia entre la producción de los individuos cruza (F1) y el promedio de los padres puros, referido al promedio de estos últimos. A modo de ejemplo, para dos razas A y B, la heterosis (H), expresada en porcentaje, es igual a:

$$H (\%) = \frac{\frac{1}{2}(A \times B + B \times A) - \frac{1}{2}(A \times A + B \times B)}{\frac{1}{2}(A \times B + B \times A)} \times 100$$

Los valores A x A y B x B son los valores promedio del carácter en los animales puros, mientras que los valores A x B y B x A constituyen las cruzas recíprocas F1. Es necesario considerar dichas cruzas, con el objeto de tener en cuenta las diferencias entre razas, de efectos maternos u otros.

La heterosis se produce cuando los genes de dos razas distintas se combinan para formar el genotipo de un animal. Al cruzar A y B, podemos obtener cuatro combinaciones de genes: A x A, B x B, A x B y B x A. La hacienda enteramente A, sólo posee la primera combinación, y en

los animales B se obtiene sólo la segunda combinación. La tercera ($A \times B$) es la única que se genera en las primeras cruza entre toros A con vacas B, ocurriendo lo mismo con la última ($B \times A$), pero en el cruzamiento opuesto: toros B con vacas A. En las restantes variedades, como la retrocruza $\frac{3}{4}$, $\frac{3}{8}$ ó $\frac{5}{8}$, ocurren en distinta proporción cualquiera de las cuatro combinaciones anteriores. La heterosis aumenta cuando el porcentaje de las combinaciones de un gen de cada raza ($A \times B$) y ($B \times A$) es mayor. Se llama heterocigosis a la fracción del genotipo de un toro, vaca o ternero con estas dos últimas combinaciones. En otras palabras: dada una variedad o cruza en particular, la heterocigosis es el porcentaje del genotipo que tiene un gen proveniente de la raza A y uno originado en la raza B, en vez de ser ambos A o B. Cada variedad tiene su propia heterocigosis.

En la evaluación genética de razas compuestas, tales como Brangus y Braford, las DEP deben ser ajustadas por la unidad ejecutora -por la heterosis en las diferentes variedades-, para evitar confundir este efecto, que no es transmisible, con el valor de cría que sí lo es. El ajuste se realiza como el producto de la heterocigosis calculada para cada variedad y el efecto de la heterosis, el cual se estima durante la evaluación, simultáneamente con las DEP, del mismo modo que se estiman los efectos de los grupos contemporáneos.

3.7 TOROS DE REFERENCIA

La evaluación genética mediante la utilización del Modelo Animal es esencialmente un procedimiento para comparar reproductores entre y dentro de rodeos. En el primer caso se comparan reproductores en distintos ambientes con condiciones de producción diferentes (manejo, nutrición y sanidad), como por ejemplo, ambientes templados contra semiáridos. Algunas de estas comparaciones son muy precisas, mientras que otras son tan imprecisas que carecen de sentido. Los denominados toros de referencia son reproductores con un número relativamente elevado de crías distribuidas en distintos rodeos. La utilización de estos reproductores permite calcular y comparar con precisión las DEP de animales de diferentes rodeos, dadas las conexiones genéticas que se forman entre grupos de contemporáneos de distintos establecimientos. En la **Tabla XI** se observa cómo un toro de referencia (TR) permite la comparación entre dos toros (A y B) con progenies en distintos establecimientos.

Tabla XI: Ejemplo de toro de referencia (TR).

	ESTABLECIMIENTO	
TORO	1	2
A	-	X
B	X	-
TR	X	X

$$(B-TR) - (A-TR) = A-B$$

Debido a la masiva utilización de la inseminación artificial se ha logrado realizar una cantidad considerable de “conexiones genéticas” en la mayoría de las razas. Muchas asociaciones de criadores actualmente utilizan un sistema integrado de pedigree y performance que mejora, en gran medida, el trazado de estas conexiones, permitiendo que los animales de todos los rodeos que registran información de performance puedan ser comparados dentro de una raza.

La **Tabla XII** es similar a la anterior, con el agregado de un nuevo rodeo (establecimiento 3) que se encuentra “desconectado”.

Tabla XII: Ejemplo de establecimiento “desconectado”

TORO	ESTABLECIMIENTO		
	1	2	3
A	-	X	-
B	X	-	-
TR	X	X	-
C	-	-	X

En este ejemplo, se puede observar que la comparación entre los toros A (o B) y C en la estructura de datos representada es imprecisa porque no existe un camino vertical u horizontal entre A (o B) y C que los una. Básicamente, ocurre que bajo desconexión no podemos saber si el toro C es bueno o malo por su alto o bajo valor de cría verdadero, o porque está en un establecimiento bien o mal manejado. La principal consecuencia de la desconexión es que las DEP calculadas en establecimientos desconectados no son comparables con las del resto de la población evaluada: siguen siendo útiles para seleccionar animales en el mismo rodeo, pero no se pueden comparar con las DEP de otros establecimientos conectados entre sí.

Para conocer en qué medida un establecimiento se encuentra “conectado” (o “desconectado”) del resto de rodeos de la evaluación, se pueden utilizar distintos indicadores. Uno de ellos, es el denominado índice de conectividad: a mayor valor del índice, mayor conexión. Como valores de referencia se puede decir que un establecimiento está desconectado cuando el valor del índice es inferior a 8 (entre 6,0 y 7,99), mientras que cuando el índice está por debajo de 5,99, se dice que un establecimiento está muy desconectado. Para aumentar el índice de conectividad de un rodeo, deben utilizarse toros de referencia. A tal efecto, en ciertos Resúmenes de Padres se agrega el número de establecimientos donde cada toro produce al menos un hijo. Un animal puede considerarse como toro de referencia si posee progenie en al menos cierto número de rodeos (por ejemplo 5), el cual es fijado por cada asociación de criadores en particular.



Para obtener el listado de toros que pueden ser utilizados para establecer conexiones genéticas con el resto de la población evaluada, por favor comuníquese con la asociación de criadores correspondiente.

3.8

PREDICCIÓN DE LOS VALORES DE CRÍA DE ANIMALES NACIDOS POR TRASPLANTE EMBRIONARIO EN LOS MODELOS DE EVALUACIÓN GENÉTICA EMPLEANDO METODOLOGÍA DE “ERROR DE MEDICIÓN”.

M. J. Suárez / S. Munilla / R. J. C. Cantet

La aplicación masiva de tecnologías reproductivas como la ovulación múltiple seguida de transferencia embrionaria (TE) o, más recientemente, la fertilización *in vitro* (FIV) plantean un desafío no despreciable para la evaluación genética en bovinos de carne, porque los animales nacidos con estas tecnologías suelen ser animales costosos y potencialmente poseen valores de cría importantes para el progreso genético de la raza. Mientras que para los terneros nacidos por servicio natural o inseminación artificiales la madre biológica es la que aporta los efectos genéticos directos y maternos, en los planteos donde se emplea TE o FIV el ambiente materno es provisto por la vaca receptora.

El primer modelo de evaluación genética sugerido para analizar datos de terneros nacidos por TE o FIV contempla los “tres padres”: ambos padres biológicos del animal y el de la vaca receptora (Van Vleck, 1990). Para ello, el sistema de registros requiere que se tenga identificada la raza y la edad de la receptora, además de la madre y el padre del individuo (Schaeffer y Kennedy, 1989). Sin embargo, en términos comerciales este modelo de “tres padres” es muy restrictivo. Ocurre que en las condiciones productivas del bovino de carne, las vacas receptoras suelen ser hembras comerciales de la misma raza, o vacas cruce comerciales, pero difícilmente sean hembras de pedigrí registrado que participen de la evaluación genética. Una vaca de pedigree puede costar entre 5.000 y 10.000 dólares y existen muy pocas en relación a la cantidad de embriones producidos. En cambio, al menos en países sudamericanos, una hembra comercial cuesta entre 300 y 800 dólares, digamos, y su número es mucho mayor que el de las vacas de pedigrí, lo que facilita su disponibilidad al momento de transferir los embriones. En consecuencia, la mayoría de las hembras receptoras son vacas comerciales sin pedigrí conocido.

Por esta razón, el grupo de Mejoramiento Genético Animal de la Facultad de Agronomía de la UBA (actualmente también INPA-CONICET) desarrolló un procedimiento que permite evaluar terneros nacidos por TE o FIV a partir de receptoras con padres desconocidos (Suárez et al., 2015). Esta metodología se viene utilizando en los programas de evaluación genética de las razas Brangus (ERBra) y Braford (PEGBraf) desde 2012 y ha permitido que un porcentaje importante de los terneros con registros de peso al nacer y al destete evaluados en el ERBra (10%) y en el PEGBraf (9%) provengan de animales nacidos por transferencia embrionaria con

madres receptoras no identificadas. A partir de 2021, el método fue incluido también en los procedimientos sugeridos en el manual (“guidelines”) de la Federación de Mejoramiento de Bovinos de Carne de los EE.UU. (BIF, 2023). Asimismo, recientemente se lo ha considerado también para la evaluación genética de bovinos de leche (Miles, Hutchison y VanRaden, 2023).

El supuesto para la utilización de nuestro método es que *no exista una correlación entre el valor de cría de la receptora para los efectos maternos y el valor de cría del ternero para su potencial de crecimiento predestete*. En otras palabras, que no se elija la vaca receptora a utilizar para cierto embrión en particular. Esto es fácil de conseguir a campo si *las receptoras son asignadas al azar*, sobre la base de las hembras en celo disponibles dentro del lote de vacas comerciales que se destinarán como posibles receptoras.

El método se implementa en dos pasos. En primer lugar, se debe asignar a la vaca receptora a una nueva categoría (o nivel) del efecto fijo asociado a la edad de la madre en los modelos para peso al nacer y al destete: “edad desconocida”. En dicha categoría se agrupan además los datos de terneros cuyas madres biológicas son quienes los han criado pero se desconoce su edades. Luego, los datos de esta categoría son tratados estadísticamente como un “error de medición” (Fuller, 1987), de modo de atenuar el sesgo que produce una medición incorrecta de la edad de la madre sobre el fenotipo.

En segundo lugar, se asigna el valor de cría y el efecto ambiental materno permanente de la vaca receptora al *error* de la ecuación del modelo para los datos de peso al nacer y al destete del ternero. Esto aumenta la magnitud del error para ese dato, lo que resulta en una disminución del valor absoluto de la DEP, efecto que se conoce en inglés como “shrinkage” (que significa “encogimiento”) de la DEP. Este procedimiento evita descartar el registro fenotípico del ternero por la ausencia de una vaca a la que se le puedan asignar los efectos maternos.

Referencias

- BIF, 2023. Guidelines for Uniform Beef Improvement Programs. Página web online: [https://guidelines.beefimprovement.org/index.php/Embryo_Transfer_\(ET\):_Data_Collection_And_Utilization](https://guidelines.beefimprovement.org/index.php/Embryo_Transfer_(ET):_Data_Collection_And_Utilization).
- Fuller, W. A. 1987. *Measurement error models*. John Wiley & Sons, New York.
- Miles, A., J. L. Hutchison, P. M. VanRaden. 2023. Improving national fertility evaluations by accounting for the rapid rise of embryo transfer in US dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 106:4836-4846.
- Schaeffer, L. R., and B. W. Kennedy. 1989. Effects of embryo transfer in beef cattle on genetic evaluation methodology. *J. Anim. Sci.* 67:2536–2543.

Suárez, M.J., S. Munilla, R.J. C. Cantet. 2015. Accounting for unknown foster dams in the genetic evaluation of embryo transfer progeny. *J. Anim. Breed. Genet.* 132:21–29.

Van Vleck, L. D. 1990. Alternative animal model with maternal effects and foster dams. *J. Anim. Sci.* 68:4026–4038.

CAPÍTULO

IV

USO DE LAS DEP COMO HERRAMIENTA DE SELECCIÓN

En general, el problema genético que enfrenta el criador o productor comercial es: seleccionar toros que al ser apareados con sus vientres produzcan progenies superiores a aquellas corrientemente producidas. La definición de superior constituye la dirección de su programa genético. La selección, es decir la elección de padres, es la principal herramienta que poseen los criadores y productores comerciales para conseguir mejoras dentro de sus rodeos. Consecuentemente, la evaluación objetiva de los reproductores y la posterior selección de los mismos, es uno de los pilares básicos para lograr los objetivos de cualquier programa genético.

A tal fin, la mayoría de las asociaciones de criadores realizan su propia evaluación genética a nivel nacional o internacional. Estas evaluaciones predicen el mérito genético de los reproductores para características de importancia económica relacionadas a la eficiencia reproductiva, a la precocidad de crecimiento, a la de calidad de la carne y al rendimiento de la res en base a DEP, mostrando a su vez las tendencias de las mismas a través de los años.

Las DEP predicen, para cada una de las características consideradas (peso al nacer, circunferencia escrotal, área de ojo de bife, etc.), cómo será el comportamiento (performance) promedio de las futuras crías de un reproductor (toro o vientre), en comparación con las que producirán el resto de los reproductores incluidos en una misma evaluación. Las DEP se expresan en la unidad en que se mide cada característica (ejemplo: peso al nacer en kg, circunferencia escrotal en cm, grasa en mm, etc.). Podemos decir entonces que las DEP son la mejor herramienta de selección que dispone el productor para modificar las características productivas de su rodeo en la dirección deseada.

EL REPRODUCTOR ADECUADO

Es muy importante remarcar que seleccionar correctamente no significa elegir los toros, toritos, vaquillonas y vientres con mayores DEP, sino aquellos reproductores cuyo tamaño corporal (frame score) se ajuste mejor al sistema de producción donde se está trabajando. Es decir, la idea es sincronizar *tamaño-sistema*. Por eso hablamos de *reproductor adecuado*. De ello se desprende que es necesario sincronizar, no solo *tamaño-sistema*, sino también *tamaño-sistema-mercado* en su conjunto, por lo que los establecimientos dedicados al mejoramiento animal (hembras y machos) deben poseer diversidad de biotipos, si su meta es satisfacer las necesidades más variadas.

En este sentido, gracias al trabajo que vienen desarrollando los criadores, conjuntamente con las asociaciones de criadores, la Sociedad Rural Argentina y las diferentes unidades académicas, es posible seleccionar reproductores correctamente evaluados. Las distintas razas poseen en sus rodeos una reconocida *variabilidad genética* que hoy en día puede ser expresada en una amplia gama de DEP para cada característica de interés económico, a los fines de que todo interesado encuentre el reproductor adecuado para su establecimiento.

A continuación expondremos una serie de preguntas planteadas con frecuencia entre criadores y productores comerciales. Las respuestas ofrecidas intentan contribuir a una mejor interpretación de los resultados de los programas oficiales de evaluación genética.

¿Cuál es el uso correcto de las DEP como herramienta de selección?

En la actualidad, las DEP constituyen la mejor herramienta de selección que cuenta el criador y productor comercial para modificar las características productivas de su plantel en la dirección deseada, pero los progresos se concretarán en la medida que se haga uso correcto de las mismas.

Podemos resumir en cinco los pasos que deberían seguir los criadores y productores comerciales a fin de utilizar correctamente las DEP:

1. Participar y disponer de los resultados de la evaluación genética oficial de la raza.
2. Determinar los objetivos de selección para su rodeo.
3. Analizar los valores extremos y la distribución de las DEP para las características deseadas.
4. Determinar los valores aceptables de DEP para su sistema de producción.
5. Prepararse para hacer concesiones.

1. Participar y disponer de los resultados de la evaluación genética oficial de la raza:

En la actualidad, las asociaciones de criadores desarrollan sus programas oficiales de evaluación genética de reproductores. A través de dichos programas, estas instituciones publican, en forma anual o bianual, la evaluación genética de las principales características de interés económico en base a DEP, de cada animal activo, es decir que ha tenido progenie en un período de tiempo más o menos reciente. Dichas publicaciones se denominan Sumario de Padres o Resumen de Padres, según la asociación de criadores.

2. Determinar los objetivos de selección para su rodeo:

Determinar el objetivo de selección es la forma más eficiente de utilizar la evaluación genética, con el objeto de maximizar la rentabilidad de la empresa ganadera. Para ello, el criador deberá analizar su orden de prioridades: reproducción, crecimiento, aptitud lechera, calidad carnicera, dependiendo de su sistema de producción específico y de las necesidades del mercado al que apunta. Al definir los objetivos de selección es necesario balancear las fortalezas y debilidades de los animales disponibles para ser seleccionados, de manera de encontrar toros con el conjunto de valores apropiados para su sistema de producción. El toro elegido será aquel que produzca el máximo beneficio económico. Por lo tanto, la selección de toros no es solamente un problema genético, sino que conlleva aspectos económicos y requiere determinar la importancia económica relativa del conjunto de caracteres evaluados ya que son varias las características que determinan los costos y los ingresos.

3. Analizar los valores extremos y la distribución de las DEP para las características deseadas:

Los valores de DEP informados para cada característica, ya sea peso al nacer, al destete, etc., en una evaluación genética, oscilan entre dos valores extremos o rangos (DEP máxima y DEP mínima), presentando una distribución propia de cada rasgo y de cada raza en particular. Tanto los rangos como la distribución de las DEP pueden variar entre una Sumario o Resumen de Padres y el siguiente.

A modo de ejemplo, en la **Tabla XVI** se muestran los rangos de DEP para las distintas características consideradas en una evaluación genética a nivel nacional, con sus correspondientes unidades. Los rangos expuestos en esta tabla son de utilidad, pues ayudan a interpretar la selección de un determinado reproductor en base a DEP y a ver dentro de estos valores extremos dónde él está ubicado. Esto le permitirá predecir si usted se moverá en la dirección deseada de acuerdo a sus objetivos de selección. Recuerde que es usted quien fija las metas de selección. *El Sumario o Resumen de Padres es sólo una herramienta objetiva para llegar a ellas, pero no fija direcciones en uno u otro sentido.*

TABLA XVI: Rangos de DEP para diversas características de interés económico.

Característica	Cantidad de Toros	Cantidad de Registros	Rangos de DEP	Unidad
Largo de gestación	2.613	50.4863	- 3.3 a + 3.9	días
Peso al nacer	4.407	271.722	- 5.1 a + 4.5	kg
Peso al destete	4.268	274.578	- 19.7 a + 31.2	kg
Leche	4.268	91.570	- 18.7 a + 16.6	kg
Peso final	3.425	155.091	- 52.3 a + 51.1	kg
Circunferencia escrotal	3.044	65.524	- 2.2 a + 4.1	cm
Altura	2.996	75.873	- 3.5 a + 7.3	cm
Espesor de grasa dorsal	1.671	31.822	- 1.2 a + 3.2	mm
Espesor de grasa de cadera	1.649	30.274	- 2.4 a + 4.5	mm
Área de ojo de bife	1.724	31.130	- 10.0 a + 10.0	cm ²
Porcentaje de grasa intramuscular	1.689	28.315	- 0.4 a + 0.8	%
Porcentaje de cortes minoristas	1.655	26.934	- 3.5 a + 2.6	%

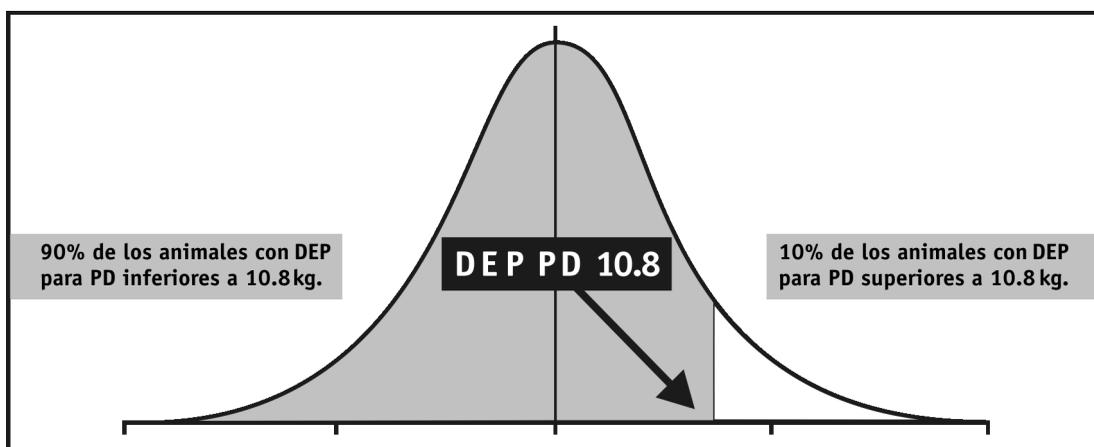
Fuente: Resumen de Padres Angus 2009.

Se sabe que la evaluación de DEP de un toro está dentro de un rango, propio de la característica evaluada. Sin embargo, ese rango es útil como una primera aproximación, ya que no nos permite precisar en qué posición se ubica, en términos de porcentajes, el toro seleccionado dentro de toda la población evaluada. Sin embargo, la **Tabla XVII**, que se incluye en los Sumarios o Resúmenes de Padres, muestra los porcentajes de toros padres por encima y por debajo de determinados valores de DEP para las distintas características productivas y carniceras –también conocidos como percentiles–, con el propósito que los criadores y productores comerciales puedan interpretar de manera más precisa su distribución y ubicación relativa. En tal sentido, cuando el usuario del Sumario o Resumen de Padres busca un toro para usar en vaquillonas, seguramente elegirá el que tenga DEP negativo para peso al nacer. Pero con la ayuda de esta **Tabla XVII**, el criador puede ser más preciso: seleccionar aquel que no sólo sea negativo, sino que se ubique, por ejemplo, dentro del 5% de los más negativos. En este caso, la **Tabla XVII** nos indica a partir de qué valor negativo de DEP para peso al nacer se acumula el 5% de los toros más negativos. Por el contrario, si se desea seleccionar reproductores con DEP positivo para incrementar cierta característica, esta tabla brinda la misma utilidad. Pero en este caso hay que ser cauteloso. Por ejemplo, si se quiere aumentar leche, está bien elegir toros con DEP positivo para esta característica, pero hay que tener cuidado que no sean extremadamente positivos, pues en un futuro se podría ver afectada la eficiencia reproductiva de los vientres. Esto también es válido para otros rangos, como peso al destete y peso final, pues los DEP extremadamente altos probablemente conduzcan a un aumento de tamaño corporal con sus correspondientes consecuencias negativas.

Otra ventaja de los percentiles, respecto de los rangos de DEP, es que describe con más exactitud si los reproductores seleccionados son extremos o moderados dentro de cada característica evaluada.

A los fines de seguir ejemplificando, la **Figura XXIV** ilustra la distribución de las DEP de peso al destete. En este caso, se observa que un toro con una DEP de 10,8 kg para este carácter se encuentra localizado en el 10% superior de todos los reproductores evaluados.

Figura XXIV: Distribución de las DEP para peso al destete (de la **Tabla XVII**), mostrando una DEP de 10,8 kg ubicada en el 10% superior.



La **Figura XXIV** indica que un animal, con una DEP de 10,8 kg, se ubica en el 10% superior del total de la población. Por lo tanto, en una población evaluada de 100.000 animales, sólo 10.000 tendrán DEP para peso al destete superiores o iguales a 10,8 kg, en tanto que el 90% restante tendrá valores inferiores de DEP para esta característica.

Tabla XVII: Tabla de Percentiles.

	CARACTERÍSTICAS PARA:											
	CRECIMIENTO CARNICERA							CALIDAD				
	DEP LG	DEP PN	DEP PD	DEP LECHE	DEP PF	DEP CE	DEP ALT	DEP EGD	DEP EGC	DEP %GI	DEP AOB	DEP %CM
1%	-2,0	-2,0	+19,3	+7,4	+35,7	+2,6	+4,2	-0,9	-1,1	+0,4	+8,3	+1,7
2%	-1,8	-1,7	+16,3	+6,3	+31,4	+2,3	+3,7	-0,8	-1,0	+0,4	+7,0	+1,5
3%	-1,6	-1,4	+14,8	+5,7	+29,2	+2,1	+3,3	-0,7	-0,9	+0,3	+5,9	+1,3
4%	-1,5	-1,2	+14,0	+5,3	+27,7	+2,0	+3,1	-0,6	-0,8	+0,3	+5,2	+1,2
5%	-1,4	-1,1	+13,4	+5,0	+26,6	+1,9	+3,0	-0,6	-0,7	+0,2	+4,4	+1,1
10%	-1,1	-0,7	+11,0	+3,9	+22,9	+1,6	+2,5	-0,4	-0,5	+0,2	+2,8	+0,8
15%	-0,8	-0,5	+9,6	+3,1	+20,2	+1,4	+2,2	-0,3	-0,4	+0,1	+1,8	+0,6
20%	-0,6	-0,3	+8,4	+2,5	+17,9	+1,3	+1,9	-0,2	-0,3	+0,1	+1,4	+0,5
25%	-0,5	-0,2	+7,5	+1,9	+16,3	+1,2	+1,7	-0,1	-0,2	+0,1	+1,0	+0,4
30%	-0,4	-0,1	+6,7	+1,5	+14,9	+1,0	+1,5	-0,1	-0,1	+0,1	+0,7	+0,3
35%	-0,3	0,0	+6,1	+1,1	+13,7	+1,0	+1,4	-0,1	-0,1	+0,1	+0,5	+0,2
40%	-0,2	0,0	+5,5	+0,8	+12,5	+0,9	+1,2	0,0	0,0	0,0	+0,3	+0,1
45%	-0,1	+0,1	+5,0	+0,4	+11,3	+0,8	+1,1	0,0	0,0	0,0	+0,2	0,0
50%	0,0	+0,2	+4,4	0,0	+10,2	+0,7	+0,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
55%	0,0	+0,3	+3,9	0,0	+9,3	+0,6	+0,8	+0,1	+0,1	0,0	-0,1	-0,1
60%	+0,1	+0,4	+3,4	0,0	+8,3	+0,6	+0,6	+0,1	+0,2	0,0	-0,2	-0,2
65%	+0,2	+0,5	+2,9	-0,3	+7,4	+0,5	+0,5	+0,2	+0,2	0,0	-0,4	-0,2
70%	+0,2	+0,6	+2,3	-0,7	+6,3	+0,4	+0,3	+0,2	+0,3	-0,1	-0,5	-0,3
75%	+0,3	+0,7	+1,5	-1,1	+5,1	+0,4	+0,2	+0,3	+0,4	-0,1	-0,8	-0,4
80%	+0,5	+0,8	+0,8	-1,6	+3,5	+0,3	0,0	+0,4	+0,5	-0,1	-1,0	-0,6
85%	+0,6	+0,9	-0,3	-2,2	+1,5	+0,2	-0,1	+0,5	+0,7	-0,1	-1,3	-0,7
90%	+0,9	+1,2	-1,7	-3,0	-0,9	+0,1	-0,3	+0,6	+0,9	-0,1	-1,8	-1,1
95%	+1,3	+1,5	-4,0	-4,4	-4,5	-0,2	-0,7	+0,9	+1,4	-0,2	-2,6	-1,5
100%	+3,9	+4,5	-19,7	-18,7	-52,3	-2,2	-3,5	+3,2	+4,5	-0,5	-10	-4,0

Fuente: Resumen de Padres Angus 2009.

Referencias: LG (largo de gestación), PN (peso al nacer), PD (peso al destete), LECHE (leche), PF (peso final), CE (circunferencia escrotal), ALT (altura), AOB (área de ojo de bife), EGD (espesor de grasa dorsal), EGC (espesor de grasa de cadera), %GI (porcentaje de grasa intramuscular), %CM (porcentaje de cortes minoristas).

Entonces, si el criador busca un toro para incrementar el peso al destete en su rodeo, con la ayuda de esta tabla de percentiles puede ser más preciso y seleccionar el que no sólo sea positivo para esta característica, sino que se ubique dentro del 10% superior.

4. Determinar los valores aceptables de DEP para su sistema de producción:

Una vez cumplidos los pasos anteriores, queda por determinar qué reproductores presentan aquellas DEP que se encuadran dentro de sus objetivos para su sistema de producción específico y el mercado al que usted apunta, con la idea de sincronizar *tamaño-sistema-mercado*.

5. Prepararse para hacer concesiones:

Es de esperar que al cambiar una característica productiva se modifique otra que esté genéticamente correlacionada con la primera, no siempre en la dirección deseada. Por tal motivo, al considerar la característica que deseamos modificar, debemos estar preparados para hacer concesiones. Sabemos, por ejemplo, que la selección por mayores pesos puede incrementar el tamaño, lo cual puede traer aparejado dificultades en el parto. Por lo cual, observar el DEP de altura es siempre relevante.

¿Para qué variables de interés económico se obtienen DEP actualmente?

Las asociaciones de criadores de las distintas razas bovinas de carne de nuestro país producen DEP para diferentes variables de interés económico. Es importante remarcar que no todas las asociaciones evalúan todas las características enumeradas a continuación, sino que la evaluación de una u otra variable depende de la disponibilidad de información que brindan los criadores para generar cada una de ellas.

Características que afectan la eficiencia reproductiva:

- Largo de gestación (LG)
- Facilidad de parto (FP)
- Circunferencia escrotal (CE)
- Peso al nacer (PN)

Características de crecimiento:

- Peso al nacer (PN)
- Peso al destete (PD)
- Leche o aptitud materna para peso al destete (L/AM)
- Peso final – 15/18 meses (PF)
- Altura/Frame (A/F)

Características de rendimiento y calidad carnicera:

- Área de ojo de bife (AOB)
- Espesor de grasa de dorsal (EGD)
- Espesor de grasa de cadera (EGC)
- Porcentaje de grasa intramuscular (%GI)
- Porcentaje de cortes minoristas (%CM)



Para información específica de la evaluación genética de cada raza, por favor contáctese con la asociación de criadores correspondiente.

GUÍA PRÁCTICA PARA LA INTERPRETACIÓN Y USO ADECUADO DE LAS DEP

¿QUÉ TORO ELEGIRÍA?

Teniendo en cuenta lo visto ahora, podemos ilustrar las posibilidades de selección, empleando sólo cuatro toros de los muchos que integran una evaluación genética a nivel nacional. A continuación se ejemplifican las diferentes opciones o decisiones que un criador o productor comercial debe tomar, basándose en sus objetivos de selección específicos. En la **Tabla XVIII** vemos dos criadores con diferentes objetivos de selección. Mientras que el criador 1 busca un reproductor que minimice las dificultades al parto en vaquillonas y logre un buen crecimiento al destete de sus crías, el criador 2 busca un reproductor para incrementar tanto la producción de leche como la ganancia de peso posdestete de su progenie.

Ejemplo 1.

Tabla XVIII: Objetivos de selección de dos criadores

Criador	Objetivos de selección
1	1. Minimizar las dificultades de parto 2. Buen crecimiento hasta el destete
2	1. Aumentar la producción de leche 2. Aumentar la ganancia de peso posdestete

Con el fin de maximizar la rentabilidad de su empresa ganadera, cada criador debe seleccionar el toro que presente el conjunto de valores apropiados, priorizando sus objetivos de selección, teniendo en cuenta la combinación de las DEP para las distintas características evaluadas (**Tabla XIX**). Supongamos que a los fines de ilustrar, tenemos estos cuatro reproductores de los miles que existen en un resumen de padres:

Tabla XIX: Decisiones de selección.

TORO	DEP Peso al nacer	Peso al destete (kg)		DEP Peso final	DEP C.E.
	(kg)	DEP Directo	DEP Materno	(kg)	(cm)
A	4,2	25,4	5,2	45,3	0,7
B	-0,9	27,3	-3,2	35,6	0,5
C	2,3	18,3	2,3	35,1	0,1
D	2,3	26,2	1,5	39,3	-0,2

Para el criador 1, el toro B es el que más le conviene, ya que tiene una DEP baja para peso al nacer (-0,9 kg) y una DEP alta para peso al destete directo (27,3 kg). El criador 2 se inclinará por el toro A, ya que las DEP para peso al destete materno y peso final son altas (5,2 y 45,3 kilos, respectivamente). Sin embargo, tenga en cuenta el riesgo que asume este criador debido a la alta DEP para peso al nacer de este toro (4,2 kilos), por la probabilidad de provocar dificultad al parto, sobre todo en vaquillonas. Esto se detecta mirando la **Tabla XVI**, donde ese valor es extremo, no sólo para usar sobre vaquillonas, sino también sobre vientres. De ahí la importancia de los rangos para interpretar un valor absoluto de las DEP.

Ejemplo 2

Ahora tomemos el ejemplo 2, con otros cuatro reproductores extraídos de un Sumario o Resumen de Padres, suponiendo que en este caso otro criador desea seleccionar uno de ellos por mayor peso final (**Tabla XX**). Con esta evaluación genética parcial, pues no incluye todas las características evaluadas en un Sumario o Resumen de Padres, seguramente el criador elegirá el toro A o el B.

Tabla XX: Decisiones de selección.

TORO	DEP Peso al nacer	Peso al destete (kg)		DEP Peso final	DEP C.E.
	(kg)	DEP Directo	DEP Materno	(kg)	(cm)
A	1,5	10,5	2	30	0,7
B	2	12	1,8	30	0,5
C	-0,5	8	1,5	19	0,1
D	1	-1,5	1	3	-0,2

Ejemplo 3

Ahora supongamos que a la **Tabla XX** le incorporamos el dato de frame score, como lo ilustra la **Tabla XXI**. Entonces, ahora la pregunta es: ¿Cambiaría la decisión de los toros elegidos anteriormente?

Previo a que usted tome su decisión, aprovecharemos esta oportunidad, para explicar el uso del frame score.

El término frame score surge en la Universidad de Missouri, de Estados Unidos. Su cálculo se basa en la alzada del animal (altura del piso a la punta de la cadera), en su sexo y en su edad al momento de la medición. Usando dicha información y una fórmula matemática suministrada por la Federación Estadounidense para el Mejoramiento de Bovinos de Carne (BIF), nos permite calcular el frame score. En definitiva, el frame score es una forma de describir el tamaño

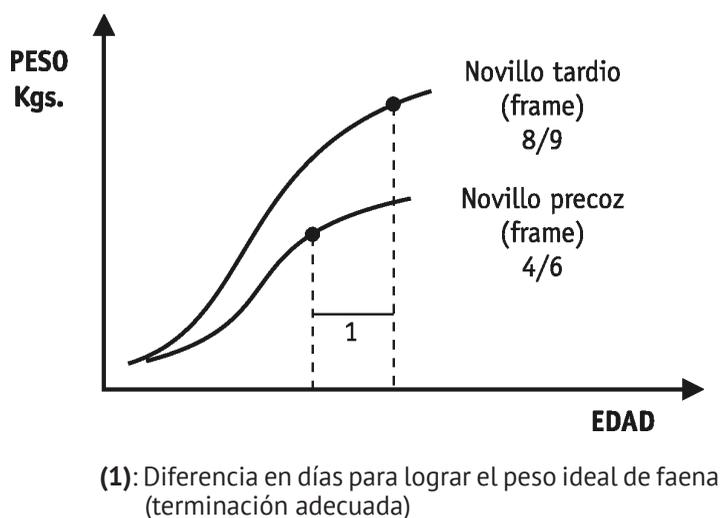
corporal. Puede tomar valores entre 1 y 10, resumiéndose en un número, los animales que van a tener mayor o menor tamaño corporal, si tuvieran condiciones nutricionales que le permitan desarrollar un normal crecimiento.

Nadie puede asegurar que un determinado frame score es el mejor para todos los sistemas de producción. Sin duda, el criador y el productor comercial son quienes tienen que buscar el frame score más adecuado que les permita no sólo sincronizar *tamaño-sistema*, sino también *tamaño-sistema-mercado*, sin descuidar la siempre prioritaria eficiencia reproductiva. Esto es significativamente importante, pues seleccionar entre dos toros padres únicamente por la DEP de peso final, es decir sin la DEP de altura, podría conducir a objetivos no deseados.

En forma general, podemos decir que bajo un mismo sistema pastoril, en los bovinos de carne los animales de frame score más altos (8/10) requieren mayor tiempo -son más tardíos- para llegar a su peso ideal de faena (terminación adecuada), que sería aproximadamente entre 520 y 620 kilos, para las razas británicas. Por el contrario, en los animales de frame score entre 4 y 6, su peso ideal de faena estaría entre 390 y 490 kilos (**Figura XXV**).

Por tal motivo, no es posible definir un tamaño ideal o *frame score adecuado* sin conocer su sistema pastoril específico y al *mercado* que usted apunta en su operación comercial. Lo importante, como dijimos, es sincronizar *tamaño-sistema-mercado*, de forma tal de evitar elegir reproductores que generen novillos “duros” de terminar. Si usted conoce el tamaño o frame score más adecuado para su explotación, entonces elija dentro de ese frame score los animales de mayor DEP, pues serán los más precoces. El siguiente gráfico ilustra lo expuesto.

Figura XXV: Curva de crecimiento bajo un mismo sistema pastoril. Novillo precoz vs. novillo tardío.



Es importante destacar, que seleccionar correctamente no significa elegir los toros, toritos, vaquillonas o vientres con DEP más altas, sino aquellos animales cuyo tamaño corporal (frame score) se ajuste mejor al sistema de producción donde se está trabajando.

Ahora sí, volviendo a la **Tabla XXI** y a nuestro ejemplo 3, debido a que los toros A y B tienen las mismas DEP para peso final (30 kg), podríamos suponer, erróneamente, que tienen similar velocidad de crecimiento posdestete y similar precocidad de terminación. Sin embargo, si cada DEP de peso final estuviera acompañada por su correspondiente frame score, su interpretación cambiaría drásticamente. En este ejemplo 3, vemos que el toro A tiene un frame score de seis (6) y el toro B de ocho (8). Esto indica que a pesar de que ambos toros tienen igual DEP para peso final, son animales de diferente precocidad de terminación. En consecuencia, los novillos del toro A se terminarán en menor tiempo, lo que resulta aún más relevante en sistemas pastoriles. Por tal motivo, dado que la altura es la base para calcular el frame score, es importante tener en cuenta esta DEP de altura a la hora de seleccionar el reproductor adecuado.

Tabla XXI: Decisiones de selección.

TORO	DEP Peso al nacer	Peso al destete (kg)		DEP Peso final	DEP C.E.	Frame
	(kg)	DEP Directo	DEP Materno	(kg)	(cm)	Score
A	1,5	10,5	2	30	0,7	6
B	2	12	1,8	30	0,5	8
C	-0,5	8	1,5	19	0,1	5
D	1	-1,5	1	3	-0,2	5

Estos tres ejemplos han sido diseñados a los fines didácticos, con sólo cuatro toros padres extraídos de un hipotético Sumario o Resumen de Padres. Sin embargo, es importante aclarar que si bien un criador debe priorizar ciertas características de acuerdo a sus objetivos de selección, nunca debe dejar de ver los otros caracteres evaluados en un Sumario o Resumen de Padre, porque debe tener cuidado con las correlaciones genéticas que existen entre los mismos, como ya fue explicado en capítulos anteriores. Consecuentemente, nunca en bovinos de carne debería seleccionarse aisladamente por una o dos características, sino que se debe priorizar algunas tendiendo en cuenta el impacto que dichos caracteres tendrán sobre los restantes, en particular aquellos que están correlacionados a los primeros. Como regla general, siempre deben priorizarse las características asociadas a la eficiencia reproductiva, las cuales es deseable y posible que vayan acompañadas por una DEP que muestre una buena precocidad de crecimiento, rendimiento y calidad de carne. En ese orden, esto es posible con los Sumarios o Resúmenes de Padres de las diferentes asociaciones de criadores, donde se publican numerosos reproductores evaluados objetivamente en base a DEP.

Ejemplo 4

Supongamos que buscamos reproductores para dar servicio a un rodeo de vaquillonas con inseminación artificial. Necesitamos entonces toros que presenten capacidad para transmitir a su descendencia bajo peso al nacer. El objetivo es obtener terneros con bajo peso al nacer sin afectar las demás variables de crecimiento que hacen a la eficiencia del negocio ganadero. Estudiando el Resumen de Padres vemos que la DEP de peso al nacer del toro A es -1,7 kg (Tabla XXII). Para saber dónde está ubicado este toro dentro de los valores extremos, debemos mirar la tabla de rangos incluida en el Sumario o Resumen de Padres (Tabla XVI). En esta tabla podemos observar el rango de peso al nacer en los toros incluidos en esta evaluación: -5,1 kg a +4,5 kg, y que el promedio de los toros actuales es 0,0 kg para dicha característica. Esto implica que una DEP de -1,7 kg nos ayudaría a disminuir el peso de nacimiento de los terneros, evitando posibles problemas de distocia. En el Sumario de Padres también se incluye una tabla de percentiles (Tabla XVII), que nos ayuda a observar la distribución de las DEP en la población evaluada. Observando los percentiles, vemos que un toro con una DEP de peso al nacer de -1,7 kg, forma parte del 2% del total de la población evaluada. Es decir que el toro A es un ejemplar poco usual, difícil de encontrar.

Tabla XXII: Sumario o Resumen de Padres.

DEP de Toros Disponibles						
	Peso al nacer	Peso al destete	Leche	Peso final	C. Escrotal	Altura (frame)
Toro A	-1,7	+ 1,2	- 2,2	1	+0,5	-0,3
<i>Prec</i>	<i>0,85</i>	<i>0,85</i>	<i>0,56</i>	<i>0,73</i>	<i>0,80</i>	<i>0,85</i>
Toro B	- 1,2	+ 1,2	- 0,4	+ 6,6	- 0,2	+ 0,5
<i>Prec</i>	<i>0,79</i>	<i>0,75</i>	<i>0,44</i>	<i>0,57</i>	<i>0,73</i>	<i>0,78</i>
Toro C	- 1,5	+ 1,3	-3,9	- 1,0	+ 0,2	- 0,8
<i>Prec</i>	<i>0,85</i>	<i>0,85</i>	<i>0,45</i>	<i>0,50</i>	<i>0,48</i>	<i>0,75</i>
Toro D	- 1,6	+ 1,6	+ 0,1	+ 27	+ 1,7	+ 2,0
<i>Prec</i>	<i>0,83</i>	<i>0,83</i>	<i>0,61</i>	<i>0,64</i>	<i>0,73</i>	<i>0,79</i>
Toro E	- 1,7	+ 8,9	-2,7	+ 21,2	+ 1,7	+ 1,0
<i>Prec</i>	<i>0,85</i>	<i>0,85</i>	<i>0,64</i>	<i>0,74</i>	<i>0,81</i>	<i>0,67</i>
Toro F	- 1,3	- 3,2	- 1,0	- 14,9	- 0,4	- 1,7
<i>Prec</i>	<i>0,97</i>	<i>0,96</i>	<i>0,80</i>	<i>0,92</i>	<i>0,94</i>	<i>0,97</i>

TABLA XVI: Rangos de DEP para diversas características de interés económico.

Característica	Cantidad de Toros	Cantidad de Registros	Rangos de DEP	Unidad
Largo de gestación	2.613	50.4863	- 3,3 a + 3,9	días
Peso al nacer	4.407	271.722	- 5,1 a + 4,5	kg
Peso al destete	4.268	274.578	- 19,7 a + 31,2	kg
Leche	4.268	91.570	- 18,7 a + 16,6	kg
Peso final	3.425	155.091	- 52,3 a + 51,1	kg
Circunferencia escrotal	3.044	65.524	- 2,2 a + 4,1	cm
Altura	2.996	75.873	- 3,5 a + 7,3	cm
Espesor de grasa dorsal	1.671	31.822	- 1,2 a + 3,2	mm
Espesor de grasa de cadera	1.649	30.274	- 2,4 a + 4,5	mm
Área de ojo de bife	1.724	31.130	- 10,0 a + 10,0	cm ²
Porcentaje de grasa intramuscular	1.689	28.315	- 0,4 a + 0,8	%
Porcentaje de cortes minoristas	1.655	26.934	- 3,5 a + 2,6	%

Tabla XVII: Tabla de Percentiles.

	CRECIMIENTO CARNICERA							CALIDAD				
	DEP LG	DEP PN	DEP PD	DEP LECHE	DEP PF	DEP CE	DEP ALT	DEP EGD	DEP EGC	DEP %GI	DEP AOB	DEP %CM
1%	-2,0	-2,0	+19,3	+7,4	+35,7	+2,6	+4,2	-0,9	-1,1	+0,4	+8,3	+1,7
2%	-1,8	-1,7	+16,3	+6,3	+31,4	+2,3	+3,7	-0,8	-1,0	+0,4	+7,0	+1,5
3%	-1,6	-1,4	+14,8	+5,7	+29,2	+2,1	+3,3	-0,7	-0,9	+0,3	+5,9	+1,3
4%	-1,5	-1,2	+14,0	+5,3	+27,7	+2,0	+3,1	-0,6	-0,8	+0,3	+5,2	+1,2
5%	-1,4	-1,1	+13,4	+5,0	+26,6	+1,9	+3,0	-0,6	-0,7	+0,2	+4,4	+1,1
10%	-1,1	-0,7	+11,0	+3,9	+22,9	+1,6	+2,5	-0,4	-0,5	+0,2	+2,8	+0,8
15%	-0,8	-0,5	+9,6	+3,1	+20,2	+1,4	+2,2	-0,3	-0,4	+0,1	+1,8	+0,6
20%	-0,6	-0,3	+8,4	+2,5	+17,9	+1,3	+1,9	-0,2	-0,3	+0,1	+1,4	+0,5
25%	-0,5	-0,2	+7,5	+1,9	+16,3	+1,2	+1,7	-0,1	-0,2	+0,1	+1,0	+0,4
30%	-0,4	-0,1	+6,7	+1,5	+14,9	+1,0	+1,5	-0,1	-0,1	+0,1	+0,7	+0,3
35%	-0,3	0,0	+6,1	+1,1	+13,7	+1,0	+1,4	-0,1	-0,1	+0,1	+0,5	+0,2
40%	-0,2	0,0	+5,5	+0,8	+12,5	+0,9	+1,2	0,0	0,0	0,0	+0,3	+0,1
45%	-0,1	+0,1	+5,0	+0,4	+11,3	+0,8	+1,1	0,0	0,0	0,0	+0,2	0,0
50%	0,0	+0,2	+4,4	0,0	+10,2	+0,7	+0,9	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
55%	0,0	+0,3	+3,9	0,0	+9,3	+0,6	+0,8	+0,1	+0,1	0,0	-0,1	-0,1
60%	+0,1	+0,4	+3,4	0,0	+8,3	+0,6	+0,6	+0,1	+0,2	0,0	-0,2	-0,2
65%	+0,2	+0,5	+2,9	-0,3	+7,4	+0,5	+0,5	+0,2	+0,2	0,0	-0,4	-0,2
70%	+0,2	+0,6	+2,3	-0,7	+6,3	+0,4	+0,3	+0,2	+0,3	-0,1	-0,5	-0,3
75%	+0,3	+0,7	+1,5	-1,1	+5,1	+0,4	+0,2	+0,3	+0,4	-0,1	-0,8	-0,4
80%	+0,5	+0,8	+0,8	-1,6	+3,5	+0,3	0,0	+0,4	+0,5	-0,1	-1,0	-0,6
85%	+0,6	+0,9	-0,3	-2,2	+1,5	+0,2	-0,1	+0,5	+0,7	-0,1	-1,3	-0,7
90%	+0,9	+1,2	-1,7	-3,0	-0,9	+0,1	-0,3	+0,6	+0,9	-0,1	-1,8	-1,1
95%	+1,3	+1,5	-4,0	-4,4	-4,5	-0,2	-0,7	+0,9	+1,4	-0,2	-2,6	-1,5
100%	+3,9	+4,5	-19,7	-18,7	-52,3	-2,2	-3,5	+3,2	+4,5	-0,5	-10	-4,0

Fuente: Resumen de Padres Angus 2009.

Referencias: LG (largo de gestación), PN (peso al nacer), PD (peso al destete), LECHE (leche), PF (peso final), CE (circunferencia escrotal), ALT (altura), AOB (área de ojo de bife), EGD (espesor de grasa dorsal), EGC (espesor de grasa de cadera), %GI (porcentaje de grasa intramuscular), %CM (porcentaje de cortes minoristas).

En la **Tabla XXII** también figura la precisión de las DEP, indicando el grado de confiabilidad de la DEP que acompaña. Una precisión cercana a 1,0 indica mayor confiabilidad, mientras que las más cercanas a 0,0 indican menor confiabilidad.

Ahora debemos analizar cuáles son las otras características del toro A; para esto nos seguimos guiando con los rangos y promedio de cada una de las DEP. Es probable que este toro disminuya el peso al destete de los terneros, ya que tiene una DEP para PD de +1,2 kg, ubicándolo en el percentil del 75%. También puede traer inconvenientes con la aptitud materna que transmitirá a sus hijas (tiene un DEP de leche PD de -2,2 kg y está en el percentil del 85%) y disminuir el peso final del rodeo (tiene una DEP para PF de 1 kg, ubicándolo en el percentil del 85%). La circunferencia escrotal también está por debajo del percentil del 50%, ya que su DEP para esta característica es de +0,5 cm. A su vez, este toro permite ajustar hacia abajo el frame score (su DEP de altura es de -0,3 cm, ubicándolo en el percentil del 90%).

Al observar el toro B podemos ver que se trata de un animal que cumple con la característica que buscamos: una DEP baja para peso al nacer. Con respecto a su aptitud materna y peso final, a pesar de que este reproductor está mejor posicionado que el toro A, ambas DEP del toro B están por debajo del percentil del 50%.

La DEP para peso al nacer del toro C también es baja, pero si observamos el resto de sus DEP, podemos concluir que puede traer mayores inconvenientes con la aptitud materna que transmitirá a sus hijas y disminuir, en mayor medida, el peso final de nuestro rodeo al mismo tiempo que bajaría el frame score de los animales.

El toro D, en cambio, además de contar con una DEP baja para peso al nacer, muestra características sobresalientes para peso al destete y peso final, muy buena circunferencia escrotal y un valor de aptitud materna cercano al promedio. A su vez, es un toro que contribuiría a aumentar el frame del rodeo. Si estamos buscando reproductores para un rodeo con destino a exportación, por ejemplo, y no se desea guardar las hembras para reposición, seguramente éste es el toro que elegiríamos.

El toro E tiene DEP altas para peso al destete, peso final y circunferencia escrotal, y una DEP muy baja para aptitud lechera. Dada la DEP de altura, podría tender a bajar el frame score del rodeo, suponiendo que el mismo está alrededor del promedio para esta característica. Por lo tanto, y si no estamos buscando aumentar el tamaño de los ejemplares del rodeo, quizá este sería un reproductor para considerar.

Por último, el toro F, si bien tiene una DEP baja para peso al nacer, sus DEP de peso al destete y final son también muy bajas, lo que podría provocar una transformación desfavorable en las características de nuestro rodeo.

Por medio de este ejemplo podemos observar que la información brindada en los Resúmenes de Padres y catálogos de venta de remates y de semen es una herramienta muy valiosa a la hora de seleccionar la genética para nuestro rodeo. En este sentido, es muy importante considerar las características que se desean mejorar, así como la correlación entre las distintas variables.

Utilización de las DEP para características carniceras

En la actualidad, la mayoría de las asociaciones de criadores están incorporando a su evaluación genética los datos de características carniceras. El objetivo es proveer a los criadores y productores comerciales las DEP necesarias para producir cambios direccionales en el rendimiento y la composición del producto final, la carne.

A continuación daremos respuesta a algunas preguntas relacionadas con el uso de las DEP para características carniceras, como herramienta de selección.

¿Es posible disminuir el espesor de grasa dorsal (EGD) e incrementar el porcentaje de grasa intramuscular (%GI) ?

La DEP de %GI puede ser utilizada para seleccionar toros padres que producirán progenie con mayor %GI a una edad y EGD constantes. Cuanto más alta es la DEP de %GI, mayor es la cantidad de grasa intramuscular en el AOB. Sin embargo, es importante remarcar que los resultados hallados recientemente, muestran que la correlación genética entre el %GI y el EGD es baja, lo cual sugiere que puede incrementarse el %GI sin incrementar el EGD.

En la **Tabla XV** (ver 3.4.1) se presentan las heredabilidades y correlaciones genéticas de las características carniceras medidas por ultrasonido, para las cuales algunas razas cuentan con DEP.

¿El área de ojo de bife (AOB) es una característica importante a medir?

El AOB, tomada entre la 12ª y 13ª costilla y expresada en cm², ha demostrado tener razonable importancia en la variación del porcentaje de cortes minoristas (%CM), a un peso de la res constante. Esto significa que dados dos toros padres con la misma DEP para el peso de la res, el que tenga mayor DEP para AOB producirá progenie que rendirá mayor %CM.

Existe una alta correlación genética (0.61) entre AOB y el %CM. El AOB es un indicador de la producción de músculo en la res; cuando el AOB se incrementa, el rendimiento de carne también lo hace. La heredabilidad de este carácter indica que es posible lograr un progreso

significativo, por lo cual se considera importante incluirlo para cada reproductor evaluado. De esta manera, la cadena, que tiene como objetivo principal lograr más y mejor carne en menos tiempo, se ve beneficiada.

¿Qué relación hay entre espesor de grasa dorsal (EGD) y el porcentaje de cortes minoristas (%CM)?

El EGD a la altura de la 12ª costilla tiene una heredabilidad aproximada del 37%. De acuerdo a las estimaciones realizadas, existe una razonablemente alta y negativa correlación genética (aproximadamente -0,44) entre el EGD y el %CM. Durante sus etapas de crecimiento, los animales conforman primero sus músculos (proteína), y sólo una vez que han alcanzado su pico de crecimiento, comienzan a depositar grasa. Dentro de un determinado tamaño corporal (frame score), los animales más precoces en su desarrollo comenzarán a fijar grasa a una menor edad. Por lo tanto, serán animales de fácil terminación. La mencionada correlación genética (-0.44), nos dice que a mayor EGD menor porcentaje de cortes minoristas.

MODELO DE SUMARIO O DE RESUMEN DE PADRES

A través de los Sumarios o Resúmenes de Padres las asociaciones brindan una evaluación objetiva en base a DEP, las cuales son las mejores herramientas de selección que tiene un criador o productor para producir cambios direccionales en su programa de mejoramiento genético.

A continuación se presenta un modelo general de Resumen de Padres (**Figura XXVI**) que incluye todas las características tratadas en esta Guía, con el objetivo de facilitar su correcta interpretación. Es importante tener en cuenta que cada asociación utiliza su propio formato.



Para información específica de la evaluación genética de cada raza, por favor contáctese con la asociación de criadores correspondiente.

DEP: Las DEP (diferencia esperada entre progenies) predicen cómo se comportará la futura progenie de los toros listados en cada una de las características de producción evaluadas. Las DEP pueden ser positivas (+), negativas (-) o igual a cero (0), y están expresadas en la unidad de medida correspondiente a cada característica: kilos para peso al nacer o centímetros para circunferencia escrotal, por ejemplo.

10. LG.: Largo de gestación. El largo de gestación representa la cantidad de días entre la concepción y el nacimiento. Esta DEP predice la diferencia en días (en más o en menos) en el largo de gestación que tendrá la progenie de un toro padre en particular, con respecto otro.

11. Prec.: Precisión. Debajo de cada característica evaluada se indica la precisión para cada una de ellas. La precisión indica el grado de confiabilidad que se puede tener en la DEP que acompaña. El rango de las precisiones va de 0 a 1 e indica la probabilidad que tiene una DEP de cambiar ante la adición de nueva información. Una precisión cercana a 1 indica alta confiabilidad, mientras que cercana a 0 (cero), baja confiabilidad. Ciertas asociaciones de criadores expresan la precisión en forma porcentual, en el rango de 0 a 100%.

12. PN: Peso al nacer. Esta DEP, expresada en kilos, predice la capacidad que tiene el toro considerado para transmitir peso al nacer a su progenie. El peso al nacer es un indicador de la facilidad de parto; DEP más altas indican, generalmente, mayores problemas de parto (distocia).

13. PD: Peso al destete. Esta DEP, expresada en kilos (kg), predice la capacidad que tiene el toro considerado para transmitir crecimiento al destete a su progenie. Todos los pesos al destete analizados son ajustados por la unidad ejecutora a los 205 días y por edad de la madre.

14. PA: Peso al año. Esta DEP, expresada en kilos (kg), es calculada utilizando los pesos de animales alrededor del año de edad, ajustados a los 400 días y por la edad de su madre. La DEP para peso al año es el mejor indicador del mérito genético de un animal para el crecimiento al año de vida.

15. PF: Peso final. Esta DEP, expresada en kilos (kg), predice la capacidad que tiene el toro considerado para transmitir crecimiento a sus crías, medido como peso a los 18 meses.

16. Altura: Esta DEP, expresada en centímetros y ajustada a una edad fija determinada (*), predice la capacidad que tiene el toro considerado para transmitir altura a sus crías. Esta característica debería tenerse en cuenta al momento de seleccionar entre dos toros con igual DEP de peso final, a fin de evitar incrementar el tamaño corporal más allá de lo deseado.

17. AM/L: Aptitud materna o leche. Esta DEP, expresada en kilos, indica la aptitud lechera que transmite un toro a sus hijas, medida a través del peso al destete de sus nietos y nietas.

18. CE: Circunferencia escrotal ajustada a una edad fija determinada (*). Esta DEP, expresada en centímetros, predice la capacidad del toro para transmitir esta característica a su progenie.

19. EGD: Espesor de grasa dorsal ajustado a una edad fija determinada (*). Esta DEP, expresada en milímetros, predice la capacidad del toro para transmitir mayor o menor EGD a su progenie.

20. EGC: Espesor de grasa de cadera ajustado a una edad fija determinada (*). Esta DEP, expresada en milímetros, predice la capacidad del toro para transmitir mayor o menor EGC a su progenie.

21. AOB: Área de ojo de bife ajustada a una edad fija determinada (*). Esta DEP, expresada en centímetros cuadrados, predice la capacidad del toro para transmitir mayor o menor AOB a su progenie.

22. %GI: Porcentaje de grasa intramuscular ajustado a una edad fija determinada (*). Esta DEP, expresada en porcentaje, predice la capacidad del toro para transmitir mayor o menor %GI a su progenie.

23. %CM: Porcentaje de cortes minoristas. Es una DEP compuesta que combina, principalmente, información del peso al momento de la medición ecográfica (PM), el AOB y el EGD. Predice la diferencia en kilos, de cortes minoristas que daría, en promedio, la progenie de un toro padre en particular, con respecto a otro.

24. Terneza: Marcadores moleculares para terneza: calpastatina ($CAST_{UoG}$ y $CAST_{2959}$) y calpaína ($CAPN_{316}$ y $CAPN_{4751}$) (**ver Capítulo 4**). Los resultados de los estudios de terneza pueden expresarse de diversas formas, una de ellas es mediante la utilización de signos (+ y -). De esta manera, la variante alélica de mayor terneza de un marcador se identifica, por simplicidad, con (+), y la de menor terneza con (-).

(*) Nota: Cada unidad ejecutora ajustará a una edad fija determinada, de acuerdo a su criterio y con la metodología que considere más conveniente.

A continuación se incluyen los formatos de los Sumarios o Resúmenes de Padres utilizados por algunas de las asociaciones de criadores de razas bovinas en la Argentina:

Asociación Argentina de Angus

Figura XXVII: Resumen de Padres Angus 2023. Unidad Ejecutora: Unidad de Evaluación Genética (UEG). Instituto de Genética. INTA-Castelar.

Nombre	HBA	Crs	Cri/Pr	Gest.	Nacer	Destete	Leche	*Docilidad	Final	C.E	Altura	E.G.D.	E.G.C.	A.O.B.	%G.I	% C.M.																	
																	CRIA PROP	DEP Prec perc															
Toro A	xxx.xxx	8660	xxx	xxx	-0,5	-0,2	+5,4	+1,8	+0,4	+12,9	+1,0	+1,2	+0,5	+0,9	+3,4	-0,2	0,0																
																		1998	164	xxx	0,99	0,99	0,99	0,99	0,21	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
																					30%	30%	60%	30%	75%	75%	50%	65%	85%	90%	4%	100%	45%
Toro B	xxx.xxx	87	xxx	xxx	-0,7	+0,6	+11,1	+3,4	+6,2	+30,8	+1,5	+3,5	-0,2	+0,1	+1,6	+0,1	+0,9																
																		2009	8	xxx	0,79	0,93	0,91	0,77	0,46	0,81	0,88	0,92	0,86	0,87	0,85	0,86	0,85
																					25%	75%	15%	15%	10%	20%	20%	2%	10%	40%	25%	5%	4%

Asociación Argentina Criadores de Bonsmara

Figura XXVIII: Resumen de Padres Bonsmara. Unidad Ejecutora: Bonsmara BLUP Analysis. Agricultural Research Council. Irene, Pretoria, Sudáfrica.

Identificación	RP	Apodo	Nacimiento				Tasa de Crecimiento								Reproducción						Frame		Carcasa													
			Peso al nacer Directo	Exactitud	Peso al nacer Maternal	Exactitud	Peso al destete Directo	Exactitud	Leche	Exactitud	Peso post destete	Exactitud	Peso adulto	Exactitud	GDP	Exactitud	ICA	Exactitud	Circ. Escrotal	Exactitud	EP	Exactitud	PEP	Exactitud	Longevidad	Exactitud	Altura	Exactitud	Largo	Exactitud	AOB	Exactitud	Grasa	Exactitud	Marmoreo	Exactitud
MAN152567	2567	Leonidas	-0,87	96	4,9	71	0,28	69	0,2	66	14,1	66	8	55	65	56	-37	33	9,3	60	7,3	68	0,1	48	26,9	68	-9	59	1	58	-0,01	42	-2,4	42	1,10	40
Promedio de la raza			1,08	-0,22	14,4	3,8	23,3	10	108	-49	11,6	-11,8	-2,3	26,4	1	16	0,1	0,6	-0,17																	

Fuente: StudBook Sudafricano junio 2023

Asociación Braford Argentina

Figura XXIX: Sumario de Padres Braford 2023. Unidad Ejecutora: Cátedra de Mejoramiento Genético Animal. Departamento de Producción Animal. Facultad de Agronomía. Universidad de Buenos Aires.

NOMBRE	APODO	Año	Nº Crías	Nº Cabil.	RP	HBA	ABA	UBB	Peso al Nacer			Peso al Destete			Aptitud Materna			L&C		Peso a los 18 meses			Circ. Escrotal		
									DEP	PREC	RANK	DEP	PREC	RANK	PREC	DEP	RANK	DEP	RANK	DEP	PREC	RANK	DEP	PREC	RANK
BERMEJO A-1 PANDA ALMA SANTIAGO TE	PANDITA	2010	35	1	A-1		1968363		0,70	0,82	89	8,47	0,86	11	-0,52	0,53	84	3,71	38	14,03	0,87	20	0,28	0,43	58

Asociación Criadores Brahman Argentina

Figura XXX: Sumario de Padres Brahman. Unidad Ejecutora: Cátedra de Mejoramiento Genético Animal. Departamento de Producción Animal. Facultad de Agronomía. Universidad de Buenos Aires.

NOMBRE DEL TORO	AÑO DE NACIM.	CABAÑAS	CRIAS	H.B.A. ACBA ABBA	Peso al Nacer		Peso al Destete		Aptitud Materna		Leche & Crecim.	Peso Final		Circun. Escrotal	
					DEP	PREC	DEP	PREC	DEP	PREC	DEP	PREC	DEP	PREC	DEP
LEONOR 1013 SOY BUENO 764 T/E	1998	4	117	19132	0,74	0,91	19,64	0,85	-0,90	0,75	8,92	37,74	0,78	1,01	0,90
PILAGA'S 958 REXLAND 8	1981	2	123	10788	0,40	0,91	4,20	0,89	-0,36	0,71	1,74	2,40	0,82	0,48	0,81
VIROCAY'S 1181 ALBAN 30	2003	1	89	19956	1,46	0,90	17,87	0,86	2,48	0,33	11,42	30,26	0,09	0,44	0,14

Asociación Argentina de Brangus

Figura XXXI: Sumario de Padres Brangus 2023. Unidad Ejecutora: Cátedra de Mejoramiento Genético Animal. Departamento de Producción Animal. Facultad de Agronomía. Universidad de Buenos Aires.

NOMBRE	APODO	AÑO	Nº CRIAS	Nº CAB.	HBA	AAB_IDE	DEP	Peso al Nacer	Peso al Destete	Aptitud Materna	L & C	Peso a los 18 m.	Circun. Escrolal	Área Ojo de Bife	Grasa Cadera	Grasa Dorsal	Grasa Intramus.	Índice de Conexión
ALEJO CARMEN 9384 REFUIAN	CARABAJAL	2012	314	17	141765	588726		-0,22	3,34	2,79	4,46	0,84	0,44	0,05	-0,42	0,11	0,12	95,7%
								Prec. Rank	0,98 32	0,97 93	4,46 70	0,93 99	0,95 74	0,48 91	0,45 99,00	0,44 93	0,47 76	

Asociación Argentina Criadores de Hereford

Figura XXXII: Sumario de Padres Hereford 2023. Unidad Ejecutora: ABRI - Agricultural Business Research Institute.

Nombre Animal	Fecha Nacim	Padre	Estadísticas			DIFERENCIA ESPERADA ENTRE PROGENIE														
			Rod.	Prog	Eco	Nacimiento			Crecimiento				Fertilidad			Ecografía				
						FPD	FPI	PN	PD	PA	PF	PVA	Leche	L & C	CE	AOB	GD	%GI		
128M STANDARD AGA 65T (SI 65T)	374876	27/02/85	93J STANDARD AGA 128M	1	14	0	10	+1.4	-2.3	+2.2	+18.1	+27.9	+27.3	+38.0	+2.1	+11.2	+0.6	-1.68	-0.56	+0.03
				36%	28%	50%	43%	44%	36%	31%	32%	40%	31%	14%	15%	14%				

Asociación Argentina Criadores de Shorthorn

Figura XXXIII: Resumen de Padres Shorthorn 2009. Unidad Ejecutora: Unidad de Evaluación Genética (UEG). Instituto de Genética. INTA-Castelar.

TORO A															
Padre:		PADRE A			Madre:				MADRE A			HBA: 507122		AÑO NAC.:	
Crias	Rod.	DEP	Gest.	Nacer	Dest.	Leche	Final	C.E.	Altura	E.G.D.	E.G.C.	A.O.B.	% G.I.	% C.M.	
27	6	Prec	-1.0	-1.0	+3.0	+1.0	+15.0	+1.0	-1.0	-0.2	-0.2	+1.5	+0.5	+1.0	
			0.63	0.63	0.63	0.21	0.63	0.63	0.61	0.61	0.61	0.63	0.63	0.63	

UNIDADES EJECUTORAS (UE)

1. INSTITUTO NACIONAL DE TECNOLOGÍA AGROPECUARIA (INTA)

Área específica: Unidad de Evaluación Genética (UEG) - Instituto de Genética del INTA-Castelar.

Responsable: Dr. Horacio Guitou, Lic. Aldo Monti, Lic. Inés Baluk e Ing. Agr. Andrés Ellinger.

Dirección: Av. Cerviño 4449, 5º piso - (1425) Ciudad Autónoma de Buenos Aires,

E-mail: hguitou@cnia.inta.gov.ar

Coordinador Programa ERA: Mariano Fernández Alt (e-mail: era@angus.org.ar)

Coordinador Programa E.R.Sh: Fabián García (www.shorthorn.org.ar)

Razas evaluadas: Angus y Shorthorn.

2. UNIVERSIDAD DE BUENOS AIRES (UBA)

Área específica: Cátedra de Mejoramiento Genético Animal. Departamento de Producción Animal. Facultad de Agronomía. Universidad de Buenos Aires.

Responsable: Dr. Rodolfo J. C. Cantet, Dr. Sebastián Munilla

Dirección: Av. San Martín 4453 - (1417) Ciudad Autónoma de Buenos Aires.

E-mail: rcantet@agro.uba.ar; birchmei@agro.uba.ar, munilla@agro.uba.ar

Razas evaluadas: Braford, Brahman, Brangus, Limangus y Limousin.

3. UNIVERSITY OF NEW ENGLAND (Australia)

Área específica: ABRI - Agricultural Business Research Institute

Responsable: Dr. Brad Crook (e-mail: brad.crook@abri.une.edu.au)

Dirección: University of New England, Armidale, NSW, Australia

Área específica: AHA (American Hereford Association)

Responsable: Stacy Sanders (e-mail: ssanders@hereford.org)

Coordinadora PEG Argentina: Josefina Bullo (e-mail: peg@hereford.org.ar)

Responsable PANAM para Argentina: MV María Calafé (e-mail: genetica@hereford.org.ar)

Raza evaluada: Hereford

4. AGRICULTURAL RESEARCH COUNCIL – ARC (Sudáfrica)

South African Stud Book and Animal Improvement Association Logix Beef

Responsable: Dr Japie Van der Westhuizen, Gerente General

Dirección: 118 Henry Street, Westdene, Bloemfontein, Sudáfrica

e-mail: info@studbook.co.za

Coordinadora en la Argentina: Lic. María Julia Aras (info@bonsmara.org.ar)

Raza evaluada: Bonsmara

MARCADORES GENÉTICOS

5.1

INTRODUCCIÓN

La tecnología aplicada al mejoramiento animal se mantiene en constante evolución, a fin de estimar con mayor precisión el valor genético real de los distintos caracteres en los bovinos de carne. Los avances producidos en genética molecular han posibilitado una nueva generación de tecnología para asistir al criador en los procesos de selección animal, empleando información del material genético (ADN) del animal. Los marcadores moleculares son genes, segmentos de ADN, o nucleótidos, que se encuentran cercanos a los genes que gobiernan los caracteres económicos y que se transmiten a la descendencia por herencia mendeliana simple.

Los marcadores genéticos tienen distintas aplicaciones en el ganado bovino:

- Identificación y parentesco del animal.
- Detección de características heredables, enfermedades y defectos genéticos indeseables.
- Asistencia en la selección.
- Selección genómica, tal como se practica actualmente en el ganado lechero.

En su papel de asistentes para la selección, los marcadores son especialmente útiles para trabajar en aquellos rasgos costosos o difíciles de cuantificar. Los caracteres que más se pueden beneficiar mediante el uso de esta tecnología, como herramienta asistente de la selección, son los siguientes:

- De baja heredabilidad (ejemplo: caracteres reproductivos).
- Costosos y complejos de medir (ejemplo: resistencia a enfermedades).
- Que sólo pueden ser medidos a través de la descendencia del animal, o que se toman a una edad tardía (ejemplo: reproducción y longevidad productiva).
- Que sólo pueden medirse post-mortem (ejemplo: terneza).
- Para los cuales no existen mediciones rutinarias (ejemplo: eficiencia de conversión alimenticia).

Las características de importancia productiva (cuantitativas) suelen ser resultado de la acción de muchos genes, cada uno con un pequeño efecto sobre ellas. Estos genes son llamados QTL (quantitative trait loci), lo que puede traducirse como “gen integrante del carácter cuantitativo”. Se dice que un QTL está “marcado”, cuando a cierta distancia del mismo se ha detectado una porción de ADN indicadora de su presencia. Cada animal obtiene un alelo (o variante) marcador de su padre y otro de su madre. Muchos estudios realizados con animales de distintas razas han detectado la presencia de QTL para numerosas características de importancia económica. Los mismos consisten en comparar las distintas variantes de muchos marcadores, manifestándose sólo aquellos que estén muy cercanos a un QTL. Después de varios estudios confirmatorios de la asociación de un marcador a uno (o más) QTL, las pruebas de detección de marcadores son implementadas por empresas que suelen expresar los resultados, ya sea como número de alelos favorables del QTL, potencialmente asociados al marcador, o más comúnmente en la actualidad -a medida que aumenta el número de marcadores-, como un valor genético molecular. Esto sería equivalente a dos veces una “DEP molecular”.

Sin embargo, no existe certeza absoluta de la presencia del alelo favorable o desfavorable del QTL al observar el marcador asociado. Esto se debe a la existencia del proceso genético de *recombinación* que ocurre durante la formación del espermatozoide y el óvulo. Mediante dicho proceso, las fracciones de ADN de origen paterno y materno del individuo se entrecruzan y se produce intercambio del material en forma aleatoria entre ambas. Como no podemos ver al QTL, sino al marcador, si hubo una recombinación entre el marcador y el QTL, para un toro o vaca en particular, puede ocurrir que el alelo del marcador generalmente asociado con la variante favorable del QTL, se encuentre junto con el alelo desfavorable del gen. Sin embargo, existen marcadores que presuntamente se encuentran dentro del QTL, hecho que neutraliza el problema de la recombinación. En este último caso, los marcadores moleculares permiten realizar selección para caracteres cuantitativos eficazmente, situación que sería impracticable

por otro camino. Nótese que el fenotipo de un animal para el carácter es el resultado de la acción de los alelos de los genes “marcados”, así como los numerosos otros genes “no marcados”, conjuntamente con el medio ambiente. Cuando un toro padre tiene DEP por encima del promedio de la base genética para una determinada característica, ha heredado una alta proporción de alelos para los QTL que afectan favorablemente dicha variable. En otras palabras, la selección basada en DEP resulta en un incremento de la cantidad de alelos favorables que tiene un animal, sin necesidad de conocer qué QTL específicos están involucrados. En el caso de las características productivas, tanto los genes “marcados” como los “no marcados” en conjunto con el ambiente, determinarán si un novillo faenado ofrece, por ejemplo, carne vetada y tierna. Es por esto que un padre bien probado (con alta precisión) y con una DEP favorable para una característica cuantitativa determinada, puede carecer de copia alguna del alelo marcador asociado positivamente con la misma, dado que el animal ha heredado una alta proporción de genes “no marcados” que afectan favorablemente el rasgo en cuestión. Asimismo, los marcadores moleculares pueden mejorar la exactitud de la selección de animales individuales cuando están combinados con métodos clásicos de evaluación genética, pero el aumento de exactitud puede no compensar el costo de determinación de los marcadores. Para los caracteres de fácil medición y altamente heredables (ejemplo, crecimiento), los marcadores moleculares probablemente no proporcionan ninguna ventaja económica en comparación con la estimación tradicional del mérito genético (evaluación genética objetiva: las DEP).

5.2

MARCADORES MOLECULARES PARA TERNEZA

La palatabilidad de la carne es una característica compuesta por la combinación de tres factores: sabor, jugosidad y ternesa; ésta última es el atributo más apreciado por los consumidores. Con una heredabilidad cercana a 0,35 (35%), la ternesa es el factor de calidad intrínseca de la carne más importante y de mayor variabilidad.

En la última década, la selección de reproductores por características carniceras ha tomado gran importancia a nivel mundial. Prueba de ello es la medición objetiva del área de ojo de bife, el porcentaje de grasa intramuscular, el espesor de grasa dorsal y el espesor de grasa de cadera, usando técnicas de ultrasonido en el animal vivo, y transformando posteriormente dichas mediciones en DEP. En el pasado, la única forma para seleccionar toros padres por ternesa era mediante la utilización del método de la cuchilla o guillotina Warner-Bratzler (WBSF)* en sus hijos, midiendo la fuerza (resistencia) al corte del músculo estudiado. Mediante este método, un toro padre completaba una evaluación para ternesa a una edad promedio de 5 a 6 años, una vez que sus hijos fueron faenados. Debido a la complejidad de este tipo de medición y dada la imposibilidad de evaluar animales jóvenes, la selección clásica de reproductores para ternesa, empleando la técnica de WBSF, no ha resultado una herramienta útil o práctica para

el mejoramiento bovino. Es por ello que la selección asistida por marcadores moleculares es una herramienta de selección objetiva útil para el mejoramiento genético de la terneza en los rodeos de carne, sin tener que esperar faenar la progenie de los toros padres, lo que conlleva a una disminución del costo y a un aumento de la velocidad de respuesta a la selección.

En los últimos años, estudios realizados en Estados Unidos y Australia, comparando bovinos de carne con altos y bajos valores de terneza, han identificado marcadores puntuales en los genes de la calpastatina (CAST) y de la calpaína (CAPN), dos enzimas que intervienen antagónicamente en los procesos de tiernizado post-mortem de la carne, y que están asociadas a variaciones de la terneza en las subespecies *Bos taurus* (razas británicas y continentales) y *Bos indicus* (razas cebuinas). Entre ellos se encuentran, en el cromosoma 29, sobre el gen de la calpaína, los marcadores CAPN₃₁₆ y CAPN₄₇₅₁, y en el cromosoma 7, sobre el gen de la calpastatina, los marcadores CAST₂₉₅₉ y CAST_{U06}. La calpaína es una enzima natural calcio-dependiente que fragmenta las fibras musculares durante la maduración post-mortem. Es la principal involucrada en los procesos de maduración, y las variantes más activas confieren mayor terneza. La calpastatina es también una enzima natural que provoca un efecto inhibitorio sobre la calpaína, atenuando de esta manera el tiernizado. Consecuentemente, las variantes más favorables de la calpaína confieren mayor terneza a la carne e inversamente, las variantes menos favorables (más activas) de la calpastatina producen el efecto contrario. Empleando la técnica de WBSF sobre carne de novillos que habían recibido de sus padres determinados marcadores, se pudo establecer la correlación de la terneza (medida en forma objetiva) con la presencia de las variables más y menos favorables de los QTL ligados a dichos marcadores moleculares. Una vez establecida la asociación entre los marcadores y los QTL, es necesario establecer el efecto que tiene ese QTL marcado en un sistema de producción determinado.

** La "fuerza de corte de Warner-Bratzler" (WBSF) es una medida objetiva que estima la cantidad de fuerza que se requiere para cortar un cubo de 1,27 cm³ de carne en condiciones estándares de cocción, y constituye un indicador de terneza que predice la sensación potencial que se experimentaría al masticar un determinado corte.*

Es así que algunos grupos de investigación independientes (en Estados Unidos, Australia y Argentina) han realizado evaluaciones imparciales y objetivas para confirmar y validar la existencia de una asociación entre los marcadores moleculares mencionados y los valores medidos de WBSF.

Los resultados de los estudios de terneza pueden expresarse de diversas formas. Una de ellas es mediante la utilización de signos (+ y -). De esta manera, la variante alélica de mayor terneza de un marcador se identifica, por simplicidad, con (+), y la de menor terneza como (-). Por lo tanto, para cada marcador, un animal puede ser:

- homocigota para mayor terneza (++): posee dos copias de la variante más favorable)
- heterocigota (+-): posee una sola copia de la variante más favorable)
- homocigota para menor terneza (--): no posee ninguna copia de la variante más favorable)

Es así que, para cuatro marcadores, el animal con el genotipo más favorable en cuanto a terneza posee ocho variantes positivas (+):

calpastatina₂₉₅₉ [++] / calpaína₃₁₆ [++] / calpaína₄₇₅₁ [++] / calpastatina_{UoG} [++]

y el animal con el genotipo menos favorable no lleva signo positivo alguno:

calpastatina₂₉₅₉ [-] / calpaína₃₁₆ [-] / calpaína₄₇₅₁ [-] / calpastatina_{UoG} [-]

Dentro de estas dos formas extremas de terneza asociadas a cuatro QTL, existen distintas combinaciones que indican mayor o menor valor de fuerza de corte (a mayor fuerza de corte, menor terneza), de acuerdo a cómo se presenten estos cuatro marcadores moleculares en un reproductor (o genotipo) en particular. La diferencia entre los valores extremos, según los trabajos de validación realizados hasta la fecha, expresan hasta 1 kg en la fuerza del corte.

5.3 MARCADORES MOLECULARES PARA OTRAS CARACTERÍSTICAS

Como se mencionó, el uso de marcadores moleculares es más relevante en las características económicas que tienen baja heredabilidad, son difíciles de medir o se evalúan tardíamente en la vida del animal (caracteres medibles a la faena, pruebas de progenie para diversos caracteres). Para otras características de calidad carnicera, como el porcentaje de grasa intramuscular (veteado o marmóreo), la posibilidad de medir directamente el fenotipo por ecografía disminuye la importancia de los marcadores moleculares sobre ellas.

El grupo de marcadores para porcentaje de grasa intramuscular identifica la presencia de genes asociados con el veteado de la carne. La prueba está basada en las diferentes formas del gen de la tiroglobulina, enzima que influye sobre el patrón de diferenciación y multiplicación de las células grasas, a medida que se depositan en el animal. Estudios recientes han demostrado

que el grado de marmoreo o veteado, con una heredabilidad de 0,33 a 0,37, está asociado muy fuertemente al sabor y jugosidad de la carne y, por lo tanto, es determinante de su palatabilidad.

Los marcadores de calidad carnicera, combinados con información de DEP, posibilitan la toma de decisiones basada en información más precisa sobre la composición genética de cada animal. Esto último permite acortar significativamente el tiempo y número de generaciones para lograr resultados aplicables a un planteo ganadero.

Dentro de la selección asistida, los marcadores para terneza son los más utilizados, tanto en el exterior como en Argentina. Existen también, disponibles comercialmente, marcadores moleculares que miden otros caracteres difíciles de cuantificar por medio de otros métodos. Algunos de ellos involucran características de importancia económica, tales como eficiencia de conversión alimenticia, resistencia a enfermedades, etc., pero no son incluidos en esta Guía, dado que no existen hasta el momento validaciones suficientes en nuestro sistema de producción.

A luz de los conocimientos actuales, los marcadores moleculares explican sólo una fracción de la variación genética total o heredabilidad para los distintos caracteres. Sin embargo, cuando se carece de la posibilidad de medir o cuantificar dichas características directamente, el uso de esta tecnología puede resultar útil. El éxito para aislar los marcadores de los principales caracteres productivos ha sido limitado hasta el momento. Debido a que las características cuantitativas responden a la acción e interacción de muchos genes, el poder detectar varios de ellos resultará en una mayor utilización de la información molecular en los procesos de selección. Muy probablemente, en el futuro se observe un importante aumento del uso de la selección asistida por marcadores moleculares, a medida que la ciencia evalúe e integre los códigos de secuenciación del genoma bovino y relacione las causas con los efectos.

Cómo se llegó y sus aportes a los criadores

ESTA SECCIÓN REFERIDA A EVALUACIÓN GENÓMICA INTEGRA PARTE DEL NUEVO CONTENIDO DE ESTA EDICIÓN REVISADA Y AMPLIADA.

Dr. Horacio Guitou / Dr. Aldo Monti

Introducción**Breve historia de la Evaluación de los Reproductores**

Habrán observado importantes conceptos a tener en cuenta durante en la selección fenotípica reproductores en las juras de las exposiciones o en las cabañas, la cual se basa en una evaluación visual, es decir en una observación fenotípica (genética + ambiente) de los mismos, en base a ciertos rasgos que hacen a la funcionalidad y al valor comercial de ellos, como aplomos, pezuñas, largo de prepucio, testículos, cabeza, conformación, corrección de ubres, estándar racial, etc. Sin embargo, debemos reconocer que las reglas de las exposiciones llevan a una preparación de los reproductores, donde el ambiente ocupa un lugar, más allá de lo deseado y lo cual hace imposible predecir otras características de interés económico asociadas a la eficiencia reproductiva, precocidad de crecimiento, el rendimiento y la calidad de carne.

Por ejemplo, tenemos que aceptar, que nada puede decir un jurado sobre los problemas de parto que puede ocasionar un potencial reproductor, como tampoco sobre la fertilidad y la composición corporal que no es lo mismo que la conformación o sobre producción de leche, precocidad de crecimiento, rendimiento y calidad carnicera, entre otras características. Es decir siempre, es necesaria dicha selección visual pero está lejos de ser suficiente. La misma, desde hace muchas décadas “se complementa con medidas objetivas” de las características de interés económico. No se puede mejorar lo que no medimos en los controles de producción (pesadas, medidas, ultrasonido y scores asociados a fertilidad, docilidad, facilidad de parto, peche temprano, pezuñas, eficiencia, etc.

Difícil para un Jurado

Conformación ≠ Composición Corporal



Area de Ojo de Bife

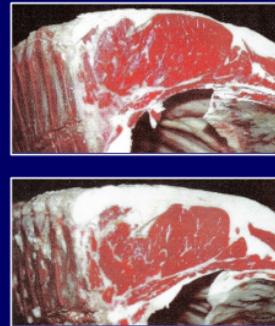
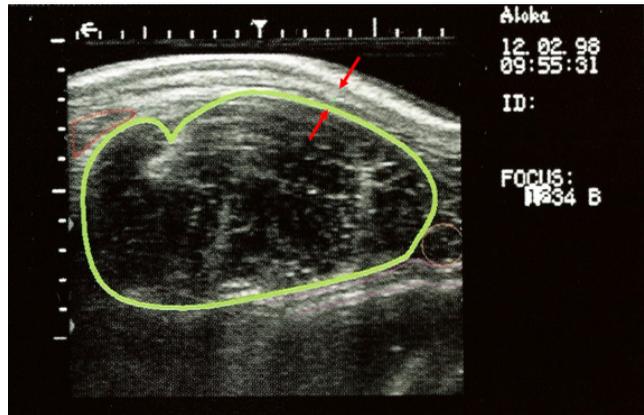
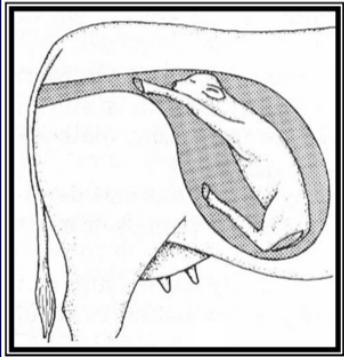


FIGURA A: PARTO NORMAL



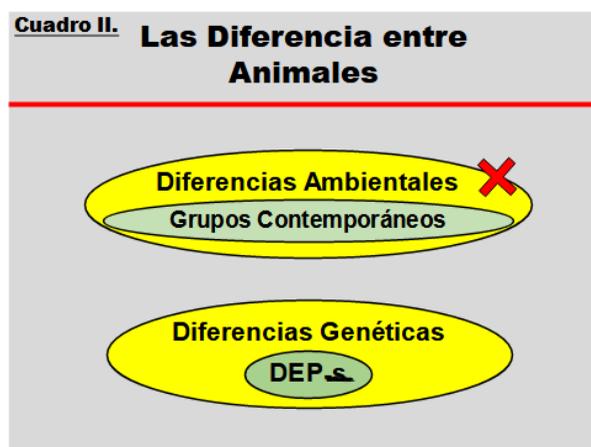
En la actualidad, existen medidas objetivas que deben complementarse con la evaluación visual. Eso ha hecho la Asociación Argentina de Angus desde el 1989 hasta el presente (2023), diseñar una toma de datos estricta en su programa E.R.A. en esa dirección.

Cuadro I. SELECCIÓN VISUAL (Siempre)

- ✓ Jurado – Cabañero – Criador
- ✓ Virtudes.....
- ✓ Pero no es Suficiente... !!!

DEP Clásicos

En 1973 dejan de usarse los índices de selección en bovinos por sus limitantes en hacer correctas comparaciones entre y dentro de cabañas y aparecen los DEP Clásicos. Desde 1989, los criadores llevan controles de producción (toma de datos) sobre los potenciales reproductores, basados en un protocolo diseñado por la Asociación que los nuclea, que permite no sólo hacer una comparación más amplia (poblacional), sino también una evaluación y selección más objetiva en base a DEP (Diferencia Esperada entre Progenies) de las características de interés económico. Dichos DEP tienen la ventaja de expresar puras diferencias genéticas entre reproductores, pues la metodología de cálculo corrige por conocidos efectos ambientales. Es decir, nos basamos en datos fenotípicos (genética + ambiente), pero eliminamos los efectos ambientales codificables que afectan a las características de interés económico, usando los grupos contemporáneos, que afectan a las características de interés económico y que enmascaraban verdaderas diferencias genéticas entre reproductores, generando así los conocidos DEP Clásicos, a través del programa E.R.A. como cualquier otro programa nacional de otra raza.



Angus en 1989, fue la primer Asociación en Argentina en bovinos de carne, en producir un Resumen de Padres. En 1989, comenzamos con 17 criadores y 10.000 reproductores.

A continuación, ilustramos qué son los DEP clásicos, los cuales se calculan con la metodología de los modelos mixtos, las cuales que generan predicciones de los DEP con propiedades estadísticas denominadas BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) haciendo uso de las genealogías, la cual a diferencia de los índices de selección, nos permiten realizar comparaciones correctas a través de dichas conexiones genealógicas entre los reproductores dentro y entre cabañas, eliminando los efectos ambientales y haciendo uso de las siguientes fuentes de información:



5.5

IMPLEMENTACIÓN DE LA EVALUACIÓN GENÓMICA

Población de Referencia

Sus Orígenes

En 1990 se comienza el proyecto del genoma humano (U.S. Department-National Institute of Health) el cual se finaliza, su primera versión en abril del 2003. En dicho mismo año, el National Human Genome Research Institute aprueba el proyecto del Genoma Bovino con un presupuesto U\$S 50.000.000 donde colabora el Baylor Collage of Medicine and Texas A&M. Una vez finalizado el genoma bovino eso permitió tener el mapa genético y empezar a trabajar por primera vez con la molécula esencial de la herencia, es decir el ADN (acido desoxirribonucleico) con lo cual se podía realizar el genotipado de cualquier reproductor e incorporar el mismo a las otras fuentes información (genealogías y datos fenotípicos) y realizar lo que hoy se llama evaluación genómica.

Previo a ello fue necesario buscar marcadores moleculares denominados SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) asociados a las características de interés económico. Es bueno explicar muy brevemente que, la molécula de ADN es una doble hélice formada por un azúcar (desoxirribosa, fosforo y cuatro bases: Adenina (A), Timina (T), Guanina (G) y Citosina (C). Las diferentes secuencias de las bases en cada reproductor son únicas y es lo que se denomina el código genético y es lo que causa las diferencias genéticas en todas las características de los reproductores.

Dentro del núcleo de cada célula, en un bovino se encuentran 30 pares de cromosomas dentro de los cuales se encuentra el ADN específico de cada reproductor. Un gen es una secuencia de bases de ADN. Se estima que hay entre 22.000 y 28.000 genes en los bovinos para carne. Calculándose que hay 3 billones de pares de bases (SNPs) en la cadena de ADN. Las diferentes secuencias de las bases en un reproductor son únicas y es lo que mencionamos como código genético y es lo que causa la variación o diferencia genética en todas las características entre los reproductores. Un marcador molecular (SNP) es un conocido par de bases heredable el cual está asociado con un particular gen. Es importante aclarar que un marcador molecular no necesariamente tiene que ser parte del gen que codifica para una característica pero si estar asociado a él, consecuente lo aporta cada marcador será diferente.

También, es importante recordar que las características cuantitativas están gobernadas por varios genes por lo cual son muchos los marcadores (SNPs) que hacen aportes a cada una de las mismas. Hay muchos SNPs que no son informativos o relevantes. Al principio, la tecnología de secuenciar el ADN de un reproductor usaba chips con pocos SNPs, llamados de baja densidad (200 SNPs) ahora para hacer evaluación genómica se usan chips con miles de SNPs por ejemplo 50.000 (es decir 50k), 75K, 100K, 640K o 770K, llamadas de alta densidad. Cada una unidad ejecutora de una raza tendrán que elegir la cantidad de SNPs que ellos consideren mejor. En el caso de la raza Angus, nosotros usamos el chip de 75K el cual fue especialmente diseñado para dicha raza. Esto será dinámico y lo que hoy es lo más adecuado, se irá reemplazado por chips cada vez más informativos.

**Cuadro V. BIOLOGIA MOLECULAR
ADN!!!**

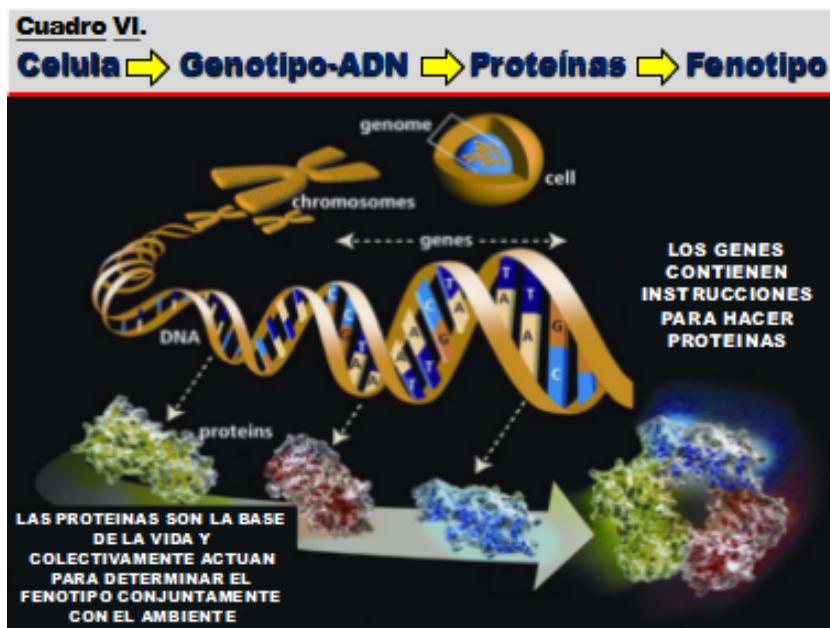
✓ **Trabajar con componentes del ADN:**

- Bases → SNPs
- Desoxirribosa
- Fósforo

✓ **Sólo cuatro Bases**

Adenina	≡	Timina
Citosina	≡	Guanina

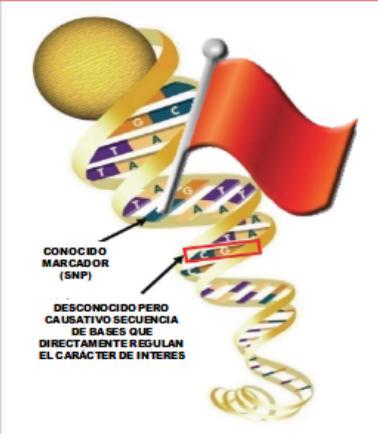
La Asociación Argentina de Angus, en el 2012, empezó silenciosamente a construir su “Población de referencia” o “training population”. Este es el primer paso, para poder implementar la evaluación genómica, consecuentemente desde dicho año hasta el 2019 inclusive, mandamos a genotipar muestras de ADN a GeneSeek (Neogen) de los reproductores que tenían DEP clásicos con más alta precisión, como es lo recomendable técnicamente. En el 2019, logramos tener 1982 reproductores en dicha población. A modo de referencia, la American Angus Association empezó en el año 2010, su evaluación genómica, partiendo de una población de referencia con 2200 reproductores con DEP Clásicos de alta precisión. Consecuentemente en el 2019, nuestra Asociación fue nuevamente la primera en el país, en producir DEP Enriquecidos por evaluación genómica, con esta nueva información que surge de los genotipados de los reproductores, obtenidos de muestras de ADN (sangre, bulbo piloso o semen) de la molécula esencial de la herencia. La importancia de la población de referencia propia es lo nos permitió y permite dar valor a los marcadores moleculares (SNP-Single Nucleotide Polymorphisms) asociados a las características de interés económico.



Cuadro VII.

Marcadores Genéticos (SNP)

“**Bandera**”
aproximada
ubicación de una
secuencia de ADN
que tiene un aporte
informativo sobre el
carácter



Michael Heaton, USDA.

Cuadro VIII.

Muestras de ADN



ANGUSGS
Powered by Neogen GenScan

AGI

DEP Enriquecidos

Más allá de lo expresado, la ventaja que tiene tener nuestra propia población de referencia es que permite que los DEP Enriquecidos sean todos comparables entre sí. Es lo mismo que ocurría con los DEP Clásicos. Los mismos son todos comparables entre sí, porque se comparan con la población de referencia del ERA, que engloba, la información fenotípica 674.810 reproductores, las genealogías y más de 17.000 genotipados, toda esta información es aportada por los 573 criadores adheridos a dicho programa, distribuidos en diez provincias.

Nuestra población de referencia, se va incrementando y recalibrando automáticamente a medida que entran más datos fenotípicos y más genotipados. Cuantos más datos fenotípicos y genotipados tengamos, más precisa será la evaluación genómica. A modo de ejemplo, la siguiente diapositiva muestra la evolución de genotipados en nuestra población de referencia a abril del 2023. Por lo que se ve, la vamos duplicando año a año.



Que Aporta al criador la Evaluación Genómica: Sus Ventajas

Básicamente son varias, en primer lugar nos permite hacer una evaluación precoz de los reproductores desde su nacimiento, sacando una muestra de bulbo piloso a contrapelo de la cola de los potenciales reproductores, mandarlo a genotipar y evaluar, en el caso de Angus en doce características que hacen a la eficiencia reproductiva, precocidad de crecimiento, rendimiento y calidad de carne, dado que muchas de las características asociadas a dichos objetivos ya las teníamos en nuestra población de referencia. No habiendo diferencia de género en la evaluación.

En segundo lugar en aquellas características que son difíciles y costosas de medir asociadas a eficiencia de conversión, como consumo de materia seca individual y consumo residual nos permite y desafía a recolectar datos para formar una “población de referencia”, lógicamente con una menor cantidad de reproductores y de esa forma estimar el valor de los SNPs asociados a características relacionadas a eficiencia de conversión. En esto no hay magia, no se puede mejorar lo que no se mide. La genómica en este sentido, si bien el formar la población de referencia para esta característica es importante, llevara tiempo, es el camino más corto. Koch ya en 1963 lo propuso e indico que la manera se selecciono por mayores pesos, nos llevo a incrementar el tamaño, los gastos de mantenimiento y los costos de producción, afectando la eficiencia reproductiva. Puntualizando también, que el uso del cociente entre el consumo y la ganancia (C/G) no ha sido la solución y pues tiene los mismos efectos negativos mencionados.

En la actualidad la American Angus a través de algunos años, ha logrado formar una población de referencia (25.115) para características asociadas a eficiencia de conversión y en base a la misma ha logrado evaluar por genómica 1.293.259 reproductores, sin datos. Este tema se tratara en profundidad en otro modulo, pero muestra el aporte de la genómica en esta y otras característica difíciles de medir como longevidad.

A su vez la evaluación genómica permitió discontinuar los cálculos de los DEP de Pedigree los cuales tenían bajísima precisión y por ende ningún valor de predicción. Más aun todos los

animales nacidos por TE (FIV y MOET), son evaluados por sus genotipados, pues en el caso de los FIV, sus datos propios de peso al nacer no pueden usarse por el efecto aleatorio que la técnica genera no solo en los pesos al nacer sino también en los pesos al destete. Además, las crías nacidas MOET, al genotiparse las mismas, se elimina el efecto diferencial de receptoras en la alimentación intrauterina y la producción de leche. Es decir todos los potenciales reproductores generados por TE deben genotiparse, logrando una mejor evaluación, al no usarse sus propios datos fenotípicos que afectaban la evaluación.

Cuadro X.

Ventajas
Posibilidad de Seleccionar



- ✓ **Población de Referencia Propia!**
- ✓ **Precozmente reproductores**
- ✓ **No hay diferencia de genero!**
- ✓ **Características Dificiles de Medir**
 - **Consumo Individual. "Eficiencia de Conversión" (RFI)**
 - **Longevidad**

Cuadro XII.

Algo Mas...
Posibilidad de Evaluar



- ✓ **Crías Nacidas por FIV**
- ✓ **Crías Nacidas por TE**
- ✓ **Descontinuar los DEP de Pedigree**
- ✓ **Nuevas Características**

Verificación de Parentescos otra ventaja en el uso de los SNP

La Asociación Argentina de Angus que integra el Secretariado Mundial Angus (WAS) celebrado en el 2013 en Zelanda, se comprometió a comenzar hacer la migración para verificar parentescos de STR (microsatelites) a SNPs. Al nivel internacional las Asociaciones que ya migraron son la American Angus Asociación (2012), la Angus Society of Australia (2012), la Canadian Angus Association (2012) y la New Zelanda Angus Association, entre otras. En el caso de la Asociación Argentina de Angus comenzó en el 2015 de una forma muy lenta. Sin embargo, el proceso se acelero porque ahora todo cría nacida a partir del 1° de marzo del 2021 tiene que tener su perfil de parentesco en SNPs. Las razones que a nivel internacional se tomo esa decisión, es porque los perfiles de SNP minimizan los errores humanos, son más fáciles de automatizar y estandarizar entre laboratorios (Heaton, 2002, USDA), son más económicos para el criador que los STR y la migración favorece el intercambio de germoplasma entre los países. La verificación de parentesco de los animales de pedigree continúa haciéndola la S.R.A. pero por SNP.

Dicha secuencia de SNPs son de baja densidad, alrededor de 200 aproximadamente. Sin embargo, a nivel internacional ya se usan alrededor de 500 SNPs, esto es el caso de la American Angus, la Angus Society of Australia, la Canadian Angus Assotiacion y la New Zelanda Angus Association entre otras. El agregar más SNPs se direcciona a una mejor verificación de los parentescos.

Estudios de ADN

Otro Aporte de genes simples

Nuestra Asociación, a través de su servicio de Evaluación Genómica Angus, además de ofrecer a sus socios el genotipado de alta densidad (con el chip específico AngusGS, de 75K) de sus animales PPy PC, también les brinda el servicio de análisis de ocho condiciones genéticas (y sus respectivas mutaciones o variantes), de suma importancia para identificar si hay animales portadores de las mismas. Cabe mencionar que, desde el 1° de enero de 2018, los toros que se quieran inscribir como dadores en la Sociedad Rural Argentina tienen que estar analizados en dichas condiciones genéticas (y sus respectivas mutaciones), así como también las hembras a inscribir como donantes en esa entidad, nacidas a partir del 1° de enero de 2021. Para el semen, embriones y animales en pie importados, los mismos previo a entrar al país, deben ser libres es decir no portadores de las condiciones reguladas. Todos los estudios son hechos por GeneSeek (Neogen).

Dichas condiciones genéticas y sus correspondientes mutaciones, a hacer analizar por esta Asociación, son:

- AM (artrogriposis múltiple)
- NH (hidrocefalia)
- CA (aracnodactilia contractural)
- OS (osteopetrosis)
- DW (enanismo), con la siguiente mutación: D2 ó PRKG2
- DD (desarrollo duplicado)
- DM (doble músculo), con las siguientes mutaciones: NT821 - Q204X - C313Y - E226X - E291X - NT419 - D182N - F94L - S105C
- MAN (alpha manosidosis)

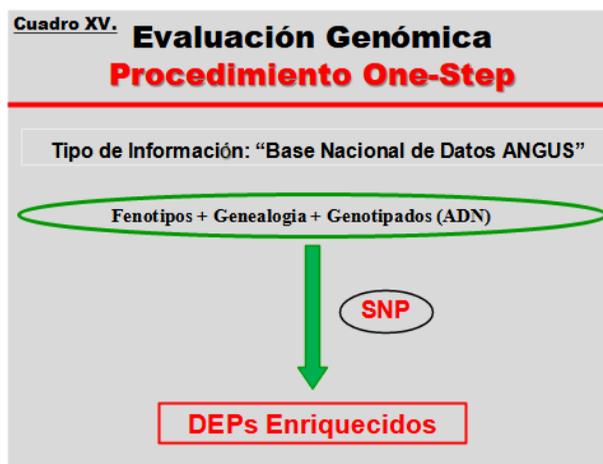
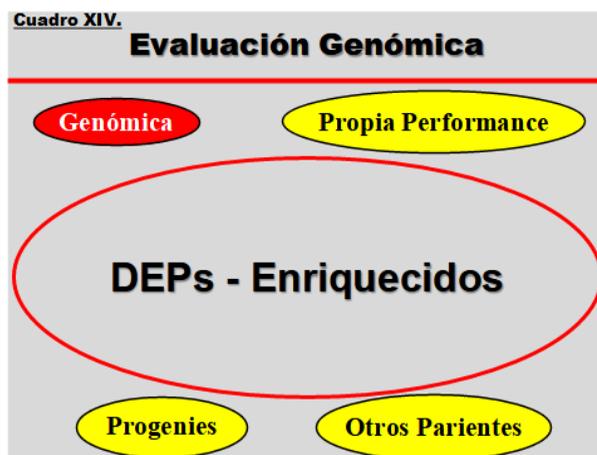
CONCLUSIONES

Los criadores se están dando cuenta de las ventajas de la evaluación genómica a través del uso del genotipado de la molécula de ADN, propia de cada reproductor. Es decir, de cada reproductor ahora es posible, a través de una muestra de bulbo piloso o sangre, extraer su ADN a una edad muy temprana (previo a la toma de datos fenotípicos), mandar dicha muestra a la Asociación, para genotipar la misma en GeneSeek (Neogen) para incluir el genotipado a la Base de Datos Angus del programa E.R.A. y obtener una evaluación precoz de cada animal, en base a DEP Enriquecidos.

Debemos recordar que todas las diferencias genéticas que hay entre individuos se deben a las diferencias existentes por el ADN (genotipado) de los mismos, el cual es único en cada animal. Los genes son porciones de ADN y la mayoría de las características de interés económico están gobernadas por un grupo de genes específicos (porciones de ADN).

La posibilidad de trabajar con la molécula esencial de la herencia (ADN), es de gran relevancia, pues nos permite tener una evaluación precoz de potenciales reproductores que aún no tienen datos provenientes de su control de producción (pesadas, medidas, ecografías, scores) y hacer una selección a una edad más temprana de destacados toritos y vaquillonas de reposición, lo cual hace bajar el intervalo generacional y maximiza el progreso genético.

En consecuencia, esto nos da la oportunidad de enriquecer la base de datos que generaba los DEP Clásicos con esta información extra y obtener los DEP Enriquecidos por información genómica. Esta denominación, implica que se usan tres fuentes de información. Es decir procesamos simultáneamente tanto la información proveniente del ADN (genotipado), de los datos fenotípicos y genealógicos, aumentando la Precisión de la evaluación. Toda esta evaluación, ahora puede hacerse en forma conjunta en un sólo paso (one-step). El cambio en las fuentes de información que generan los DEP Enriquecidos, están ilustrados en los siguientes cuadros:



Si bien la American Angus Association inició la evaluación genómica en el año 2010, en julio de 2017 hizo un cambio metodológico, evaluando, como fue mencionado, toda la información simultáneamente o conjuntamente (datos fenotípicos, genotipados y genealogía) en un sólo paso (one-step), procedimiento que usamos en nuestra Asociación (ver Apéndice)

El estudio de condiciones genéticas y los avances permanentes de los investigadores al identificar los genes simples que los generan es un gran aporte para todas las razas para impedir que los mismos se expandan en las razas argentinas. La migración de STR a SNPs para verificar parentescos aporta a tener genealogías cada vez mejor evaluadas.

APENDICE ECUACIONES:

A continuación pueden ver las ecuaciones que se usan para los DEP Clásicos, DEP Moleculares (no usan información fenotípica) y al final las ecuaciones que actualmente usamos para predecir por evaluación genómica los DEP Enriquecidos o genómicos. Estas últimas, usan la información fenotípica, los genotipados y las genealogías, la más completa.

<p>Evaluación Genética DEP Clásicos</p> <hr/> $\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + \alpha A^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$ <p>"A" Matriz de parentesco (pedigree - IBD)</p>	<p>Evaluación Genómica DEPs Moleculares</p> <hr/> $\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + G^{-1}\lambda \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$ <p>"G" Matriz de parentesco basada en genotipados</p>
<p>Evaluación Genómica One Step (Single Step)</p> <hr/> $\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + H^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \end{bmatrix}$	<p>Evaluación Genómica One Step (cont.)</p> <hr/> $H^{-1} = A^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & G^{-1} - A_{22}^{-1} \end{bmatrix}$ <p>Donde</p> <ul style="list-style-type: none"> ✓ A⁻¹ Relaciones de parentescos ✓ G⁻¹ Relaciones de parentescos por genotipados

Evaluación Genómica One Step (cont.)

$$\mathbf{H}^{-1} = \mathbf{A}^{-1} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{G}^{-1} - \mathbf{A}_{22}^{-1} \end{bmatrix}$$

Donde

- ✓ **A⁻¹** Relaciones de parentescos
- ✓ **G⁻¹** Relaciones de parentescos por genotipados

Eficiencia de conversión y medición de consumo individual

Los aportes de la genómica para esta característica difícil de medir y de alto impacto económico.

Glosario

CMS = DMI: Consumo Real de Materia Seca o Dry Mater Intake.

CE: Se calcula usando una regresión múltiple (ganancias de peso y pesos metabólicos).

CR o RFI (Consumo Residual o Residual Feed Intake): CSM (real) – CE (consumo estimado).

(*) Más detalles (revistas ANGUS 289-Septiembre 2021 y 290 del 2022)

Algunas preguntas y respuestas

A continuación trataremos de responder, las preguntas más frecuentes que actualmente se hacen los criadores, respecto de esta nueva herramienta: la evaluación genómica.

¿Qué son los DEP Enriquecidos?

Los DEP Clásicos provienen solo de la información fenotípica que nos brindan los controles de producción (pesadas, medidas, ecografías, scores) y de las genealogías que están en la base de datos del Programa ERA. Si a esa información fenotípica le agregamos la información de los genotipados de los reproductores, la base de datos se enriquece por esa información molecular (ADN). Es decir, tenemos más fuentes de información para evaluar cada animal y de ahí surge el nombre de DEP Enriquecido por información molecular (ADN). Enhanced-EPD es el nombre que usa la American Angus Association. DEP Enriquecidos, Enhanced-EPD y DEP Genómico, son sinónimos.

Entonces si tienen más información, van a tener de mayor precisión?

Si, los DEPs Enriquecidos calculados en base a información fenotípica, genealógica y de genotipados, tendrán una mayor Precisión que el DEP clásico que se basaba solo en información fenotípica y genealógica, pues se aumenta la cantidad de información usada en su predicción. La evaluación genómica nos permite usar todas las fuentes de información disponibles. A su vez, ya con el genotipado del potencial reproductor recién nacido, si está conectado genealógicamente con nuestra base de datos, le damos un DEP Enriquecido, para poder hacer una selección precoz, dado que aún no está en una edad de obtener sus propios datos fenotípicos. Los DEP Enriquecidos tienen su máximo aporte en la selección precoz y en las características difícil de medir (eficiencia y longevidad).

Entonces los DEPs Enriquecidos que produce la American Angus Association son todos comparables entre sí?

Correcto, los DEP Enriquecidos (Enhanced-EPD) que produce la American Angus Association son todos comparables entre sí. Sin embargo, no son comparables con los DEP Enriquecidos o Genómicos que producen otras asociaciones Angus, como la Sociedad Australiana de Angus, pues la base de comparación es propia de cada Asociación. No se pueden ni deben compararse los DEP Enriquecidos entre distintas Asociaciones pues provienen de distintas bases de datos Angus.

Son comparables con los DEPs Enriquecidos que están ofreciendo algunas empresas comerciales Americanas?

En primer lugar esas empresas no producen DEP Enriquecidos, producen DEP moleculares solo proveniente del genotipado del ADN. Mientras que los DEP Enriquecidos tienen tres fuentes de información: Fenotípica, Genealógica y Genotipados y son referenciados con respecto a la población de referencia propia de cada asociación y país. Dichas empresas comerciales usan una población de referencia comercial, propia. Que quede claro, no es la población de referencia de la American Angus Association o tra asociación. Por tal motivo, los DEP moleculares que ellos calculan nunca crecerán en precisión, pues no usan ni la genealogía ni los datos fenotípicos de los animales. Siendo la precisión una constante para todos sus clientes.

La toma de datos fenotípicos en el campo (control de producción) y su envío al ERA, ¿será reemplazada por la toma de muestras de ADN para producir los DEP Enriquecidos y, en consecuencia, dichos datos no serán necesarios?

La toma de datos fenotípicos permanece tan importante como siempre. Como fue mencionado, la evaluación genómica se nutre de relacionar los genotipados de alta densidad (HD), producto

de las muestras de ADN, con los datos fenotípicos (propios y de parientes) haciendo uso de las genealogías. Si no existen datos fenotípicos, no existe la evaluación genómica. Cuanto más cantidad y calidad de datos fenotípicos tengamos, mejor será la evaluación genómica. En consecuencia, no hay que discontinuar los controles de producción (pesadas, medidas, ecografías, scores) nunca!

Aun más, los reproductores jóvenes evaluados **“solo por información proveniente del genotipado”** sirven para filtrar y seleccionar precozmente los mejores reproductores, previo a las pruebas de progenies, pero su precisión tiene un techo, de acuerdo a cada características evaluada. Los mejores reproductores seleccionados, incorporaran los datos fenotípicos de sus controles de producción para lograr una evaluación con más alta precisión (genotipados + datos fenotípicos + genealogías). Los destacados y seleccionados serán los que irán a reconocidos centros de inseminación o como reposición en los planteles

En resumen, los controles de producción que continuaremos recibiendo en el ERA se enriquecerán con las muestras de sangre o bulbo que ya estamos recibiendo desde el 2019, para extraer ADN y enviar a hacer los genotipados de Alta Densidad (75K AngusGs). Nunca se deben discontinuar la toma de datos fenotípicos. Más datos fenotípicos y genotipados, mejor la evaluación genómica y la precisión de los DEP Enriquecidos.

Hay empresas privadas americanas que están confundiendo a los criadores de nuestro país y dicen que ya no es necesario la toma de datos?

Tendrán que hacerse cargo de su ignorancia académica. Eso no lo dirían en su propio país. Pues la comunidad académica de su propio país los destrozaría. El único atenuante es que son personas de marketing. Cuando vino el Dr. Dan Moser a dar una conferencia sobre evaluación genómica, en la Asociación Argentina de Angus, expreso claramente y enfáticamente que nunca los controles de producción fenotípicos deben discontinuarse porque son la base de la evaluación genómica. Aquel criador que deje de tomar datos perderá una información esencial para afrontar el futuro. Esta no es solo una opinión del Dr. Dan Moser, sino de todos los académicos que trabajan a nivel internacional y nacional, en evaluación genómica. Como fue mencionado, los DEP Enriquecidos se basan en varias fuentes de información provenientes de las datos poblacionales que posee una Asociación de criadores: la base de datos fenotípicos (propios, de progenies y de parientes), la base de genotipados (propias y de parientes) y la base de las relaciones de parentescos (genealogías) que conforman el archivo de una Asociación. Del uso simultáneo de toda esa información surgen los DEP Enriquecidos, los cuales, en este escenario, son todos comparables entre sí, dentro de una Asociación.

¿Qué ventajas tiene tener nuestra propia “training population”?

Muchísimas, pues es lo que permite que los DEP Enriquecidos sean todos comparables entre sí. Los mismos son todos comparables entre sí, porque se comparan con la población de referencia del ERA, que engloba la información fenotípica (634.810 reproductores) que aportan los 553 criadores adheridos a dicho programa, distribuidos en diez provincias. En 1989 comenzamos con 17 criadores y 10.000 reproductores.

¿Es necesario seguir incrementando nuestra “training population”?

Sí. Cuantos más reproductores tengamos, más precisa será la evaluación genómica. A modo de ejemplo, la siguiente diapositiva muestra la evolución de la “training population” de la American Angus Association:

Población de Referencia CALIBRACIÓN (EEUU)		
Calibración	Animales	Porcentaje
2010	2.200	+ 89%
2012	11.700	
2013	38.000	
2014	57.000	
2015	108.000	
2016	219.849	
2017	406.033	
2018	542.604	
2019	750.000	
2022	1.000.000	

Fuente: **American Angus Association 2022**

El uso de la metodología “one-step”, aplicada en la American Angus Association, permite a dicha entidad que la validación o calibración se haga automáticamente, a medida que entren nuevos reproductores jóvenes genotipados y “corran” los programas de evaluación genómica. Este es un gran avance, pues al recalibrarse semanalmente, hay menos saltos en la evaluación de reproductores. Esos cambios de ranking eran más frecuentes cuando se hacían anualmente. El volumen de información que ellos procesan les permite estos avances. Pero hay que tener en cuenta que ellos tienen unos 1.240.000 reproductores genotipados (2023) y 10.200.000 de reproductores con pesos de destete (fenotipos) en su actual base de datos, para poner algunos números.

Consecuentemente, el gran incremento de datos fenotípicos y genotipados de la Asociación Argentina de Angus, nos permite ir recalibrando y consolidando nuestra propia población de referencia dado que también usamos el procedimiento one-step. Destacando también que ahora nuestras evaluaciones mensuales. Debido a la demanda de los criadores.

M.V. María Calafé

La genética ha desempeñado un papel fundamental en la mejora de la producción animal y la selección de características económicamente relevantes en el ganado bovino. En este sentido, la Asociación Argentina Criadores de Hereford en conjunto con la American Hereford Association, Canadian Hereford Association y Sociedad Hereford del Uruguay (Grupo Panamericano) han adoptado una evaluación genómica de avanzada para impulsar el progreso genético en la raza a través del aumento de la precisión de las estimaciones de la evaluación genética (EG), promoviendo de este modo una productividad cada vez más eficiente y rentable.

ALGO DE HISTORIA

La Asociación Argentina Criadores de Hereford, atendiendo las necesidades de sus criadores y siguiendo la tendencia mundial, se ha concentrado en los últimos años no sólo en proveer una evaluación genética de la más alta calidad sino también en impulsar el desarrollo de la primera Evaluación Hereford Multinacional, junto a Estados Unidos, Canadá y Uruguay: **“EVALUACION GENETICA HEREFORD PANAMERICANA (PANAM)”**. La PANAM fué desarrollada por el AGBU (Animal Genetics and Breeding Unit) y ejecutada por el ABRI (Agricultural Business Research Institute), ambas instituciones australianas pioneras en investigación y desarrollo en Mejoramiento Genético Animal de distintas especies animales. El esfuerzo conjunto de técnicos de los países que conforman la PANAM junto a científicos de las unidades desarrolladoras y ejecutoras de dicha evaluación, llevó en el año 2009 a realizar la primera corrida de la EG de mayor impacto en términos de eficiencia a nivel mundial.

La PANAM es la primera Evaluación Genética en el mundo, que incluye animales provenientes de distintos países y regiones. Es importante remarcar que la raza Hereford ha sido pionera en este tipo de investigación, llevándose a cabo desde el año 2004 y liderada por el AGBU.



EVALUACION HEREFORD PANAM

✓ Lenguaje común entre países



✓ **Comparación** directa de resultados entre los países

✓ **Decisiones objetivas** y exactas p/elegir un reproductor extranjero

✓ Importante aumento del **número de animales** evaluados

✓ Mayor **pool genético** para la selección de reproductores

✓ Mayor nivel de **conexión** entre las poblaciones

✓ Mayor **precisión** en los datos obtenidos

✓ **Investigación y desarrollo**



Desde la implementación de la PANAM (2009), se fueron incorporando nuevos caracteres a evaluar (Facilidad de Parto Directa y Maternal, Peso de Vaca Adulta) que se suman a los tradicionales (Peso de Nacimiento, Peso Destete, Peso al Año, Peso Final, Leche, Leche y Crecimiento, Circunferencia Escrotal, Área de Ojo de Bife, Grasa Dorsal y % de Grasa Intramuscular). Paralelamente, se llevaron a cabo desarrollos de nuevos modelos analíticos, softwares específicos y avances tecnológicos que hacen de las EG procesos dinámicos que se van perfeccionando conforme surgen nuevas investigaciones.

Registros Productivos Evaluación PANAMERICANA 2022

	PANAM 2022*
Pesos Nacimiento*	4.5M
Pesos Destete *	5.2M
Pesos al Año *	2.7M
Circunferencia Escrotal	295.156
Ecografía AOB-Grasa-%GI	390.543
Puntajes de Facilidad de Parto	4.378.2073
Pesos Vaca Adulta	540.549

TOTAL: 7.476.630 AE

PADRES: 338.011

MADRES: 2.515.940

GENOTIPOS: 162.800

* Directo y maternal

*Evaluación Panam Jun. 2022

A partir del análisis de esta información se evaluaron genéticamente a más de 7.4 millones de animales.

CAMINO HACIA LA EVALUACION GENOMICA

En la última década se han incorporado numerosos progresos en las evaluaciones genéticas, parte debido a la investigación y desarrollo de nuevos modelos y parte al acompañamiento de la tecnología que permite el procesamiento de millones de datos en conjunto.

Quizás el mayor progreso en términos de impacto directo en los resultados, es la incorporación de la “Información Genómica” dentro de la Evaluación Genética.

La molécula de ADN brinda una gran cantidad de información sobre los caracteres productivos que, una vez incorporada en los cálculos de la Evaluación genética, permite obtener DEP más precisas, lo que conocemos como “**DEP MEJORADAS**” (*Enhaced EPD*).

Sin embargo, la incorporación de la información genómica dentro de la base de datos no ha sido sencilla. En primer lugar y a medida que se fue “desglosando y traduciendo” la información contenida en el ADN, los estudios de investigación concluyen que los marcadores (**SNP** – *Single Nucleotide Polimorfism*) no se comportan de la misma manera entre distintas razas, incluso dentro de una misma raza entre distintas poblaciones. Es por ello que para cada población en la cual se quiere incorporar la tecnología genómica, es necesario hacer un estudio de investigación previo y verificar cómo se comportan los distintos marcadores en conjunto con los distintos caracteres dentro de dicha población. Por lo tanto, el primer paso para el desarrollo de una Evaluación Genómica es la conformación de una “**Población de Prueba**” (Training Population) que permita determinar con la mayor exactitud posible la interacción entre los marcadores

moleculares y las características productivas. Para ello, la Población de Prueba o Referencia, se conforma con animales cuyos resultados de evaluación genética (DEP) son tan precisos que podría decirse son prácticamente los valores de cría para esas características. A esos individuos se les analiza el genoma y finalmente se desarrollan las “Ecuaciones de Predicción” que serán utilizadas en el análisis de los genotipos que se van incorporando a la EG.

Luego de evaluar distintas estrategias, la decisión de la raza Hereford como Grupo Panamericano en el año 2011, fue la de comenzar con una línea de investigación conformando una población de animales (Training Population o Población de Prueba) que represente las poblaciones de los cuatro países que forman parte de la Evaluación Genética Panamericana. Esta decisión se basó en pruebas, experiencias y estudios publicados anteriormente que demuestran que las predicciones genómicas desarrolladas en una raza determinada no tienen habilidad predictiva sobre el resto de las razas y a su vez, dentro de cada raza, están directamente relacionadas con la población de referencia. Los animales que formaron parte de la “Población de Prueba” contaban con información de genealogía y resultados de Evaluación Genética (DEP) con altos niveles de precisión. En base a estos datos y conjuntamente con su genotipo previamente analizado (50.000 SNP), se generaron las ecuaciones de predicción.

Una vez generadas las ecuaciones de predicción, el segundo paso del proyecto contempló la **validación** de las mismas. Este es un paso fundamental en el desarrollo de la evaluación del genoma, dado que estima la confiabilidad con que las ecuaciones predicen el Valor de Cría o las DEP. Esta población estuvo conformada por animales provenientes de una población distinta a la original (siempre del Grupo Panamericano) que también contaban con información genética de alta precisión. A estos toros se les analizó el genotipo mediante el test de 50.000 SNP y se calculan los Valores de Cría Genómicos (o MVB por Molecular Breeding Values). Una vez obtenidos los resultados y junto con la información genética de los reproductores, se evaluó la confiabilidad de las ecuaciones de predicción sobre el Valor de Cría, o dicho de otra manera, cuan bien o en qué magnitud predicen a las DEP o los Valores de Cría. (Fig. 1)



Paralelamente con el estudio del genoma en conjunto con el cálculo de las ecuaciones de predicción y la verificación de su confiabilidad, el equipo Panamericano estudió la forma de incorporar estos resultados dentro de la Evaluación Genética Panamericana, con el objetivo de obtener DEPs mejoradas.

Sin embargo, la capacidad para maximizar los beneficios de la información obtenida por estos desarrollos se ha visto afectada por los programas utilizados para calcular las DEP, básicamente porque fueron desarrollados previo al surgimiento de las nuevas tecnologías, lo que produjo un desfase temporal entre ambas técnicas al no contar con la capacidad necesaria para procesar el gran volumen de información.

La introducción en la era genómica implica un complejo desafío, fundamentalmente por la cantidad de información que provee esta tecnología para calcular el mérito genético, sumado a los miles de cálculos necesarios para obtener las DEP Mejoradas y el aprovechamiento de todo ese potencial que trae consigo la información.

En un primer momento la inclusión de la información genómica se realizó de la siguiente manera: una vez realizada la evaluación genética tradicional aplicando el modelo BLUP se incorporan los datos genómicos en forma de Valor de Cría Moleculares (MBV) para cada una de las características, creando un índice que combina los resultados de BLUP y del análisis genómico, conocida como metodología Multi Step o de múltiples pasos (VanRaden, 2008; VanRaden et al., 2009).

Esfuerzo, investigación, ajustes de modelos y trabajo conjunto, permitieron que en el año 2015 la raza Hereford en Argentina publicara el Primer Sumario de Padres con Evaluación Genómica en el país (Fig. 2).



Fig. 2. Evaluación Genética Panamericana: Publicación DEP mejoradas con información genómica en las Asociaciones de Criadores Hereford.

La metodología de múltiples pasos presentaba algunos inconvenientes tales como limitar la “extracción” del máximo potencial que aporta el ADN y la información resultante de los MBV no influía en el pedigree del animal en forma integral.

Con el objetivo de resolver estos inconvenientes, sumado a la necesidad de producir EG más precisas y con mayor frecuencia, se desarrollaron nuevas metodologías de análisis que implican un **Solo Paso (Single Step Analysis)** en la incorporación de las distintas fuentes de información (incluyendo la genómica).

En ese sentido, se han desarrollado distintos enfoques para el análisis de un solo paso incorporando los resultados del ADN en las EG con algunas diferencias metodológicas y computacionales entre ellos. Ejemplo de ello Misztal et al. (2009) y Aguilar et al. (2010) desarrollaron un modelo que combina animales genotipados y no genotipados en el mismo análisis sobre la base de matrices de relación de pedigree y genómicas y sus inversas. Luego, Fernando et al. (2014) y Garrick et al. (2014) presentaron un algoritmo de cálculo alternativo para el mismo modelo que da idénticas DEP genómicas mejoradas pero tiene propiedades computacionales

diferentes. Este último enfoque de un solo paso, llamado **Modelo Híbrido** o **Modelo de Efecto de Marcadores (MEM)**, proporciona soluciones para los efectos de los marcadores y los errores de imputación para animales no genotipados, en lugar de proporcionar directamente las DEP. Tiene ventajas computacionales sobre el de Misztal et al. (2009) en el sentido de que no requiere ninguna matriz inversa grande y tiene la capacidad de aplicar métodos de selección de marcadores como Bayes C (u otras formas del alfabeto bayesiano). La aplicación de un enfoque de selección de marcadores dio lugar a un aumento sustancial de la precisión de las predicciones a partir de la misma cantidad de datos genotípicos. Luego, un modelo superador que presenta una formulación alternativa del Mixed Model Equations (MME), llamado **Super Hybrid Model (SHM)** desarrollado por Fernando, et al. (2016) cuya ventaja principal es la de los nuevos MME son aún más fáciles de ensamblar y resolver que los del Modelo Híbrido tradicional.

EVALUACION GENÓMICA EN LA RAZA HEREFORD

La Asociación Argentina Criadores de Hereford en conjunto con el grupo Panamericano, incorporan el Modelo de **Efecto de Marcadores (MEM o MME)** en su EG y su posterior actualización **Super Hybrid Model (SHM)**. Este modelo tiene la capacidad de evaluar los marcadores según su influencia en una característica (subconjunto de marcadores) descartando aquellos marcadores que no proporcionan información. Esto es realizado con cada reiteración del cálculo que estima la DEP.

Este modelo incluye explícitamente efectos aleatorios para los distintos marcadores genómicos (SNP). Teniendo como premisa que en las evaluaciones genéticas la gran mayoría de los animales que forman parte de la base de datos no han sido genotipados, el SHM tiene la capacidad de evaluar los animales genotipados y predecir los efectos de los marcadores en los animales no genotipados, mediante la imputación de sus genotipos a partir de sus parientes genotipados mediante regresión.

Una de las ventajas de utilizar subconjuntos de marcadores (MEM/SHM) es la mejora de la velocidad de cálculo. Dado que el objetivo es producir semanalmente EG (American y Canadian Hereford), el aumento de la velocidad permite el uso de modelos y métodos más sofisticados y el empleo de configuraciones de hardware respetando la precisión de las predicciones.

Siguiendo este camino, con la información genómica incorporada en la evaluación genética y con desarrollos tecnológicos que permiten al criador desarrollar programas ganaderos de precisión, el Grupo PANAMERICANO incorpora en el análisis de los datos la tecnología **BOLT** (Biometric Open Language Tools). Este software desarrollado por Bruce Golden y Dorian Garrick, co-fundadores de la Compañía Theta Solutions, el más sofisticado y avanzado en su clase, irrumpe en la era de la ciencia y tecnología con importantes avances en materia de Evaluaciones Genéticas.

Este programa permite realizar el análisis de grandes Bases de Datos tal el caso de la Evaluación PANAMERICANA (~7 millones) o del Grupo International Genetic Solutions (IGS), un consorcio de investigación formado por 12 Asociaciones de Criadores de distintas razas en USA y Canadá y cuya Base de datos, la más grande del mundo, cuenta con más de 17 millones de animales.

La combinación del BOLT con un hardware de última generación y la utilización de la herramienta Graphic Processing Units (GPU), originalmente diseñada para la industria de los juegos de azar, crea un avance revolucionario en cuanto a la capacidad de procesamiento, comparada con la tecnología tradicional. Un ejemplo de la potencia de estas GPU combinadas con el software BOLT, es su habilidad para resolver cálculos tradicionales de DEP en 24 minutos cuando normalmente esos cálculos tardaban 24 horas, con una programación muy innovadora que permite que varios GPU resuelvan un problema de manera simultánea.

El software BOLT incorpora todos los marcadores moleculares de cada animal directamente en el programa, de manera similar al modo en que se agregan los datos productivos como el Peso al Nacer. La información genómica se incorpora directamente en el cálculo del mérito genético del animal testeado así como en todos los animales que figuran en su genealogía (padres, madre, progenie, abuelos, etc.). Este avance proporciona a los productores los medios necesarios para maximizar el retorno de su inversión en pruebas de ADN.

Los distintos modelos Single Step que incorporan información genómica, mejoran significativamente la precisión de las predicciones genéticas a través de dos vías: mediante la incorporación de una fuente extra de información (genoma) y trazando con mayor exactitud la red de parentescos. Las precisiones de las DEP han sido siempre estimaciones de la precisión real que se obtiene usando un método BIF (Beef Improvement Federation). Son datos estimados, dado que su cálculo era un problema informático para los softwares como para los hardwares existentes hasta el momento. Estas precisiones estimadas por el BIF tienden a sobreestimar la precisión de las predicciones genéticas en todas las razas, en especial en el caso de animales jóvenes. La combinación del uso del BOLT y modelo SHM mejora esta precisión ya que permite calcularla en forma directa en vez de predecirla, evitando así sobreestimaciones y sesgos en los cálculos. Por primera vez para las razas de carne, la precisión de los datos de la EG será calculada en lugar de ser estimada, usando el Programa BOLT y el hardware GPU.

Evaluación Genómica Hereford actual



- 2019: Migración a **SINGLE STEP EVALUATION** (ssGBLUP)
 - Con modelo de Efectos de Marcadores
 - Grupo de marcadores que mejor capturan efecto sobre la característica
 - Tecnología BOLT
 - SW sp manejo de grandes bases de datos, matrices y solución de ecuaciones para generar resultados. Cálculo directo de la precisión
 - International ID
 - USA y Canadá: Dic. 2017 / **Argentina y Uruguay: Julio 2019**

D. Garrick, B. Golden et al. (2016)

Conclusiones

Existe aún un largo camino en la identificación de variantes causales que explican mejor la variación genética ligada a los marcadores, sin embargo los paneles actuales de marcadores genómicos han demostrado su eficacia para mejorar la EG.

La incorporación de la información genómica (50.000 SNP u otros chips) en las Evaluaciones Genéticas requiere unificar esfuerzos: criadores, centros de inseminación, asociaciones de criadores, instituciones académicas y tecnológicas que puedan analizar y procesar toda la información en forma eficaz. Su aplicación de manera correcta permite acelerar los procesos de selección (selección temprana/animales jóvenes), acortando intervalos generacionales, maximizando así el progreso genético.

Referencias

1. Fernando, R. L., H. Cheng, B. L. Golden, and D. J. Garrick. 2016. "Computational strategies for alternative single-step Bayesian regression models with large numbers of genotyped and non-genotyped animals". *Genet. Sol and Evol.* 46:96 DOI: 10.1186/s12711-016-0273-2.
2. Fernando RL. "Genetic evaluation and selection using genotypic, phenotypic and pedigree information". In: *Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*: 11–16 January 1998. vol. 26. Armidale; 1998. pp. 329–36.

-
3. Meuwissen THE, Hayes BJ, Goddard ME. “*Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps*”. *Genetics*. 2001; 157:1819–1829. [PMC free article] [PubMed]
 4. Golden, B. L., M. L. Spangler, W. M. Snelling, and D. J. Garrick. 2018. “*Current single-step national beef cattle evaluation models used by the American Hereford Association and International Genetic Solutions, computational aspects, and implications of marker selection*”. In *Proc. Beef Improvement Federation 11th genetic prediction workshop refining genomic evaluation and selection indices*. Pp 14-22.
 5. Golden, B L, C Lupo, and D J Garrick. 2015. “*High Performance Gibbs Sampler for Mixed Density General Linear Systems*.” In *NVIDIA GPU Technology Conference*.
 6. Saatchi, Mahdi, and Dorian J Garrick. 2014. “*Developing a Reduced SNP Panel for LowCost Genotyping in Beef Cattle*.” Iowa State University Animal Industry Report 660.
 7. D. J. Garrick, Garrick, D. P., and Golden, B. L., “*An introduction to BOLT software for genetic and genomic evaluations*”, *Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, vol. *Methods and Tools - Software*, p. 973, 2018.
 8. Bruce L. Golden, Ph.D., CEO, Theta Solutions; Rohan Fernando, Professor, Iowa State University; and Dorian J. Garrick, Professor, Iowa State University “*Bolt and an Alternative Approach to Genomic EPDs*”.
 9. Aguilar, I., I. Misztal, D. L. Johnson, A. Legarra, S. Tsuruta and T. J. Lawlor. 2010. “*Hot topic: a unified approach to utilize phenotype, full pedigree and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score*”. *J. Dairy Sci.* 93:743-752.
 10. Fernando, R. L., J. C. M. Dekkers and D. J. Garrick. 2014. “*A class of Bayesian methods to combine large numbers of genotyped and non-genotyped animals for whole-genome analysis*”. *Genetics Selection Evolution*, 46:50.
 11. Misztal, I., A. Legarra and I. Aguilar. 2009. “*Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information*”. *J. Dairy Sci.* 92:4648- 4655.
 12. Saatchi, M., and D. J. Garrick. 2016. “*Developing an efficient reduced panel for low-cost genotyping in beef cattle*”. *Proc. Plant and Anim. Genome Meeting*, <https://pag.confex.com/pag/xxiv/webprogram/Paper22335.html>.

5.7

EVALUACIÓN GENÉTICA DE REPRODUCTORES EMPLEANDO GENÓMICA PARA REFINAR EL PARENTESCO: LOS MODELOS DE “REGRESIÓN ANCESTRAL” Y EL PAR (“REGRESIÓN ANCESTRAL A LOS PADRES”)

Dr. Rodolfo J. Cantet

La evaluación genética animal consiste en la predicción del *valor de cría* del animal para los caracteres de interés económico. La predicción de la mitad del valor de cría es conocida como DEP o diferencia esperada entre progenies. Para ello se utiliza la información de la semejanza entre parientes, existente entre los fenotipos utilizados para el análisis, de modo de mejorar la precisión de las predicciones. Siguiendo esta regla de emplear información de individuos emparentados, la genómica permite refinar el parentesco al cuantificar el proceso genético de la recombinación (Cantet et al, 2017; 2022) que describiremos más adelante.

Para entender la transición ocurrida en la era genómica describiremos cómo funciona el *modelo animal* utilizado previo al empleo de los marcadores genómicos. En ese modelo, el valor de cría del individuo depende de los valores de cría de sus padres más un residuo de segregación llamado Mendeliano, que explica todo aquel efecto genético transmisible por el cual una familia de hermanos enteros muestra variabilidad. Esto quiere decir que los hermanos no se manifiestan de manera completamente igual en la expresión de uno o más caracteres de importancia económica.

Sin este residuo, el modelo animal debería predecir perfectamente, simplemente empleando los valores de crías de ambos padres. Utilizando la notación VC para simplificar las palabras “valor de cría” escribimos ahora:

$$VC_X = 0.5 VC_{\text{Padre de } X} + 0.5 VC_{\text{Madre de } X} + \phi_{\text{Residuo de } X} \quad [1]$$

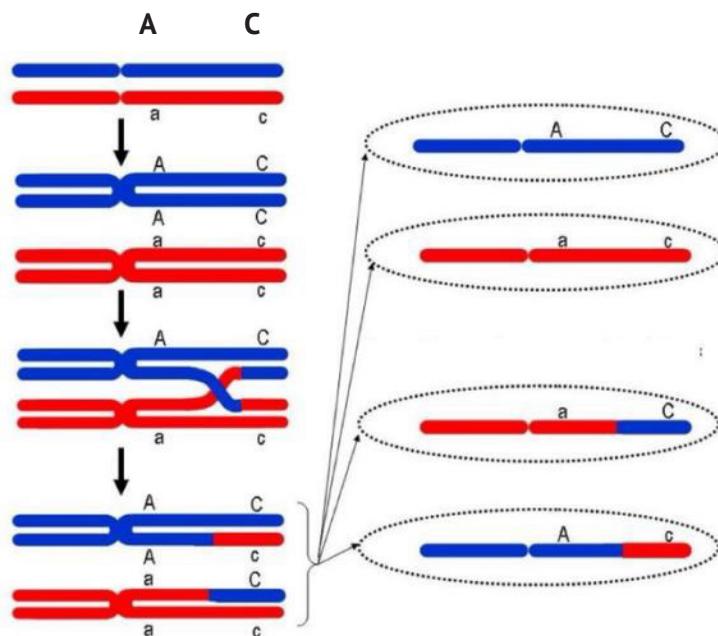
La expresión [1] es un proceso *recursivo* porque *el valor de cría del ternero depende de los valores de cría de los animales ancestrales que lo anteceden en el pedigree*: los padres. Esto nos permite ir hacia atrás (o hacer una recursión a los VC de los padres) de modo tal que el sistema a resolver es como sigue:

$$\begin{aligned} VC_{\text{Padre } X} &= 0.5 VC_{\text{Abuelo paterno de } X} + 0.5 VC_{\text{Abuela paterna de } X} + \phi_{\text{Residuo padre de } X} \\ VC_{\text{Madre } X} &= 0.5 VC_{\text{Abuelo materno de } X} + 0.5 VC_{\text{Abuela materna de } X} + \phi_{\text{Residuo madre de } X} \\ VC_X &= 0.5 VC_{\text{Padre de } X} + 0.5 VC_{\text{Madre de } X} + \phi_{\text{Residuo de } X} \end{aligned} \quad [2]$$

Ahora podemos agregar las expresiones del valor de cría de los cuatro abuelos y, sucesivamente llegar a los fundadores de la raza.

Las expresiones [1] y [2] indican que cada padre pasa a cada progenie una mitad de su valor de cría, sin indicar exactamente qué mitad está pasando. Existen potencialmente muchas “mitades”? Considerando que el bovino tiene unos 25000 genes, y suponiendo por simplificación que cada gen tiene dos variantes o alelos y, por lo tanto 3 genotipos, existen 3^{25000} posibles genotipos cuyas “mitades” aparecen en un número similar. Este número es mayor que todos los átomos que existen en el universo! *Por lo tanto, el residuo Mendeliano contiene la incertidumbre generada al no saber de qué abuelo viene cada gen en la mitad pasada por cada padre.* El gráfico 1 muestra la transmisión del genotipo de los abuelos al ternero en un cromosoma somático (no sexual) cualquiera, a partir de la formación del espermatozoide o de óvulo durante la división celular conocida como “meiosis”. A la izquierda de la figura se muestra un cromosoma de uno de los padres (sea el toro o la vaca): en color azul para el cromosoma que proviene del abuelo del ternero, y en rojo el de la abuela.

Figura 1. Formación del genotipo del ternero previo a la fusión del espermatozoide y óvulo con recombinación en ciertos cromosomas y en otros no. Diagrama de un cromosoma somático (no sexual) cualquiera.



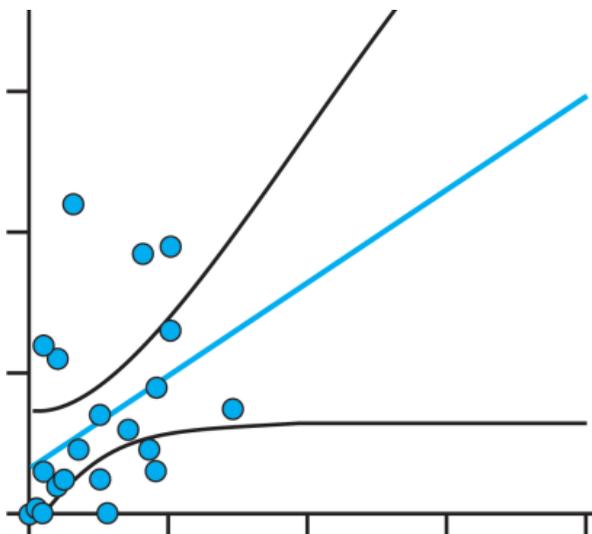
Durante la meiosis se produce el proceso conocido como recombinación. Se puede observar bajo la primer flecha (segunda figura de la izquierda), que el material genético de los abuelos se duplica y en la tercera los cromosomas del abuelo y la abuela se entrecruzan, para formar nuevos genotipos (abajo a la izquierda). Como resultado de la meiosis, los espermatozoides y óvulos contienen cromosomas íntegros iguales a los del abuelo (arriba a la derecha en azul) o la abuela (segundo a la derecha, en rojo), cromosomas llamados 'parentales', o alternativamente, cromosomas que poseen una mezcla del ADN del abuelo y de la abuela, llamados 'recombinantes' (ambos a la derecha en posición tercera y cuarta). Note que algunos cromosomas recombinantes pueden tener más material de uno u otro abuelo, por lo cual el modelo animal presupone que entre cromosomas parentales y recombinantes, el ternero poseerá un cuarto de su genoma proveniente de cada abuelo o abuela, aproximadamente.

Una vez que en la evaluación genética el fenotipo del ternero (peso al nacer, peso al destete, etc) está disponible, conocer que mitad recibió el animal es menos relevante porque ya cuenta con información propia para predecir su valor de cría de los caracteres de interés. A su vez, el dato propia del animal se tornará menos importante aún en la predicción de su valor de cría, cuando ese animal tenga progenie medida: a mayor número de hijos evaluados, mayor precisión en la predicción del valor de cría del animal. Luego de tener entre 25 y 50 hijos la única información relevante sobre el valor de cría del animal se halla en los fenotipos de sus hijos representando cada uno de ellos la expresión de una de esas "mitades" mencionadas más arriba.

Sin embargo, para caracteres de expresión *tardía* (caracteres de la res, o supervivencia de las hijas madres en el rodeo, etc), la selección *temprana* producirá un avance en la respuesta a la selección de *al menos el doble* del que se observa con la selección tardía (García-Ruiz et al, 2016). Se conoce como *selección genómica* a la predicción del valor de cría de animales sin fenotipo propio ni de su progenie. O sea que *la selección genómica consiste en predecir el valor de cría sin información propia o de hijos que nos permitan estimar el valor futuro del residual*. En otras palabras: la idea es *develar qué fracción de los valores de cría de los abuelos fueron pasadas por los padres al ternero, dentro de las "mitades" transmitidas que forman el valor de cría del joven animal*. Lamentablemente, estas predicciones del residuo de animales que no poseen información propia o fenotipo del carácter de interés pueden llegar a ser extremadamente variables, y un pequeño cambio en la información de sus parientes puede producir un gran cambio en las predicciones del valor de cría. Para visualizar mejor esta idea consideremos la Figura 2 donde se grafican las predicciones asemejándolo a la idea de *regresión* en estadística. Esto es, la línea celeste en la Figura 2 donde la regresión es ajustada un grupo de datos graficados como los puntos celestes. La precisión de las predicciones es inversamente proporcional a la variabilidad en la estimación de la regresión (líneas negras a uno y otro lado de la recta). Esas líneas evidencian que la distancia entre la línea celeste y las negras se agranda a medida que queremos predecir más lejos (o, en nuestro caso, nos adelantamos más a la observación del

carácter tardío), nos alejamos de los puntos celestes o datos observados y la distancia entre ambas líneas negras es exponencialmente mayor (mayor variación) y, por lo tanto, es menor la precisión de la predicción. Este argumento es válido para cualquier método de predicción que emplea datos, pedigree y genómica y es inevitable:

Figura 2: Variabilidad de las predicciones más allá de los fenotipos observados.



Pero si bien la imprecisión en las predicciones tempranas del valor de cría del ternero *sin fenotipo del animal* (o su progenie) no puede evitarse, puede atenuarse empleando información genómica. En la regresión ancestral (Cantet et al, 2017) esto se logra develando qué fracción del valor de cría de los abuelos fueron transmitidas por el padre y la madre.

La regresión ancestral

A diferencia del modelo animal donde se asume que la recombinación aporta un 25% del material genético de cada abuelo, la regresión ancestral calcula la *verdadera composición* del material genético del ternero. En general, esta no será un 25% de cada abuelo sino que ocurrirá en *proporciones variables* de los valores de cría de dichos ancestros del ternero. En la regresión ancestral se modela la fracción diferencial del genoma de la cría recibida a partir del abuelo paterno y del materno, en exceso o en defecto de 0.25, con respecto al ADN que recibe de las abuelas paterna y materna, respectivamente. Por lo tanto, al incorporar la *recombinación que realmente ocurrió*, en vez de la *esperada*, la regresión ancestral redefine (Cantet et al, 2017) el residual del modelo animal en la expresión [1] para descomponerlo del modo siguiente:

$$\phi_{\text{Residuo de X en [1]}} = \beta_{\text{Paterno de X}} \left(VC_{\text{Abuelo Paterno de X}} - VC_{\text{Abuela Paterna de X}} \right) + \beta_{\text{Materno de X}} \left(VC_{\text{Abuelo Materno de X}} - VC_{\text{Abuela Materna de X}} \right) + \phi_{\text{Nuevo Residuo de X}}^* \quad [3]$$

Esta expresión simplemente indica que el residuo del modelo animal puede descomponerse en una *diferencia entre los valores de cría del abuelo y la abuela, paternos y maternos más un nuevo residuo con menor incertidumbre (o variabilidad) que aquella que se muestra en [1]*, dado que se cuenta ahora con más información sobre la constitución de la “mitad” pasada por el padre o la madre respecto del material que recibió el ternero de sus abuelos, hecho que no es considerado dentro de las expresiones [1] y [2]. Cada diferencia de valores de cría entre abuelo y abuela es ponderada por la fracción del genotipo de los abuelos machos que excede (o no alcanza) a 0.25, dentro de los parámetros beta (β) paterno y materno.

Note que cada animal tendrá un beta por vía paterna y otro por vía materna. Para entender el significado de los citados parámetros considere por ejemplo que un β Materno negativo e igual a -0.05 indica que el ternero recibió 5% más genoma de la abuela materna que del abuelo materno, con lo cual y partir de la “mitad” (0.50 o 50%) transmitida desde el valor de cría de la madre, la abuela materna aportó 0.30 y el abuelo 0.20. Del mismo modo, un β Paterno positivo e igual a 0.10 indica que el ternero recibió 10 % de su propio genoma más a partir del abuelo paterno que de la abuela paterna. El signo es arbitrariamente fijado positivo en el abuelo, siguiendo la convención de Veller et al (2020). Esto implica que el abuelo paterno aportó 0.35 al genoma del ternero y la abuela paterna 0.15 o 15%. Como necesariamente ambos valores deben sumar a 0.50, el β del abuelo es siempre igual a $-\beta$ para la abuela. Finalmente, el nuevo residuo que aparece en [3] no puede definirse como “Mendeliano” porque la recombinación afecta a procesos como el ligamiento entre genes, proceso que escapa a las leyes de la herencia Mendeliana.

Consecuentemente, sumando la predicción de cada padre, a diferencia del modelo animal en [1], la expresión del valor de cría para el animal X en la regresión ancestral puede escribirse así:

$$VC_X = 0.5 VC_{\text{Padre de X}} + 0.5 VC_{\text{Madre de X}} + \beta_{\text{Paterno de X}} (VC_{\text{Abuelo Paterno de X}} - VC_{\text{Abuela Paterna de X}}) + \beta_{\text{Materno de X}} (VC_{\text{Abuelo Materno de X}} - VC_{\text{Abuela Materna de X}}) + \phi^*_{\text{Nuevo Residuo de X}} \quad [4]$$

Empleando valores de cría predichos (VCP en [5]) u observados, la selección genómica para predecir el valor de cría mediante regresión ancestral de un ternero sin fenotipo es igual a:

$$VCP_X = 0.5 VCP_{\text{Padre de X}} + 0.5 VCP_{\text{Madre de X}} + \beta_{\text{Paterno de X}} (VCP_{\text{Abuelo Paterno de X}} - VCP_{\text{Abuela Paterna de X}}) + \beta_{\text{Materno de X}} (VCP_{\text{Abuelo Materno de X}} - VCP_{\text{Abuela Materna de X}}) \quad [5]$$

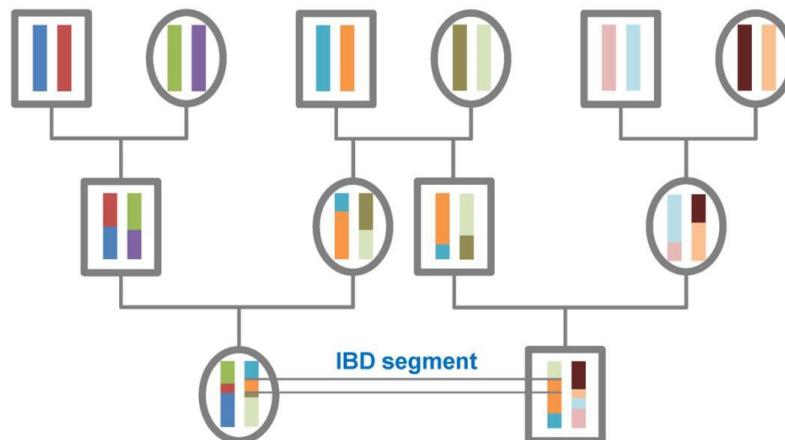
Observe que la diferencia entre [4] y [5] es que [4] involucra valores de cría conceptuales, mientras que [5] utiliza valores de cría ya predichos (o 2 veces DEP) y que el residuo de la regresión ancestral es predicho en la segunda línea de [5], siendo función de ambos betas y de los valores de cría predichos de los cuatro abuelos. Desde 2023, los programas de Brangus

(ERBra) y Braford (PEGBraf) estiman los parámetros β por vía paterna y materna de cada animal como la *fracción del genoma del abuelo o la abuela que es pasada al nieto*. Este cálculo es conocido como IBDP abuelo(a) – nieto(a), por sus siglas en inglés: “identity by descent proportion”). Asimismo, es dable señalar que el rango de β va entre -0.25 a 0.25 , valores que corresponden a los muy improbables eventos en los cuales todo el genoma transmitido por uno de los padres proviene de la abuela (cuando $\beta = -0.25$) o del abuelo (cuando $\beta = 0.25$).

El parecido entre parientes bajo regresión ancestral

Una consecuencia de la regresión ancestral [3] es que el parecido entre parientes es distinto del registrado empleando la teoría clásica de semejanza genética entre individuos emparentados en el modelo animal, porque en la regresión ancestral se considera la recombinación a través de los parámetros β . La Figura siguiente muestra cómo la recombinación afecta las relaciones de parentesco.

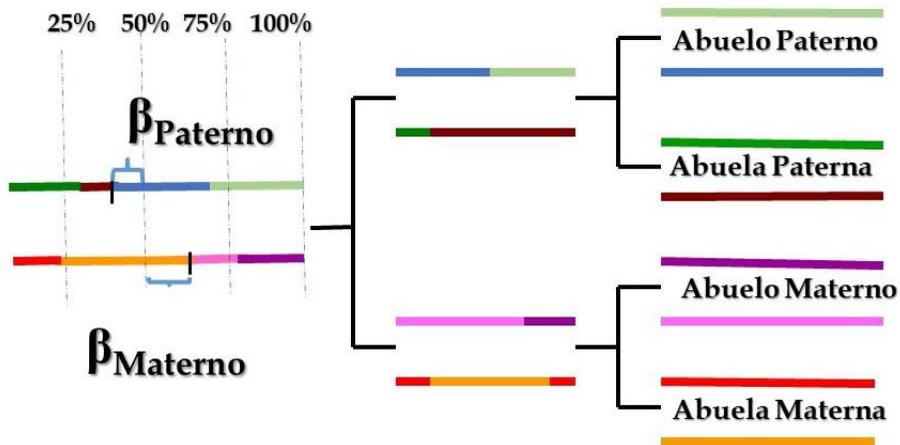
Figura 3: Relaciones de parentesco bajo recombinación mediante segmentos IBD.



La Figura 3 muestra individuos de tres generaciones. En la primera generación, cada “abuelo” muestra las dos “mitades” de genoma recibida de sus padres (los “bisabuelos”), cada una de ellas de un único color. Note que los genotipos de la segunda y tercera generaciones han sufrido recombinación en las gametas que recibieron de sus padres y se muestran ya en segmentos con los colores de los “bisabuelos”. Estos *segmentos* son resultado de la recombinación ocurrida en la generación anterior donde se “mezclan” los genomas recibidos de sus padres, tal como se mostró en la Figura 1. Para calcular la relación de parentesco entre los dos terneros (primos hermanos) en la generación tres se deben sumar todos estos segmentos recibidos de un ancestro común (por ejemplo en naranja en la Figura 3 abajo) y por lo tanto, “idénticos por descendencia” o IBD. Dividiendo dicha suma por 2 veces el largo del genoma resulta en la relación de parentesco IBD por segmentos o IBDP (Guo, 1995). En la Figura 4 se observa gráficamente como los

segmentos en exceso de 0.25 dan lugar al β_{PATERNO} en favor del abuelo paterno y al β_{MATERNO} en favor de la abuela materna, a partir de las “mitades” de los ocho bisabuelos del animal en los cromosomas de los abuelos del animal ejemplo.

Figura 4. Formación de los betas en un animal sobre la base de segmentos ancestrales.



En ausencia de toda consanguinidad, el parecido entre dos terneros medio-hermanos paternos (hijos de un mismo toro y distintas vacas), comparado con la semejanza genética entre un abuelo (o abuela) y un nieto (o nieta) es exactamente el mismo e igual a 0.25. Sin embargo, bajo la regresión ancestral los terneros medio hermanos (X e Y) hijos del mismo toro, se parecen en $0.25 + 2 \times \beta_{\text{PATERNO}}$ de X x β_{PATERNO} de Y. Alternativamente, la relación de parentesco entre el abuelo (paterno y materno) y el nieto o la nieta bajo regresión ancestral es igual a $0.25 + \beta$, mientras que el parecido abuela (paterna y materna) con el nieto o la nieta es igual a $0.25 - \beta$. Claramente, la regresión ancestral es más informativa para el parentesco que el modelo clásico porque relaciones distintas reflejan un grado de similitud genética diferente, hecho que no ocurre en el modelo clásico. La regresión ancestral refleja entonces diferencias entre pares de individuos que poseen el mismo grado de parentesco (hermanos enteros o completos, medio hermanos, etc). Esto se debe a que los parámetros beta proveen más información para predecir el residuo de recombinación del valor de cría. Asimismo, este parentesco resulta en mayor precisión de predicción que con el modelo clásico.

Para comprender esta mejoría en la predicción debida a los betas considere el caso de tres terneros medio hermanos X, Y y Z con datos de genómica. Suponga se observaron los siguientes valores: β_{PATERNO} de X = -0.15, β_{PATERNO} de Y = -0.08 y β_{PATERNO} de Z = 0.10. Entonces, la relación de parentesco entre X e Y es igual a $0.25 + 2(-0.15)(-0.08) = 0.262$, entre X y Z es igual a $0.25 + 2(-0.15)(0.10) = 0.220$, y entre Y y Z es igual a $0.25 + 2(-0.08)(0.10) = 0.234$. Note que, como X y Z poseen betas del mismo signo (negativo) se parecen más a la abuela paterna y,

por lo tanto, son genéticamente más similares en sus valores de cría que cualquiera de ellos con Z. Este último animal tiene un parámetro de signo positivo, y por lo tanto se parece más al abuelo paterno y menos a sus dos medio hermanos X e Y.

La diferencia entre la relación de parentesco entre medio hermanos bajo regresión ancestral y la clásica sin consanguinidad es $0.25 + 2 \times \beta_{\text{PATERNO de X}} \times \beta_{\text{PATERNO de Y}} - 0.25 = 2 \times \beta_{\text{PATERNO de X}} \times \beta_{\text{PATERNO de Y}}$. Asimismo, la diferencia entre los parecidos bajo regresión ancestral y el modelo clásico para la relación entre abuelo y nieto es β , siendo $-\beta$ para la relación abuela con nieto. Esas diferencias son referidas como “desequilibrio de identidad” (Cantet et al, 2022) y reflejan el aporte diferencial en la cantidad de información para la evaluación genética del valor de cría que se genera en la regresión ancestral comparada con la que ocurre bajo el modelo animal clásico. La incorporación del desequilibrio de identidad en la regresión ancestral a través de los parámetros beta es responsable del aumento de precisión predictiva que se produce en este último modelo de evaluación comparado con la precisión en el modelo animal clásico.

Si bien el ajuste de la regresión ancestral como modelo de evaluación genética es más fácil de calcular que el de otros modelos que emplean genómica utilizados en la actualidad, requiere una sustancial cantidad de memoria para el calcularlo debido a que no es recursivo en una única generación hacia atrás sino en dos (padres y abuelos) como el modelo animal (sólo a los padres), hecho que impone un número mayor de valores numéricos en el sistema de cálculo de las DEP.

El modelo PAR o de regresión ancestral a los padres

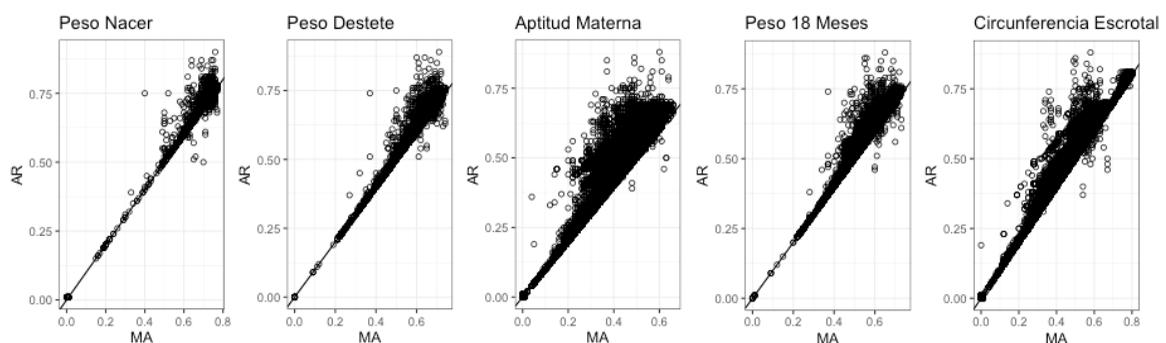
Para simplificar las cuentas y realizar un menor esfuerzo para calcular los valores de cría predicho (o su mitad: la DEP), el grupo de Mejoramiento Genético Animal de la Facultad de Agronomía UBA e INPA CONICET transformó la regresión ancestral de modo que sea recursiva en una generación para que sólo dependa de los padres, sin dejar de tener en cuenta la proporción diferencial de genoma que recibe el ternero de sus cuatro abuelos debido a la recombinación. Como resultado se obtiene el modelo PAR (Cantet et al, 2022) o “regresión ancestral a los padres” que es de más fácil cálculo que la regresión ancestral y tiene similar precisión. Con el objetivo de considerar el efecto de las contribuciones diferenciales de los abuelos al genoma del ternero y la consanguinidad, PAR se calcula “absorbiendo” o incorporando los parámetros β de la regresión ancestral en los coeficientes de los padres de modo tal que la predicción del valor de cría se realiza sobre la base de dos nuevos parámetros: los “ro” (símbolo griego ρ) paterno y materno tales que:

$$VC_X = \rho_s VC_{\text{padre de X}} + \rho_D VC_{\text{Madre de X}} + \phi^P_{\text{residuo PAR de X}} \quad [6]$$

La “S” indica vía paterna (en inglés, “sire”) y el “D” vía materna (en inglés, “dam”). A diferencia de los parámetros β que se asocian a proporción diferencial del genoma del abuelo que se encuentra en el ternero por encima o por debajo de 0.25 (o 25%), β_S y β_D se asocian con la *información* sobre el valor de cría del ternero en las “mitades” pasadas por el padre y por la madre, respectivamente. Si bien la relación entre β y ρ no es lineal, cuanto mayor es la magnitud de ambos betas (desequilibrio de identidad) y mayor la consanguinidad de padres y abuelos, mayor serán los valores de ambos ρ . En ausencia de consanguinidad y desequilibrio de identidad en la relación entre abuelos y padres, cuando ambos parámetros β de la regresión ancestral son 0, los valores de β son iguales a 0.50. En general los parámetros ρ son mayores a 0.50. Si, por ejemplo, $\rho_S = 0.523$ y $\rho_D = 0.581$, entonces la magnitud del beta materno es superior a la magnitud del beta paterno.

Como resultado de utilizar el PAR las precisiones o exactitudes de predicción son superiores para todos los caracteres evaluados en relación con el modelo animal clásico. Note en la Figura 4 como las precisiones del PAR (en el eje vertical) superan a las del modelo animal (AM) en el eje horizontal para el ERBra 2020, para todos los animales evaluados. Obsérvese que para caracteres de observación tardía como la aptitud materna la ganancia es mayor.

Figura 3: Promedio de las precisiones de los candidatos a la selección.



Para ajustar el modelo PAR a los datos solo debe modificarse el procedimiento para calcular la inversa de la matriz (o conjunto de relaciones de parentesco) del modelo animal clásico, reemplazando los valores 0.50 de los padres por los β de cada uno de ellos y el valor del elemento diagonal. El esfuerzo computacional es exactamente igual al del modelo clásico. Para cada animal con genotipo e información de padres y abuelos genotipados, el cálculo de los β se realiza transformando los β en un pequeño sistema de dos ecuaciones con dos incógnitas. Al momento de escribir este informe, los betas se pueden calcular para una “población de referencia” de ambos padres y los cuatro abuelos genotipados o, en el caso de información faltante, con ambos padres y un abuelo o abuela por cada vía, paterna y materna, respectivamente.

Todo lo que se comenta sobre las DEP y otros temas de evaluación genética en otros capítulos de la presente publicación es igualmente válido y oportuno de mencionar, tanto para el modelo animal clásico como para el PAR.

Referencias

- Cantet, R.J. C.; García-Baccino, C.A.; Rogberg A.; Forneris, N.S.; Munilla, S. 2017. Beyond genomic selection: the animal model strikes back (one generation). *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 134: 224–231.
- Cantet, R. J. C.; Angarita-Barajas, B.K.; N. S. Forneris; Munilla, S. 2022. Causal inference for the covariance between breeding values under identity disequilibrium. *Genetics Selection Evolution* 54(64).
- García-Ruiz, A., J.B. Cole, P.M. VanRaden, G.R. Wiggans, F.J. Ruiz-López, C.P. Van Tassell. 2016. Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*. 113: E3995-E4004.
- Guo, S. W. 1995. Proportion of genome shared identical by descent by relatives: concept, computation, and applications. *American Journal of Human Genetics*. 56:1468-1476.
- Veller, C., Edelman, N.B., Muralidhar, P., Nowak, M.A. 2020. Variation in genetic relatedness is determined by the aggregate recombination process. *Genetics* 216:985–994

CAPÍTULO

VI

RESIDUAL *FEED INTAKE* EN BOVINOS

ESTA SECCIÓN REFERIDA A EFICIENCIA DE CONVERSIÓN Y MEDICIÓN DE CONSUMO RESIDUAL INTEGRA PARTE DEL NUEVO CONTENIDO DE ESTA EDICIÓN REVISADA Y AMPLIADA

Anibal J. Pordomingo / Adriana B. Pordomingo

EEA INTA Anguil, La Pampa

La genética cuantitativa ha permitido lograr importantes avances sobre caracteres productivos de los bovinos (eficiencia reproductiva, peso al nacer, ganancia de peso, y rendimiento de res). Sin embargo, los avances sobre otros caracteres asociados con el costo de conversión o la calidad de la carne han sido inferiores por complejidad o costos.

Con el desarrollo de tecnología genómica se cuenta con el potencial para lograr avances más rápidos y precisos, especialmente en estos caracteres genéticos de difícil determinación como la eficiencia de conversión neta y la calidad de la carne. Sin embargo estas tecnologías requieren de información fenotípica relevada apropiadamente a partir de núcleos de referencia.

En ese sentido, la evaluación de animales por diferencial de consumo (residual feed intake - RFI) y eficiencia de conversión (EC) tiene valor para la selección genética por una heredabilidad moderada del carácter (Archer et al., 1999; Alford et al., 2006; Arthur et al., 2001 a,b, 2004, 2005, 2008) y variable en función del tamaño de la población de referencia.

Las implicancias en la productividad y en la gestión ambiental de la huella de carbono ganadera se mencionan en numerosa bibliografía (Herd et al., 2000, 2002, 2004; Hoque et al., 2006; Hegarty et al., 2007; Barwick et al., 2009; Basarab et al., 2003, 2013; Kenny et al., 2018;

Johnson et al., 2019; Lancaster et al., 2009; Lowerence et al., 2009, 2012, 2013; Sharma et al., 2018; Smith et al., 2021). Las diferencias en RFI y EC tienen bases fisiológicas de amplio espectro que se describen desde las eficiencias de los procesos metabólicos hasta moleculares. Esa justificación escapa al objetivo de este escrito. A los fines de comprender procesos fisiológicos, metabólicos y funcionales se sugiere al lector recurrir a los trabajos y revisiones de Richardson et al. (2004), Mkrumah et al. (2004, 2006), Arthur et al. (2008), Moore et al. (2009), Cruz et al. (2010), Alende et al. (2016), McDonnell et al. (2016), Baldassinni et al. (2018), Cantalapiedra et al. (2018), Hafla et al. (2013), Potts et al. (2017), Lam et al. (2018), Kenny et al. (2018), Johnson et al. (2019) y Robert et al. (2019).

Las determinaciones en Argentina

Las primeras pruebas de evaluación de RFI en Argentina se comenzaron en el año 2017 con una iniciativa de CREA Cabañas e INTA Anguil en La Pampa. En sucesivos eventos se han evaluado animales de las razas Angus, Brangus, Braford, Hereford, Bonsmara, San Ignacio y Limangus. En algunos casos por participación de productores individualmente (no asociados) y en otros a través de las asociaciones correspondientes u otras formas organizacionales.

La experiencia internacional (Cuadro 1, compilado de trabajos) indica que el peso inicial y el peso final (el tamaño del animal) y el aumento de peso no deberían correlacionarse con la característica de RFI (justamente el peso metabólico medio y el aumento de peso participan de la ecuación predictiva del consumo estimado, por lo que la fórmula corrige por el efecto de esos factores). Tampoco deberían entonces influir en el indicador el nivel energético de la dieta, por lo que permite evaluar el carácter en animales en dietas fibrosas o concentración energética de crecimiento y no de engorde. No tendría el condicionante de la densidad energética del alimento como ocurre cuando se mide tasa de crecimiento (aumento de peso) como indicador o eficiencia de conversión directa. Lógicamente se esperaría un efecto en la magnitud del consumo absoluto (CMS) y sobretodo en términos relativos al peso medio (CMSPV) y sobre el índice de conversión (IC). Los reportes internacionales indican que la diferencia entre los promedios de grupos de RFI negativo y positivo, sería de 15 a 20% para consumo y eficiencia, incluso podría ser mayor en algunos casos.

En Argentina, las distancias promedio detectadas entre grupos confirman esas observaciones en todas las pruebas evaluadas. Se muestra a manera de ejemplo los resultados de una prueba de testaje de una empresa ganadera (Cuadro 2, La Tregua Santa Coloma, Córdoba) donde se verifican las mismas conclusiones. En ese ejemplo existe una diferencia significativa de 15% entre grupos en consumo de materia seca observado tanto en términos absolutos como relativos (CMSo y CMSPV). Por su parte, el grupo RFI positivo consumió (en promedio) un 14% más que el grupo negativo para producir 1 kg de ADPV (ver IC). En correspondencia también con la

bibliografía internacional, no se detectaron efectos de ese agrupamiento sobre parámetros de rendimiento de res, nivel de engrasamiento dorsal (subcutáneo) o intramuscular. Ello sugiere independencia de este indicador sobre parámetros de res y carne. Las diferencias entre promedios de RFI negativo y positivo resultó de 1,471 kg, con valores medios de RFI de -718 y +753 g/d para cada grupo, respectivamente. Se observa también que la inclusión de espesor de grasa dorsal (EGD) en la ecuación de regresión para el cálculo del RFI no afectó sustancialmente los valores, corroborando la similitud de los grupos en EGD y espesor de grasa de cadera (AGC). Tampoco se separaron los grupos en contenido de grasa intramuscular (GI).

Si se profundiza el análisis en 4 grupos por RFI, Grupo 1: aquellos animales con RFI de menos de -1 kg/d, Grupo 2: los de -1 a 0, Grupo 3: los de 0 a 1 y Grupo 4: los de más de 1 kg/d, las distancias entre los extremos son mayores en magnitud de efectos (Cuadro 3). Sin diferenciarse en PV inicial, PV final, o en ADPV, el Grupo 1 utiliza 30% menos de alimento para aumentar un kg (ver IC), el segundo grupo un 20% menos y el tercero 9% menos. Sin detectarse efectos sobre parámetros de res ente grupos. Esta información habla de la oportunidad de selección y presión posible, sin distorsionar otros parámetros de valor. Incluso en las tendencias numéricas el ADPV resultó mayor en el grupo 1 respecto de 4, sin detectarse efecto alguno en EDG (engrasamiento o contenido de grasa intramuscular (GI). Estas experiencias indican el amplio espacio para identificar animales con diferente RFI, sin afectar atributos carniceros.

En la Figura 1 se observa la dispersión de casos ordenados por ADPV y RFI. Se identifica con claridad un grupo de animales con RFI negativo y ADPV superior al promedio (cuadrante inferior derecho), que podría considerarse como un grupo de animales de alto interés por comer menos de lo esperado y producir por encima del promedio. En el otro extremo, cuadrante superior izquierdo, un grupo de individuos consumió más que lo esperado para su performance, con un ADPV inferior al promedio. Estas observaciones calificar con un atributo más a los individuos en un escenario de elección con bases objetivas.

Cuadro 1. Síntesis de compilado de reportes bibliográficos* sobre efectos relativos del agrupamiento por RFI en eficiencia individual de toritos en crecimiento.

RFI	Negativo	Positivo	Dif. %
Peso vivo inicial	=	=	0 - 3
Peso vivo final	=	=	0 - 3
ADPV	=	=	0 - 4
CMS	-	+	15 - 20
CMS/ADPV	-	+	15 - 20

* Basarab et al., 2003, 2013; Richardson et al., 2004; Herd & Bishop, 2000; Nkrumah et al., 2004; Nkrumah et al., 2006, 2007; Hegarty et al., 2007; Nkrumah et al., 2007; Moore et al., 2009; Lancaster et al., 2009; Lawrence et al., 2013; Basarab et al., 2013; Hafla et al., 2013; McDonnell et al., 2016; Pots et al., 2017; Lam et al., 2018; Sharma et al., 2018; Cruz et al., 2010; Baldassini et al., 2018; Kenny et al., 2018; Johnson et al., 2019.

Cuadro 2. Performance de toritos Limangus evaluados por RFI clasificados en 2 categorías sobre parámetros de producción, conversión y carcasa.

RFI, kg	-	+	EEM	P
RFI, kg	-0.718	0.753	0.140	< 0.01
n	73	70		
PV inicial, kg	361	364	3.3	0.92
PV final, kg	434	439	2.7	0.83
ADPV, kg	1.434	1.472	0.065	0.56
CMS _o	9.2	10.8	0.31	< 0.01
CMS _e	9.9	10.0	0.07	0.69
CMSPV, %	2.3	2.7	0.04	< 0.01
IC, CMS/ADPV	6.6	7.5	0.22	< 0.01
<u>Parámetros de carne</u>				
GI, %	3.0	3.1	0.08	0.75
EGC, mm	5.1	5.1	0.07	0.92
EGD, mm	4.2	4.2	0.10	0.71
AOB, cm ²	90.7	91.2	0.29	0.57
RFI _{gd} , kg	-0.716	0.759	0.082	< 0.01

Cuadro 3. Performance de toritos Limangus evaluados por RFI, clasificados en 4 categorías sobre parámetros de producción, conversión y carcasa.

Grupo	1	2	3	4	EEM	P
	< -1 kg	-1 a 0 kg	0 a 1 kg	> 1 kg		
n	20	54	53	17		
RFI, kg	-1.562	-0.536	0.480	1.604	0.021	< 0.01
PV inicial, kg	366	360	362	369	6.5	0.41
PV final, kg	440	431	439	440	5.2	0.38
ADPV, kg	1.453	1.399	1.501	1.383	0.341	0.17
CMS observado	8.5	9.3	10.5	11.6	0.53	< 0.01
CMS esperado	10.0	9.9	10.0	10.0	0.02	0.88
CMSPV, %	2.1	2.4	2.6	2.9	0.031	< 0.01
IC, CMS/ADPV	5.8	6.7	7.0	8.4	0.35	< 0.01
<u>Parámetros de carne</u>						
GI, %	3.1	2.9	3.1	3.0	0.09	0.79
EGC, mm	5.3	5.0	5.1	5.0	0.18	0.61
EGD, mm	4.5	4.2	4.2	4.1	0.21	0.34
AOB, cm ²	90.1	90.0	91.1	91.6	0.45	0.47
RFI _{gd} , kg	-1.519	-0.540	0.485	1.595		< 0.01

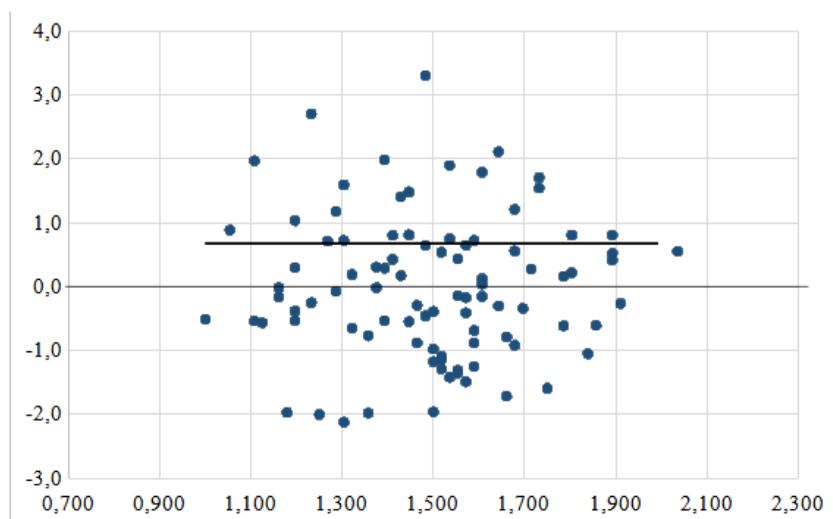


Figura 1. Distribución de individuos (toritos) Limangus en función del aumento de peso vivo (ADPV; eje de abscisas) y residual de consumo (RFI; eje de ordenadas) en evaluación 2021 de establecimiento La Tregua – Santa Coloma, 2021. (Se identifica con línea vertical la ubicación del promedio del grupo y resalta la horizontal al nivel de RFI = 0, para delinear 4 cuadrantes).

Implicancias biológicas y ambientales

La conversión de alimento a producto (carne o leche) es el principal condicionante del negocio ganadero, en particular, en la alimentación a corral con granos y subproductos. Por ello, producir con 20% menos de alimento la misma cantidad de carne tiene un impacto en la eficiencia que supera cualquier otra tecnología de mejora de la productividad o de reducción de huellas ambientales. La magnitud de la acumulación de efectos depende de la heredabilidad genética del carácter y el diseño del sistema de producción para permitir su expresión.

¿Porqué hablar de diferencial de consumo (RFI) y no de eficiencia de conversión?

El indicador RFI hace referencia a la eficiencia sin tener en el efecto condicionante del nivel de producción. La eficiencia de conversión (aumento de peso por unidad de alimento consumido) está condicionada o depende de factores de performance como nivel de aumento de peso, de la composición energética de la dieta, del biotipo y la edad. Consumo residual (o RFI) es menos sensible a estos factores, permitiendo identificar una característica fenotípica de eficiencia, independiente del nivel de producción. Se trata de encontrar a los que producen más por unidad de alimento consumido o, los que para producir lo mismo consumen menos, pero que esa característica no esté condicionada por el nivel de producción. (Entendiendo sin embargo, que el alimento no imponga una restricción a la expresión del crecimiento por limitantes severas de calidad.)

¿Cómo se mide ese carácter de RFI?

La medida es la diferencia entre el consumo que tiene un animal efectivamente medido en un comedero apto para ese fin, y el consumo que se estima ese animal tendría en posición relativa respecto de los otros animales evaluados. La ecuación de predicción surge de la regresión lineal múltiple consecuente de relacionar el peso metabólico medio y el aumento de peso (ADPV) (variables independientes) con el consumo voluntario diario medio de individuos (variable dependiente) evaluados en una misma prueba, en un mismo escenario de alimentación colectiva e igual dieta. El diferencial de consumo se expresa en términos absolutos (kg/d) para cada animal.

A los fines de clarificar el concepto, si por aplicación de la fórmula de regresión lineal resulta que un animal debería haber consumido 10 kg de alimento (base seca) por día y la determinación de consumo (lo que efectivamente comió) reporta 8 kg/d, el diferencial residual o RFI es -2 kg. Su $RFI = -2$, ello indicaría que para producir (en nivel de ADPV en que se encuentra) el consumo real de ese animal es 2 kg inferior al esperado, o sea que su RFI es negativo en 2 kg. Ello indica entonces una mayor eficiencia respecto de los animales con valores de RFI más cerca de 0 o con RFI de signo positivo. En el mismo sentido, la eficiencia neta de conversión del alimento a peso vivo de ese animal sería mayor.

Dado que el cálculo insume información de cambio de peso del animal (ADPV) y una determinación consistente del consumo voluntario a través de los comederos, cada evaluación requiere de una duración de la evaluación de 65 a 70 días, período sobre el que se promedia el consumo diario, luego de un acostumbramiento previo de 15 a 20 días. El período de medición previsto permite un cambio de peso suficientemente amplio para que se puedan generar valores de ADPV que reflejen cambio por crecimiento y se minimicen los efectos del llenado ruminal o la variación del consumo.

La alimentación durante la prueba requiere de algunas precisiones. Se trata de animales que estarán en crecimiento y deberán expresar su capacidad de crecimiento en relación al consumo, pero no se trata de un engorde a corral. La dieta debe permitir un aumento de peso suficiente para que emerjan diferenciales fenotípicos asociados al animal. O sea que la dieta debería tener una concentración de energía digestible que no limite el crecimiento, pero no debería alterar el desarrollo o promover el engrasamiento temprano. En términos prácticos tiene que permitir que los animales expresen ADPV superiores a 1 kg/d, pero que no engrasen ni entren en acidosis ruminal o se alteren procesos fisiológicos por excesivo contenido de almidones o similares. Se sugiere que el grano en todas sus formas no supere el 30% (base seca) y que las fuentes fibrosas (heno de alfalfa, de pastura, o ensilajes) aporten al menos el 50% de la dieta, dejando la diferencia para los oferentes de proteína (harina de soja, girasol, gluten, burlandas) y los minerales y vitaminas. Dado que esos reproductores deberán continuar su vida con alta

aptitud reproductiva, es central que no se altere el desarrollo y la capacidad reproductiva. Para ello, el rumen deber protegerse de la acidosis, mantener la alta capacidad fermentativa (motilidad y capacidad de absorción de ácidos grasos de la fermentación).

Dietas muy energéticas podrían dañar la calidad reproductiva del animal de por vida (producción y calidad de semen y óvulos, motricidad y adaptación en ambientes de pastoreo). Las formulaciones de dietas son variables y pueden incorporar henos o ensilajes, siendo entonces secas o húmedas. En todos los casos es importante determinar la concentración energética de la dieta y el componente o aporte de fibra efectiva (fibra larga) para evitar los síndromes antes expuestos. En la práctica son dietas del tipo de recría inicial en escenarios de feedlot, son la salvedad del mayor énfasis en la fracción de fibra efectiva y el contenido de proteína bruta. Esta última debería superar el 15% (en base seca) para evitar el déficit proteico y su eventual restricción de conversión o consumo. También, es recomendable que esa proteína sea aportada en diversos componentes y mayoritariamente en la forma de proteína verdadera. Deberíamos asegurar que se cubran holgadamente los requerimientos de proteína metabolizable y la fracción degradable en rumen.

No menos importante es el momento de la vida del animal para generar valor de RFI. Como surge lo anterior, se trata de una medición que requiere de animales en crecimiento con cambio de peso durante los 3 meses de medición para generar un el dato de ADPV. Por otro lado, la composición de la ganancia de peso no está contemplada en la ecuación de predicción original, solo el peso medio, expresado en peso metabólico (peso vivo a la potencia de 0.75) y el ADPV, y por lo tanto la composición del ADPV podría distorsionar el valor dado que la conversión a grasa corporal es más densa en energía que a músculo. El otro factor que la predicción no incorpora es el efecto de cambios hormonales y de comportamiento durante la pubertad. Entonces, se recomienda planificar el período de medición con animales jóvenes, en pleno crecimiento, pero pos púberes.

Debería evitarse la expresión de la pubertad durante la prueba y en el otro extremo la evaluación de animales muy cerca de su peso y edad adulta. En las razas de tipo británico o continental, sería recomendable superar los 10 meses de edad y en las cebuínas los 15 meses para realizar la prueba. En el otro extremo, no tiene sentido evaluar animales muy próximos al estado adulto o adultos ya que la composición del ADPV será muy distinta y no dependerá de su crecimiento sino de la recomposición de tejidos y la condición corporal. (No existe evidencia respecto de la significancia de estas evaluaciones en animales adultos). Aunque variable entre razas, en términos prácticos sería recomendable que los animales no superen los 2.5 años de edad al finalizar la prueba.

Adicionalmente, aunque los animales estén en crecimiento el nivel de engrasamiento inicial y final en la prueba pueden generar incertidumbre respecto de la composición de la ganancia.

cia, sobretodo si participan animales con disparidad de orígenes, biotipo o frame. Se sugiere entonces incorporar a la fórmula de regresión lineal de estimación de consumo esperado, el dato ecográfico de espesor de grasa dorsal (o utilizarlo como co-variable). De esta manera se corrige el valor de consumo esperado no sólo por el peso metabólico (que remueve efectos de tamaño o masa corporal) sino por engrasamiento, removiendo eventuales efectos de densidad energética del ADPV. En el mismo sentido, habría que evitar sumar a la misma prueba animales en buen estado con animales muy delgados. Los efectos compensatorios de peso afectan la composición de la ganancia.

Finalmente, la cantidad de animales involucrados en la prueba es central a la calidad y significancia estadística de la ecuación de referencia para la definición del consumo esperado. La ecuación de regresión lineal múltiple tiende a mayor calidad explicativa (es más confiable) en la medida en que aumenta la cantidad de animales evaluados en un mismo evento. Las experiencias realizadas en Argentina hasta el presente indican como necesario un mínimo de 50 animales por prueba.

El sistema de medición de consumo

El sistema de medición de consumo se basa en comederos automáticos de registro continuo (CA), constituidos por una balanza electrónica individual en cada uno de ellos, una antena lectora de caravanas electrónicas que identifican al animal (que se acerca a comer), una computadora de borde que combina el cambio de peso del comedero con el animal previamente detectado. Ese dato se asigna automáticamente a ese animal y se almacena en una memoria del sistema y que, en simultáneo, se comunica via WiFi a una central en el sitio, que retransmite a un computador conectado a internet.

El proceso es continuo. Todos los comederos operan individualmente pero transmiten hacia el hardware de comunicación e interpretación desarrollado a tal efecto. Ello permite relevar en tiempo real el consumo de cada animal, el acumulado en períodos definidos (ej. diario, semanal, etc). Los animales pueden visitar voluntariamente los comederos dentro de un corral y éstos enviarán a la información a compilar por cada caravana electrónica activa, o sea cada animal.

La capacidad de evaluación depende de la cantidad de unidades de comedero, de las instalaciones de apoyo y la logística asociada. Se sugiere que se instalen como unidad mínima 6 a 8 SCA en cada sitio. Con una capacidad de alimentar 8 animales por comedero, se estima práctico realizar evaluaciones de 50 a 60 animales por evento de evaluación (prueba).

En la foto se observan los sistemas de medición de consumo. En cada uno se incluye un comedero de fibra apoyado sobre celdas de carga (balanza electrónica), con la antena lectora de caravanas electrónicas en cada unidad y el indicador correspondiente, con una caja que incluye

una computadora de borde y la conectividad wifi, local para generar el almacenamiento y el flujo de datos. Los sistemas se apoyan en el software específico para el registro de los datos, el monitoreo remoto de funcionamiento de los comederos.



Instalación de comederos electrónicos para determinación de RFI en CENAB, Biofarma, Jesus María, Córdoba, Argentina. (Foto: Gentileza Biofarma, S. A.

Literatura citada

Alende, M., Lancaster, P. A., Spangler, M. L., Pordomingo, A. J. and Andrae, J. G. 2016. Residual feed intake in cattle. Physiological basis: A Review. *Revista Argentina de Producción Animal*, 32:49-56.

Alford A. R., Hegarty R.S., Parnell P. F., Cacho O.J., Herd R. M. and Griffith G. R. 2006. The impact of breeding to reduce residual feed intake on enteric methane emissions from the Australian beef industry. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 46: 813-820.

Archer, J. A., Richardson, E. C., Herd, R. M., and Arthur, P. F. 1999. Potential for selection to improve efficiency of feed use in beef cattle: a review. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 50:147–161. doi:10.1071/A98075

Arthur, P. F., Archer, J. A., Johnston, D. J., Herd, R. M., Richardson, E. C. and Parnell, P. F. 2001a. Genetic and phenotypic variance and covariance components for feed intake, feed efficiency and other postweaning traits in Angus cattle. *Journal of Animal Science*, 79: 2805-2811.

-
- Arthur, P. F. and Herd, R. M. 2005. Efficiency of feed utilisation by livestock – Implications and benefits of genetic improvement. *Canadian Journal of Animal Science*, 85: 281-290.
- Arthur, P. F. and Herd, R. M. 2008. Residual feed intake in beef cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia (Brazilian J. Anim. Sci.)*, 37 (Special Supplement): 269-279.
- Arthur, P. F., Archer, J. A. and Herd, R.M. 2004. Feed intake and efficiency in beef cattle: Overview of recent Australian research and challenges for the future. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 44: 361-369.
- Arthur, P. F., Archer, J. A., Herd, R. M. and Melville, G. J. 2001b. Response to selection for net feed intake in beef cattle. *Proceedings of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics*, 13: 135-138.
- Arthur P. F., Herd R. M., Wilkins J. F. and Archer J. A. 2005. Maternal productivity of Angus cows divergently selected for post-weaning residual feed intake. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 45: 985-993.
- Arthur P. F., Renand ,G. and Krauss, D. 2001c. Genetic and phenotypic relationships among different measures of growth and feed efficiency in young Charolais bulls. *Livestock Production Science*, 68: 131-139.
- Baldassini, W. A., Ramsey, J. J., Branco. R. H., Bonilha. S. F. M., Chiaratti. M. R., Chaves. A. S., and Lanna D. P. D. 2018. Estimated heat production, blood parameters and mitochondrial DNA copy number of Nelore bulls (*Bos indicus*) with high and low residual feed intake. *Livestock Science*, 217:140–147. doi: 10.1016/j.livsci.2018.10.004
- Barwick, S. A., Wolcott, M. L., Johnstone, D. J., Burrow, H. M. and Sullivan, M. T. 2009. Genetics of steer daily and residual feed intake in two tropical beef genotypes, and relationships among intake, body composition, growth and other post-weaning measures. *Animal Production Science*, 49: 351-366.
- Basarab, J. A., Beauchemin, K. A., Baron, V. S., Ominski, K. H., Guan, L. L., Miller, S. P., and Crowley, J. J.. 2013. Reducing GHG emissions through genetic improvement for feed efficiency: Effects on economically important traits and enteric methane production. *Animal*, 7(Suppl 2):303–315. doi: 10.1017/S1751731113000888
- Basarab, J. A., Price, M. A., Aalhus, J. L., Okine, E. K., Snelling, W. M. and Lyle, K. L. 2003. Residual feed intake and body composition in young growing cattle. *Canadian Journal of animal Science*, 83: 189-204.

-
- Cantalapiedra-Hijar, G., Abo-Ismael, M., Carstens, G. E., Guan, L. L., Hegarty, R., Kenny, D. A., McGee, M., Plastow, G., Relling, A., and Ortigues-Marty, I. 2018. Review: biological determinants of between-animal variation in feed efficiency of growing beef cattle. *Animal*, 12(s2):s321–s335. doi:10.1017/S1751731118001489
- Cruz, G. D., Rodriguez-Sanchez, J. A., Oltjen, J. W., and Sainz, R. D. 2010. Performance, residual feed intake, digestibility, carcass traits, and profitability of Angus- Hereford steers housed in individual or group pens. *Journal of animal Science*, 88:324–329. doi:10.2527/jas.2009-1932.
- Hafla, A. N., Carstens, G. E., Forbes, T. D., Tedeschi L. O., Bailey, J. C., Walter, J. T., and Johnson, J. R. 2013. Relationships between postweaning residual feed intake in heifers and forage use, body composition, feeding behavior, physical activity, and heart rate of pregnant beef females. *Journal of animal Science*, 91:5353–5365. doi:10.2527/jas.2013-6423.
- Hegarty, R. S., Goopy, J. P., Herd, R. M. and McCorkell, B. 2007. Cattle selected for lower residual feed intake have reduced daily methane production. *Journal of animal Science*, 85:1479–1486.
- Herd R. M., Arthur, P. F., Hegarty, R. S. and Archer, J. A. 2002. Potential to reduce greenhouse gas emissions from beef production by selection for reduced residual feed intake, *Proceedings of the seventh World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 31: 281-284.
- Herd, R. M., Dicker, R. W., Lee, G. J., Johnston, D. J., Hammond, A. J. and Oddy V. H. 2004. Steer growth and feed efficiency on pasture are favorably associated with genetic variation in sire net feed intake. *Animal Production in Australia*, 25: 93-96.
- Herd, R.M. and Bishop, S.C. 2000. Genetic variation in residual feed intake and its association with other production traits in British Hereford cattle. *Livestock Production Science* 63: 111–119
- Hoque, M. A., Arthur, P. F., Hiramoto, K. and Oikawa, T. 2006. Genetic parameters for carcass traits of field progeny and their relationships with feed efficiency traits of their sire population for Japanese Black (Wagyu) cattle. *Livestock Science*, 99: 111-118. <https://doi.org/10.1093/jas/skab275>
- Johnson, J. R., Carstens, G. E., Krueger, W. K., Lancaster, P. A., Brown, E. G., Tedeschi, L. O., Anderson, R. C., Johnson, K. A., and Brosh, A. 2019. Associations between residual feed intake and apparent nutrient digestibility, in vitro methane-producing activity, and volatile fatty acid concentrations in growing beef cattle. *Journal of animal Science*, 2019.97:3550–3561 doi: 10.1093/jas/skz195

-
- Kenny, D. A., Fitzsimons, C., Waters, S. M., and McGee, M. 2018. Invited review: improving feed efficiency of beef cattle - the current state of the art and future challenges. *Animal*. 12:1815–1826. doi:10.1017/S1751731118000976.
- Lam, S., Munro, J. C., Zhou, M., Guan, L. L., Schenkel, F. S., Steele, M. A., Miller, S. P., and Montanholi, Y. R. 2018. Associations of rumen parameters with feed efficiency and sampling routine in beef cattle. *Animal*. 12:1442–1450. doi:10.1017/S1751731117002750.
- Lancaster, P. A., Carstens, G. E., Ribeiro, F. R., Tedeschi, L. O., and Crews, D. H. Jr. 2009. Characterization of feed efficiency traits and relationships with feeding behavior and ultrasound carcass traits in growing bulls. *Journal of animal Science*, 87(4):1528–1539. doi: 10.2527/jas.2008-1352
- Lawrence, P., Kenny, D. A., Earley, B., and McGee, M. 2012. Grazed grass herbage intake and performance of beef heifers with predetermined phenotypic residual feed intake classification. *Animal*. 6:1648–1661. doi:10.1017/S1751731112000559.
- Lawrence, P., Kenny, D. A., Earley, B., and McGee, M. 2013. Intake of conserved and grazed grass and performance traits in beef suckler cows differing in phenotypic residual feed intake. *Livestock Science*, 152(2–3):154–166. doi: 10.1016/j.livsci.2012.12.024
- McDonnell, R. P., Hart, K. J., Boland, T. M., Kelly, A. K., McGee, M., and Kenny, D. A. 2016. Effect of divergence in phenotypic residual feed intake on methane emissions, ruminal fermentation, and apparent whole-tract digestibility of beef heifers across three contrasting diets. *Journal of animal Science*, 94(3):1179–1193. doi: 10.2527/jas2015-0080
- Moore, S. S., Mujibi, F. D., and Sherman, E. L. 2009. Molecular basis for residual feed intake in beef cattle. *Journal of animal Science*, 87:E41–47. doi: 10.2527/jas.2008-1418
- Nkrumah, J. D., Okine, E. K., Mathison, G. W., Schmid, K., Li, C., Basarab, J. A., Price, M. A., Wang, Z., and Moore, S. S. 2006. Relationships of feedlot feed efficiency, performance, and feeding behaviour with metabolic rate, methane production, and energy partitioning in beef cattle. *Journal of Animal Science*, 85: 145-153.
- Nkrumah, J. D., Basarab, J. A., Price, M. A., Okine, E. K., Ammoura, A., Guercio, S., Hansen, C., Li, C., Benkel, B., Murdoch, B., et al. 2004. Different measures of energetic efficiency and their phenotypic relationships with growth, feed intake, and ultrasound and carcass merit in hybrid cattle. *Journal of animal Science*, 82:2451–2459. doi:10.2527/2004.8282451x
- Nkrumah, J. D., Okine, E. K., Mathison, G. W., Schmid, K., Li, C., Basarab, J. A., Price, M. A., Wang, Z., and Moore, S. S. 2006. Relationships of feedlot feed efficiency, performance, and feeding behavior with metabolic rate, methane production, and energy partitioning in beef cattle. *Journal of animal Science*, 85:2711–2720

-
- Potts, S. B., Boerman, J. P., Lock, A. L., Allen, M. S. and VandeHaar, M. J. 2017. Relationship between residual feed intake and digestibility for lactating Holstein cows fed high and low starch diets. *Journal of Dairy Science*, 100(1):265–278. doi: 10.3168/jds.2016–11079
- Richardson, E. C., Herd, R. M., Archer, J. A. and Arthur, P. F. 2004. Metabolic differences in Angus steers divergently selected for residual feed intake. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 44:441–452.
- Herd, R. M., Velazco, J. I., Smith, H., Arthur, P. F., Hine, B., Oddy H., Dobos, R. C., and Hegarty, R. S. 2019. Genetic variation in residual feed intake is associated with body composition, behavior, rumen, heat production, hematology, and immune competence traits in Angus cattle. *Journal of animal Science*, 2019.97:2202–2219. doi: 10.1093/jas/skz077
- Sharma, V. K., Kundu S. S., Datt, C., Prusty, S., Kumar, M., and Sontakke, U. B. 2018. Buffalo heifers selected for lower residual feed intake have lower feed intake, better dietary nitrogen utilisation and reduced enteric methane production. *Journal of Animal Physiology and Nutrition*. 102(2): E607–E614. doi: 10.1111/jpn.12802
- Smith, P. E., Waters, S. M., Kenny, D. A., Kirwan, S. F., Conroy, S. and Kelly, A. K. 2021. Effect of divergence in residual methane emissions on feed intake and efficiency, growth and carcass performance, and indices of rumen fermentation and methane emissions in finishing beef cattle. *Journal of Animal Science*, 2021, Vol. 99, No. 11, 1–13

EFICIENCIA DE CONVERSIÓN Y SU EVALUACIÓN GENÉTICA

LOS APORTES DE LA GENÓMICA PARA ESTA CARACTERÍSTICA DIFÍCIL DE MEDIR Y DE ALTO IMPACTO ECONÓMICO

Dr. Horacio R. Guitou / Dr. Aldo Monti

INTRODUCCIÓN

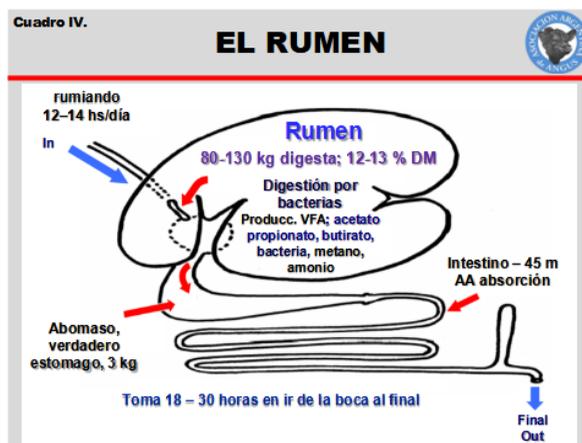
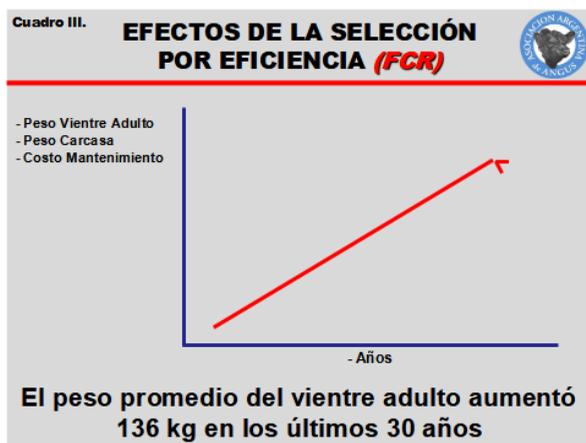
En bovinos, la eficiencia de conversión es una de las características más importantes por su incidencia en los costos. Son muchos los factores que inciden en la misma, como se muestra en el Cuadro I. En el Cuadro II, que muestra la conversión por especie, se ve claramente que, en el caso de los bovinos, dicha conversión es muy baja con relación a los peces, aves y porcinos. En estas dos últimas especies, los avances en eficiencia han sido muy importantes. También es importante mencionar que, en estas dos especies, la forma de crianza individual ha permitido medir correctamente el consumo individual y hacer grandes avances en eficiencia de conversión; así lo hicieron ocho o nueve empresas que tienen concentrada la distribución de las diferentes líneas genéticas.





Sin embargo, en los bovinos de carne (rumiantes), durante muchos años se ha estado seleccionando por mayor ganancia diaria promedio (GDP) o mayor peso, sin tener en cuenta el consumo, lo cual ha llevado a incrementar el peso y en muchos casos el tamaño adulto de los vientres y, por ende, los gastos de mantenimiento de los mismos (**Cuadro III**). Los requerimientos de mantenimiento de los bovinos de carne no han cambiado en los últimos cien años (Johnson, Ferrell y Jenking, 2003). Más del 50% del consumo total es usado para los gastos de mantenimiento del Peso Adulto (PA) para llegar a la faena (Gordon Dickerson, 1970). El 65-70% de los costos totales de energía es usado por los vientres para su mantenimiento en los rodeos de cría (Johnson, Ferrel, NRC, 1996). Si uno lograra 5% de mejora en eficiencia alimenticia, tendría un impacto económico cuatro veces más grande que 5% de mejora en la GDP (Gibb y McAllister, 1999). El método usado en el pasado, que hacía el cociente entre el alimento y la ganancia (F: G) – Ratio de Conversión Alimenticia (FCR), incrementaba el tamaño adulto de los vientres (Herd y Bishop, 2000).

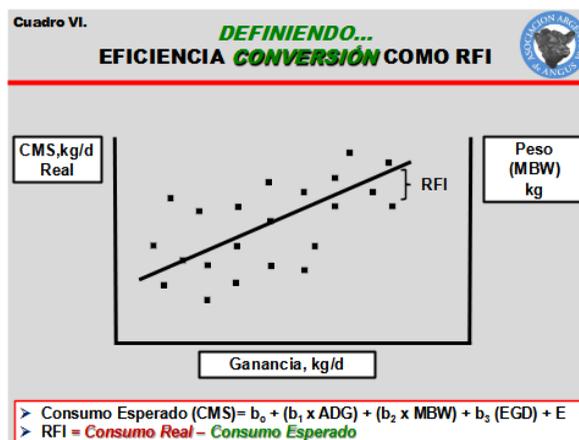
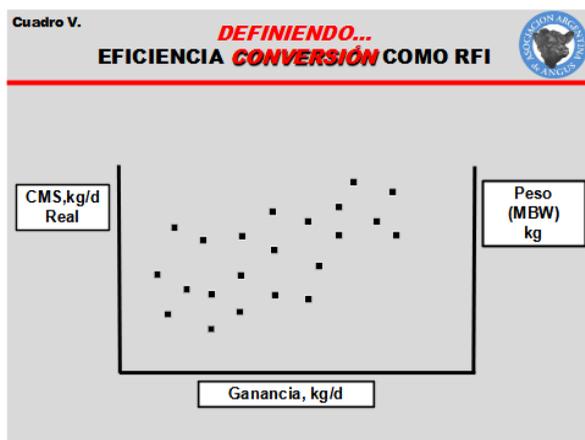
Sin duda, el rumen tiene un rol fundamental, pues es un fermentador que transforma pastura o alimentos, en los nutrientes necesarios para mantenimiento y producción (**Cuadro IV**). El 65% de la digestión ocurre en el rumen. Provee el 60-70% de los nutrientes, y como ya mencionamos, el alimento representa el 50-70% de los costos. Los vientres, y los bovinos en general, regulan su microflora y los productos de la digestión. La eficiencia diferencial podría venir de su microflora. Los vientres más grandes tienen mayores necesidades energéticas.



Por tal motivo, Koch y colaboradores, ya en 1963 habían expresado que la continua selección por mayores ganancias y pesos no mejoraba la eficiencia de conversión, sino que aumentaba los gastos de mantenimiento y el tamaño, e insistió en la necesidad de medir consumo individual, como alternativa de evaluación para seleccionar por eficiencia de conversión. La imposibilidad de contar con infraestructura para realizarlo demoró dicha recomendación. Sin embargo, en los últimos 15 años se desarrollaron corrales metabólicos con comederos inteligentes, que permiten medir el consumo individual de materia seca (CMS) y calcular el consumo individual residual, más conocido como RFI, por sus siglas en inglés, siendo GrowSafe y Calan Broabet los más utilizados. El Dr. Aníbal Pordomingo, nutricionista del INTA-Anguil, ha hecho un excelente trabajo en crear corrales metabólicos nacionales con comederos inteligentes, con el componente informático necesario para la recolección de datos de consumo individual, los cuales son muy similares a los dos mencionados y de mucho menor costo.

DEDINIENDO CONSUMO RESIDUAL o RFI

En el **Cuadro V**, cada uno de los puntos internos representa el consumo real de materia seca (CMS) de cada animal, para lograr determinada ganancia (kg/d). A través de la ecuación de regresión lineal múltiple, usando la ganancia y el peso metabólico de los animales ($P^{3/4}$), se puede calcular el consumo esperado. El RFI es la diferencia entre el consumo real y el consumo esperado de materia seca, que para cada uno de estos animales es el punto que está sobre la línea regresión, como muestra el **Cuadro VI**.



En consecuencia, podemos ver gráficamente como matemáticamente, que el RFI es la diferencia entre el consumo real y el consumo esperado. Los puntos en rojo representan a los animales que han tenido consumos reales menores a los esperados, para lograr una determinada ganancia.

Cabe destacar que:

- El RFI (Consumo residual) es una primera alternativa, es decir un insumo, de medición de eficiencia alimenticia.
- La variación en el consumo (RFI) es independiente de lo que se necesita para mantenimiento y/o producción.
- Sin embargo, el RFI es un dato fenotípico (Genética + Ambiente), no una herramienta genética para hacer selección. Pero podemos decir que:

– RFI = tienden a ser más eficiente en valores fenotípicos

+ RFI = tienden a ser menos eficientes en valores fenotípicos

En los Cuadros VII y VIII se observa la importancia del RFI, donde la tendencia es detectar los animales (toros, toritos, vientres y vaquillonas) con –RFI, es decir los de menores gastos de mantenimiento, lo cual beneficia la distribución de los nutrientes destinados a la producción.

Cuadro VII. **EFICIENCIA ALIMENTICIA RFI: Lo destacado**



- > **El RFI es genéticamente independiente del peso corporal y de la ganancia diaria promedio.**
- > **Seleccionar por RFI no genera animales de mayor tamaño ni de más rápido crecimiento.**
- > **Podría reflejar la energía de requerimientos de mantenimiento de un animal.**

Cuadro VIII. **Mejorar la eficiencia en la utilización de alimentos o ajustar los nutrientes al ambiente**

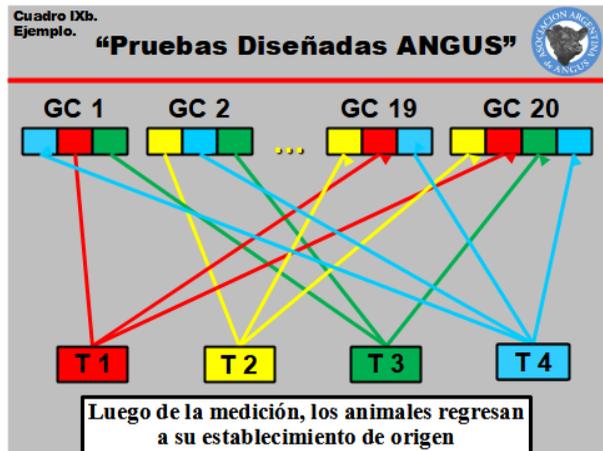


3/10/2012 - National Angus Conference and Tour - Wichita, KS

Entrando a la evaluación genética

Lo descrito hasta ahora son conceptos que confirman la importancia de recopilar datos asociados a eficiencia de conversión, como Consumo de Materia Seca (DMI) o Consumo Individual, para estimar el Consumo residual (RFI). Pero cabe aclarar que, hasta este momento, del RFI aún no ha sido eliminados efectos ambientales para obtener los DEP correspondientes.

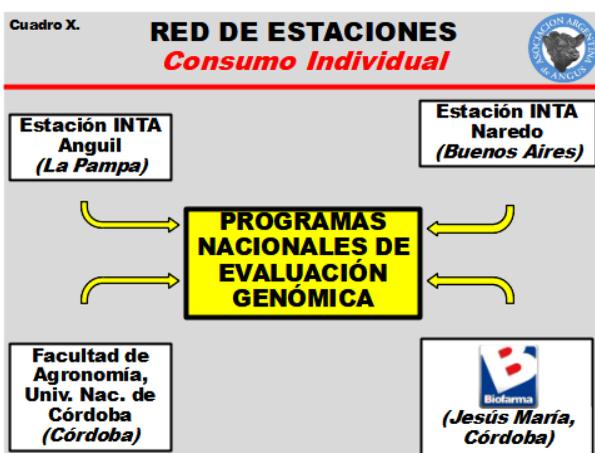
Esto requirió, usar “Pruebas Diseñadas”, previo al inicio de la 1° Prueba Nacional Angus de Eficiencia de Conversión y las subsiguientes, es decir una correcta toma de datos (Cuadro IX), donde los valores obtenidos de consumo individual sean correctamente comparables entre sí, lo cual implica que los toritos vengan con su o sus grupos contemporáneos y que exista conexiones genealogías entre los animales participantes de las pruebas mencionadas entre las mismas a través de los años. Sin este meticuloso diseño, los datos obtenidos no pueden ser incorporados a nuestra nueva Base Nacional de Datos de eficiencia de conversión, para predecir correctamente los DEP clásicos de Consumo Residual (RFI) y los DEP clásicos de Consumo de Materia Seca (DMI), que en primera instancia serán entregados a los criadores que participan en las mencionadas pruebas. Estos sí, son la mejor herramienta de selección genética, pues se eliminan efectos los efectos ambientales.



El principal objetivo de la Asociación es ir recopilando datos para poder formar una “población de referencia”, para avanzar más rápido hacia los DEP Enriquecidos. Y es aquí, en estas características difíciles de medir por su costo y tiempo, donde la evaluación genómica hace su mayor aporte.

Como lo comentaré, los toritos participantes en estas pruebas y sus padres serán genotipados.

La mencionada 1ª Prueba se llevo a cabo en las instalaciones del Centro Experimental de Nutrición Animal Biofarma (CENAB), en Jesús María, Córdoba, bajo un estricto protocolo. Sin embargo, hay otras potenciales estaciones de testaje dado que la idea fue siempre participar con animales en una red de estaciones de medición de consumo individual, para acumular más datos (Cuadro X). En los Cuadros XI y XII se muestran algunas de las instalaciones.



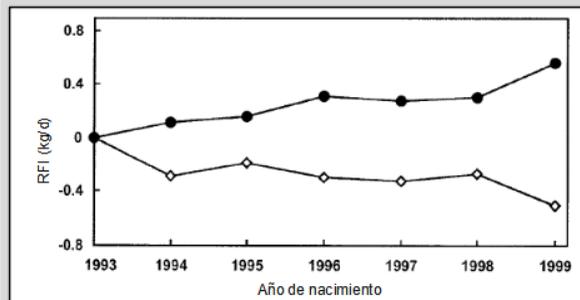
Cuadro XII. Medición de Consumo Individual



En el **Cuadro XIII** se ve la respuesta a la selección divergente en posdestete, a través de RFI, lo cual está indicando un componente genético importante, pues dicha característica tiene una heredabilidad de moderada a alta, según los cálculos en diferentes estudios (0.41/0.52).

Cuadro XIII. Respuesta a la selección en posdestete de RFI en la raza Angus

Respuesta directa a la selección (alto vs. bajo) = 0.227 kg/d por año



Arthur et al (2001)

Los **Cuadros XIV, XV, XVI y XVII** resumen la terminología de los DEP Enriquecidos que, desde 2010, se vienen prediciendo en la raza Angus en la American Angus Association, Canadian Angus Association y Angus Society of Australia y la correcta interpretación de los mismos y su impacto económico.

Cuadro XIV. Terminologías DEP Enriquecidos

➤ **DEP-DMI (Consumo de Materia Seca)**

- $h^2 = 0,33$ a $0,40$.

Toro A	0,200
Toro B	0,400
Diferencia	0,200 lb/día

- Se espera que las progenies del **Toro B** consuman **0,200 lb más de alimento por día**, con base en materia seca, comparado a las progenies del **Toro A**.
- FI expresado en Materia Seca. **FI = DMI**

Cuadro XV. Terminologías DEP Enriquecidos

➤ **DEP-RFI (Residual Feed Intake)**

- $h^2 = 0,41$ a $0,52$.
- **RFI = Consumo Real - Consumo Esperado**

Toro A	-0,05
Toro B	0,10
Diferencia	0,15 lb

- Se espera que las progenies del **Toro A** consuman **0,15 lb menos de alimento por día**, con base en materia seca, comparado a las progenies del **Toro B**, dando los mismos niveles de ganancia posdestete.
- Si es así, los **DEP-RFI negativos** son los más favorables.

Cuadro XVI. Terminologías DEP Enriquecidos

➤ **DEP-RADG (Ganancia Diaria Promedio Residual)**

- Es un predictor de la **ganancia posdestete** de futuras progenies de un toro comparado con las progenies de otro toro. Supuesto: igual consumo (FI o DMI)
- $h^2 = 0,31$ a $0,41$

Toro A	+0,22	0,75
Toro B	-0,09	0,75
Diferencia	0,31 lb	

- En promedio, uno esperaría que las progenies del **Toro A** ganen al posdestete **0,31 lb más** que las progenies del **Toro B**.
- Su cálculo depende de varias características: **PD, ganancia diaria posdestete, espesor de grasa dorsal, consumo de materia seca (DMI)**.

Cuadro XVII. Beneficios económicos con RADG

DEP Enriquecido (RADG)	
Toro A	+0,22
Toro B	-0,09
Diferencia	0,31 lb/día

Significado 0,31 lb./día ¿valor?

Performance en feedlot
 160 días en feedlot x 31 lb/día
 = 49,6 lb
 1 lb = 0.453 kg
 Valor adicional de peso
 49,6 lb x US\$ 105/cwt peso vivo
 = US\$ 52,08/cabeza

US\$ 52,08/cabeza de ventaja
Toro A sin costo adicional

Algunas asociaciones de criadores predicen el DEP de RFI en sus programas nacionales de evaluación genómica, como se indica el **Cuadro XV**. En el caso de la American Angus Association, tiene un DEP-DMI (CMS o DMI) y crea otro DEP-ADGR (ganancia diaria promedio residual), el cual es un DEP combinado entre la ganancia promedio residual con una ponderación del DEP-EGD (espesor de grasa dorsal) y se expresa en kilos ganados por día (o lb/día). De esta forma, tiene en cuenta una pequeña porción de la composición corporal. A diferencia del DEP-RFI, donde los valores más negativos son los más eficientes, en el caso del DEP-ADGR los animales más positivos son los más eficientes (**Cuadro XVI y XVII**).

El aporte de la evaluación genómica en características difíciles de medir

Por lo expresado en la presente revisión bibliográfica, medir consumo individual no es sencillo, pues requiere el acceso a una infraestructura concentrada (comederos inteligentes) y una logística costosa en dinero y tiempo. Esto hace que la toma de datos sea limitada en cantidad de animales. Consciente de esta situación, la American Angus Association logró formar una población de referencia (training population), midiendo animales bajo un estricto protocolo,

en aquellos lugares que contaban con la mencionada infraestructura, como estaciones de prueba, universidades, feedlots y criadores privados. Ello le permitió formar una población de referencia y medir 23.115 animales con consumo individual de CMS (DMI) y RADG en dichas instalaciones. Dichos animales fueron genotipados, con lo cual pudieron estimar el valor de los SNP (marcadores moleculares) asociados a las mencionadas características. Este es el gran aporte de la evaluación genómica en aquellas características difícil de medir que están asociadas a la eficiencia de conversión, lo cual se ve bien reflejada en el **Cuadro XVIII**, donde a través de esos 23.115 animales medidos y genotipados, pudieron evaluar con DEP Enriquecidos 1.293.359 animales, a través del solo genotipado de los mismos.

Cuadro XVIII.

American Angus Association



Característica	N° de registros	N° DEP- Enriquecidos	Promedio	SD	Mín	Máx
FPD, %	1.635.122	10.135.425	3	6	-39	24
PN, lb	8.575.227	11.103.865	1,0	2,3	-12,7	16,0
PD, lb	9.190.155	11.103.865	25	23	-81	119
PA, lb	4.526.786	11.103.865	43	42	-140	211
Ganancia diaria promedio residual (RADG) lb/d	25.115	1.293.259	0,18	0,05	-0,15	0,44
Consumo de materia seca. (DMI), %	25.115	1.293.259	-0,4	0,7	-4,16	2,82
Altura al año, inches	964.772	2.419.650	0,4	0,5	-2,3	2,6
Circunferencia escrotal, cm	973.800	2.645.793	0,53	0,54	-3,77	3,86
Docilidad, %.	302.016	1.578.471	13	8	-48	43

Impacto Económico del DEP-RFI

A continuación, vemos el impacto económico que tendría reducir el consumo de alimento en solo 2 lb/día (0,907 kg) sin cambio en la producción, es decir usando toros padres de DEP-RFI = -2 lb. En este caso se presenta el efecto conjunto de los dos sistemas de producción en Estados Unidos: recría + engorde y engorde, los cuales varían en el peso de entrada y salida de los novillos. Si se toman los 27.000.000 de cabezas hasta peso de faena, acumulando ambos sistemas, el ahorro total sería de US\$ 1.192.160.476 (**Cuadro XIX**).

Cuadro XIX.

Estimación del Impacto Económico en USA: -RFI



Ahorro de Costo Nacional Anual

Impacto de la reducción de 2 lb/día FI (Consumo), sin cambio en la producción

Peso Entrada	Peso Salida	Gana neta (lb)	Gana neta día rta	Días de Consumo	RFI/día (lb)	RFI Total (lb)	Ahorro Costo Alimento (Pec o/Cab)	% Ahorro Total Alimento	Ahorro Total en Alimento
Período Recría + Engorde									
800	1250	850	3,5	188	0,0	0			
800	1250	850	3,5	188	-2,0	-372	(54,72)	34	US\$ 502.820.858
Período de Engorde									
775	1300	525	4,0	131	0,0	0			
775	1300	525	4,0	131	-2,0	-262	(38,67)	88	US\$ 889.539.820
Ahorro Total: U\$ 1.192.160.476									
Ganado engordado hasta peso de faena / año: 27.000.000 Cab.; Gasto en alimento / Período / Cab: U\$ 294,62									

Ejemplo Pruebas Diseñadas Angus: A continuación presentamos la recopilación y evaluación de cuatro “pruebas diseñadas” (CENAB, INTA- NAREDO e INTA ANGUIL). Están ahora en proceso tres pruebas más.

Cuadro XX.

Base de Datos Eficiencia de Conversión



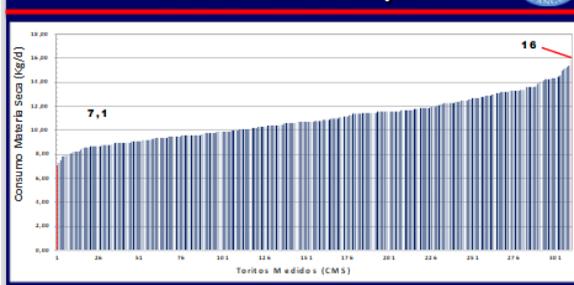
- 24 Criadores
- Toritos medidos = 312
- Toritos evaluados = 312
- Toros Padres evaluados = 117
- Vientres evaluados = 301
- Ancestros evaluados = 546
- Total animales evaluados = 1276**

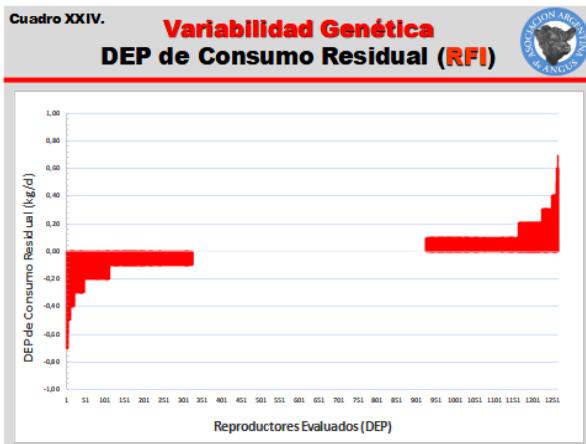
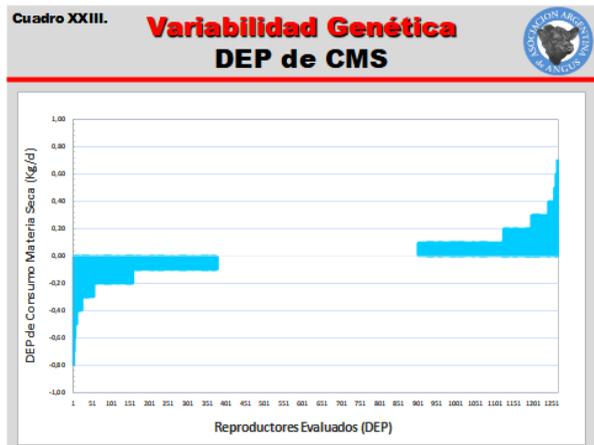
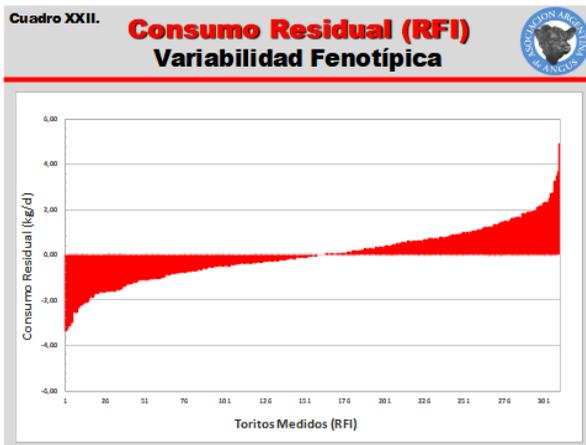
Cuadro XXI.

Consumo de Materia Seca (CMS) Variabilidad Fenotípica



Consumo Materia Seca (CMS) Variabilidad Fenotípica



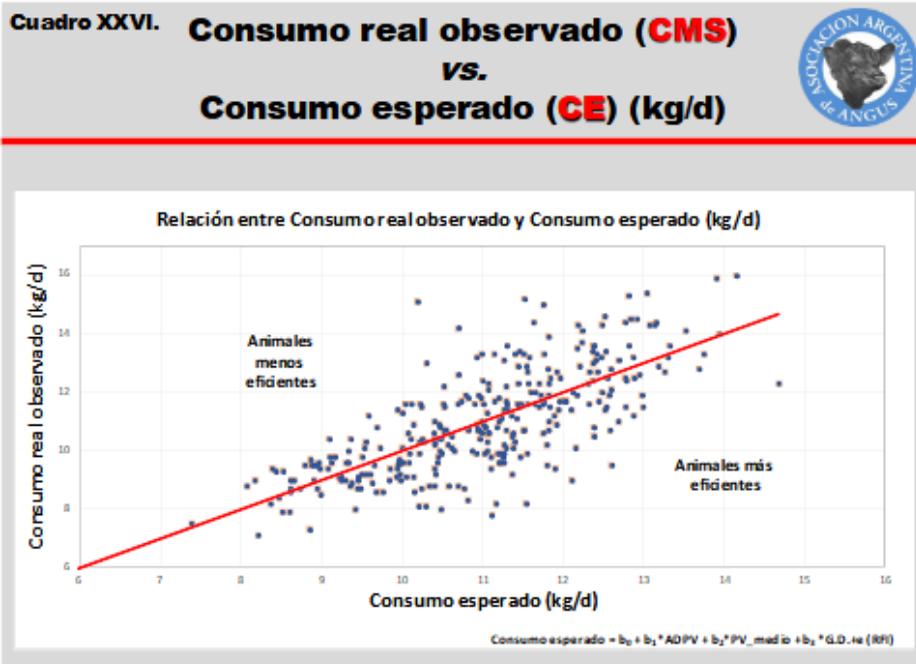


Cuadro XXV. Rango de DEP Clásicos CMS y RFI por Categoría

CATEGORIAS

Características	Rango de DEPs			
	Unidades	Toritos (N = 312)	Toros Padres (N = 177)	Vientres (N = 301)
Consumo de Materia Seca (CMS)	kg/d	-0.8 a +0.7	-0.6 a +0.6	-0.4 a +0.4
Consumo Residual (RFI)	kg/d	-0.7 a +0.7	-0.5 a +0.4	-0.3 a +0.4

En el **Cuadro XX**, se muestra la cantidad de datos analizados genéticamente con DEP Clásicos pues a cada criador se le entrega la evaluación genética. Cuando uno ve en el **Cuadro XXI** las diferencias extremas de los valores fenotípicos de pesadas promedio de CMS la misma son alrededor de 9 kg/día. El **Cuadro XXII** muestra una similar diferencia entre los valores fenotípicos extremos de RFI (8.5 kg/día), como fue mencionado estos valores incluyen genética + ambiente. Cuando hacemos la evaluación genética de todos los datos de las cuatro pruebas diseñadas, las cuales están genealógicamente interconectadas y con los DEP Clásicos logramos a través de los grupo contemporáneos de las pruebas diseñadas, sacarle los efectos ambientales, los DEP difieren en aproximadamente en 1 kg/día, lo cual es un valor importante (**Cuadro XIX, XXIII, XXIV y XXV**). Usar toros padres de -1 DEP-RFI, da un impacto económico muy grande, como fue mostrado en la faena de 27.000.000 de cabezas en USA. Esto estimula seguir avanzando en la recopilación de datos para una población de referencia.



Conclusiones

El éxito y la continua selección por animales de mayores pesos o ganancias han llevado a incrementar el tamaño adulto y por ende los gastos de mantenimiento. Esto implica, en muchos casos, afectar la eficiencia en los rodeos de cría y a su vez a necesitar más alimento para llegar al peso de faena. En otras palabras, no se ha avanzado en eficiencia de conversión. La medición de eficiencia de conversión tiene como principal objetivo bajar los gastos de mantenimiento o al menos no incrementarlos, lo cual permite distribuir mejor el aprovechamiento de los nutrientes.

El actual desafío es usar tecnologías que nos permitan medir la eficiencia de conversión. La toma de datos de consumo individual, a través de los comederos inteligentes, nos permite en primera instancia obtener información de reproductores que consumen menos y obtienen igual ganancia sin incrementar el tamaño. La identificación por selección temprana de vaquillonas con menor consumo (DEP-RFI) ha sido evaluada y se vio que no afecta su productividad futura cuando son adultas. El consumo en vaquillonas gestantes fue 22% menor y en el caso de vaquillonas con cría al pie fue 11% menor que las vaquillonas alto RFI. La tasa de preñez es igual con RFI divergentes. Algunas críticas al impacto en fertilidad en hembras fueron dejadas de lado por los mismos autores cuando en el modelo para calcular el consumo esperado (**Cuadro XXVI**) como hemos hecho, se incluye el espesor de la grasa dorsal. Para que la evaluación genómica haga sus aportes a la selección por DEP-RFI Enriquecidos, se necesita obtener la mayor cantidad de datos fenotípicos para formar una población de referencia, pues la misma es totalmente dependiente de la continua toma de datos para recalibrarse y estimar mejor el valor de los SNP asociados a RFI. Más datos fenotípicos implican mejor evaluación genómica.

Desde hace varios años, varios trabajos de investigación han mencionado que la selección por DEP-RFI negativos, producían una reducción del consumo de alimento en un 10-12% en novillos, vaquillonas y vientres (Arthur y colaboradores, 2001; Basarab y colaboradores, 2003; Herd y colaboradores, 2002); baja la producción de calor en 9-10 % (Basarab y colaboradores, 2003; Nkrumah y colaboradores, 2004); y también baja las emisiones de metano (CH₄) en 9-12% y la producción de bosta, N, P, K en 15-17% (Okine y colaboradores, 2001 y 2002; y Arthur y colaboradores, 2002).

Cuadro XXVII. Selección por -RFI decrece un 5% la Grasa total de la Res



- No hay diferencia en la Composición de la Res: Carne, Hueso y Grasa **subcutánea????**.
- Algo menos de Grasa entre-Músculos.
- No hay diferencia en la distribución de los 9 Cortes.
- No hay diferencias en Todos los Cortes.
- Menos Grasa en Cavidades Corporales en Butt y Loin.

En lo que respecta a composición corporal, el **Cuadro XXVII** refleja alguna de las conclusiones bibliográficas halladas. Futuros trabajos irán aportando y esclareciendo las correlaciones entre distintas características de interés económico. Las causas que generan animales más eficientes podrían estar dadas, por tener una mejor digestión (metabolismo) o por una mejor absorción de nutrientes. Siempre, recordamos que, en bovinos de carne, nunca se tiene que seleccionar por una única característica. Estas características asociadas a eficiencia son importante por lo expresado son de alta relevancia, pero en bovinos para carne la selección tiene que ser balanceada y en el siguiente orden de prioridad: eficiencia reproductiva, precocidad de crecimiento, rendimiento y calidad de carne.

GLOSARIO DE TÉRMINOS UTILIZADOS

A

Aborto [Abortion]: Liberación y pérdida del feto entre la concepción y el parto normal.

Ad libitum [Ad libitum]: A voluntad.

Ácido desoxirribonucleico - ADN [Deoxyribonucleic acid - DNA]: Sustancia química que almacena, dentro de cada célula, la información genética única para un individuo. Es el material básico de la herencia, el componente principal de los cromosomas. Una molécula de ADN tiene la apariencia de una doble hélice y está compuesta por nucleótidos, donde cada uno consiste en un azúcar, un grupo fosfato y una base orgánica. Cada individuo tiene un código genético particular que está determinado por la secuencia de bases en su ADN.

Alelo [Allele]: Forma alternativa de los genes que se presenta en un locus determinado.

Alelo dominante [Dominant allele]: Alelo cuyo efecto fenotípico se manifiesta por sobre el efecto del otro gen en el mismo locus. Ejemplo: el alelo para color negro (N) es dominante sobre el para color rojo (n), por lo que un animal con el genotipo Nn (heterocigota) nacerá negro manifestando el mismo fenotipo que si fuera NN (homocigota).

Alelo recesivo [Recessive allele]: Variante génica cuyo efecto fenotípico se expresa sólo en estado homocigota. Tomando el ejemplo anterior, el animal nacerá colorado si fuera nn (homocigota).

Aminoácido [Amino acid]: Compuesto químico que constituye la base de las proteínas (o polipéptidos).

Asociación de criadores [Breed association]: Entidad que agrupa a los criadores de una raza, siendo responsable de su promoción y difusión, como así también de organizar la evaluación genética conjuntamente con la unidad ejecutora.

B

Beef Improvement Federation [BIF]: Federación de organizaciones, empresas, asociaciones de criadores, instituciones académicas y productores ganaderos involucrados en la evaluación genética de bovinos de carne en Estados Unidos.

Best Linear Unbiased Prediction [BLUP]: La metodología de Modelos Mixtos es la usada para predecir las DEP usando la información fenotípica y genealógica. Dichas DEP tienen importantes

propiedades estadísticas denominadas BLUP, donde “best” significa que minimiza la varianza del error de predicción de una función “lineal” de datos y que son “predictores” no sesgados (“unbiased”).

Bos indicus [Bos indicus]: Subespecie de ganado bovino originario del sur de Asia. Conocido como cebú, tienen una giba prominente sobre la región escapular. Ejemplo: raza Nelore.

Bos taurus [Bos taurus]: Subespecie de ganado bovino originado mayormente en Asia occidental. Ejemplos: razas Angus, Bonsmara, Hereford, Limousin y Shorthorn.

C

Calpaína [Calpain]: Enzima que degrada las fibras musculares y es responsable de otorgar ternura a la carne.

Calpastatina [Calpastatin]: Enzima que inhibe la acción de la calpaína.

Característica cualitativa [Qualitative trait]: Carácter donde el fenotipo se expresa en distintas categorías, como por ejemplo: negro vs. Colorado, o mocho vs. astado. En general sólo uno o muy pocos genes están involucrados en la expresión de los caracteres cualitativos.

Característica cuantitativa [Quantitative trait]: Carácter donde el fenotipo se expresa con una variación gradual y continua, por ejemplo: peso al destete, circunferencia escrotal, área de ojo de bife, etc. La determinación génica se debe a la acción de muchos genes, así como también al ambiente.

Característica económicamente relevante - CER [Economically relevant trait - ERT]: Carácter cualitativo o cuantitativo que afecta directamente el ingreso económico del productor.

Circunferencia escrotal [Scrotal circumference]: Medición del tamaño de los testículos que se obtiene al registrar el perímetro del escroto con una cinta métrica para tal fin (escrotímetro). La circunferencia escrotal está asociada con la cantidad de semen producida por el toro y con la edad a la que sus hermanas y crías ingresan a la pubertad (precocidad sexual).

Clon [Clone]: Organismo genéticamente idéntico al individuo del cual fue originado.

Coefficiente de consanguinidad [Inbreeding coefficient]: Probabilidad de que un individuo reciba dos copias idénticas (por vía paterna y materna) de un mismo gen ancestral.

Condición corporal [Body condition]: Puntaje que refleja las reservas de grasa en el cuerpo de un bovino, teniendo en cuenta los lugares de deposición de las mismas. La condición corporal es expresada en una escala numérica.

Conformación [Conformation]: Descripción de la forma de las partes del cuerpo de un animal.

Consanguinidad [Inbreeding]: Apareamiento entre individuos que se encuentran más emparentados entre sí que con el promedio de la población.

Conversión alimenticia [Feed conversion]: Unidades de alimento consumidas por unidad de producto animal. Ejemplo: kilos de alimento consumidos para obtener una ganancia diaria de peso de 1 kilo diario.

Correlación genética aditiva [Genetic additive correlation]: Medida del grado de asociación entre dos caracteres que varían en forma conjunta. La correlación puede variar entre valores de +1 y -1. Una correlación positiva (+) indica que a medida que una característica aumenta, la otra también lo hace. Una correlación negativa (-) indica que cuando un carácter se incrementa el otro disminuye paralelamente. Si la correlación es cero (0), no existe asociación entre los dos caracteres.

Correlación fenotípica [Phenotypic correlation]: Correlación causada por factores genéticos y ambientales, conjuntamente.

Cromosoma [Chromosome]: Disposición física del ADN en el núcleo de cada célula. Los bovinos poseen 30 pares de cromosomas.

Cruzamiento [Crossbreeding]: Apareamiento de animales de diferentes razas o subespecies, resultando frecuentemente en la presencia de heterosis (vigor híbrido) para varios caracteres económicamente importantes.

D

Dato fenotípico [Performance data]: Valor medido objetivamente de un carácter reproductivo, de crecimiento o de calidad de carne.

DEP - Diferencia esperada entre progenies [EPD - Expected progeny difference]: Es la predicción de la mitad del valor de cría de un animal, para un carácter en particular. Esta forma de expresar el valor de cría predicho, se debe a que la progenie recibe solamente un medio de los genes de cada progenitor. Los valores de DEP se expresan en la misma unidad que la característica correspondiente (kg, cm, etc.).

Descarte [Culling]: Proceso que consiste en retirar del rodeo los animales indeseables.

Distocia o dificultad de parto [Dystocia or calving difficulty]: Parto anormal que se caracteriza por la dificultad para liberar el feto y/o la placenta.

E

EBV [Estimated breeding value]: Predicción del valor de cría completo del animal. Numéricamente equivale a dos veces la DEP. Es decir: $EBV = 2 \times DEP$.

Efectos ambientales [Environmental effects]: Conjunto de todas las condiciones externas (no genéticas) que influyen sobre la reproducción, producción y mérito de carcasa de los bovinos (fenotipo). Existen efectos ambientales identificables y codificables tales como: sexo, manejo, etc. Otros efectos ambientales no son identificables ni codificables.

Efecto directo [Direct effect]: Efecto sobre un carácter debido a la acción de los genes propios del animal, como el caso de crecimiento para el peso al destete.

Efecto materno [Maternal effect]: Efecto sobre un carácter debido al ambiente que le transmite su madre, como el caso de la aptitud materna para el peso al destete.

Enzima [Enzyme]: Sustancia de naturaleza proteica que cataliza reacciones químicas.

Época de parición [Calving season]: Momento del año en que nacen los terneros.

Evaluación de res [Carcass evaluation]: Medición fenotípica de los componentes de calidad y cantidad carnicera en la res.

F

F1 [F1]: Descendencia resultante del apareamiento entre reproductores de razas puras distintas.

Facilidad de parto [Calving ease]: Característica que refleja la aptitud de la hembra para parir sin asistencia.

Factores de ajuste aditivos [Additive adjustment factors]: Valores expresados en las mismas unidades que la característica evaluada (por ejemplo: kg para peso al destete) y que se suman o restan al fenotipo de un animal, de modo de poder predecir posteriormente su mérito genético.

Factores de ajuste multiplicativos [Multiplicative adjustment factors]: Valores numéricos que se multiplican al fenotipo de un animal, de modo de poder predecir posteriormente su mérito genético.

Fenotipo [Phenotype]: Manifestación externa observable o medible de un genotipo, como por ejemplo: color, peso, etc.

Frame score [Frame score]: Estimación del tamaño adulto de un bovino. El frame score toma valores entre 1 y 10. Su cálculo está basado en la alzada del animal (altura desde el piso hasta la punta de la cadera) y en su edad al momento de la medición.

G

Ganancia diaria promedio [Average daily gain]: Nivel de cambio diario en el peso corporal de un animal durante un período específico de tiempo.

Ganancia predestete [Preweaning gain]: Ganancia de peso de un animal lograda entre el nacimiento y el destete.

Ganancia posdestete [Postweaning gain]: Ganancia de peso de una animal lograda entre el destete y su terminación.

Gen [Gene]: Unidad fundamental, física y funcional de la herencia.

Genética cuantitativa [Quantitative genetics]: Disciplina dentro de la genética que estudia la herencia de los caracteres cuantitativos.

Genética molecular [Molecular genetics]: Disciplina dentro de la genética que estudia los procesos moleculares inherentes a la estructura y funcionamiento de los genes.

Genoma [Genome]: Totalidad de la información genética incluida en el ADN de los individuos de una especie.

Genotipo [Genotype]: Conjunto de genes de un animal.

Germoplasma [Germplasm]: Colección de recursos genéticos de una especie que permiten perpetuarla.

Grado de tipificación de la res [Carcass grade]: Sistema de clasificación de las reses bovinas sobre la base de la conformación muscular y el engrasamiento, cuyo objetivo es efectuar un primer control de calidad en la planta de faena.

Grupo contemporáneo [Contemporary group]: En forma sintética, podemos decir que es un grupo de animales de similar edad y de la misma raza, que han sido criados en las mismas condiciones de manejo. Para más detalle, ver sección 2.4 (Grupos contemporáneos).

H

HBA – Herd Book Argentino: Número de identificación de un animal en el registro genealógico de la Sociedad Rural Argentina.

Heredabilidad [Heritability]: Fracción de las diferencias entre animales, que son transmitidas en promedio a su descendencia. La heredabilidad de las distintas características varía entre cero (0) y uno (1).

Heterocigota [Heterozygote]: Genotipo en el que los dos alelos de un locus son diferentes.

Heterosis o vigor híbrido [Heterosis or hybrid vigor]: Comportamiento superior de los individuos cruzas recíprocos F1, en comparación con sus padres puros.

Homocigota [Homozygote]: Genotipo en el que los dos alelos de un locus son iguales.

I

Identificación por ADN [DNA fingerprint]: Método de identificación de la paternidad de un bovino empleando un grupo de genes marcadores.

Inseminación artificial [Artificial insemination]: Técnica por medio de la cual el semen, procesado y diluido, se introduce instrumentalmente dentro del útero de la hembra hacia el final del celo con el fin de producir la preñez.

Intervalo generacional [Generation interval]: Edad promedio de los padres cuando nace la descendencia destinada a reemplazarlos. Debe computarse separadamente para toros y vacas. El promedio de ambos representa la duración promedio de los reproductores dentro del rodeo.

Intervalo posparto [Postpartum interval]: Cantidad de días entre el parto y el primer estro después del mismo.

L

Lactancia [Lactation]: Período de amamantamiento del ternero, entre su nacimiento y el destete.

Locus [Locus]: Sitio específico de un cromosoma en el cual se ubica un gen determinado. El plural se denomina loci.

M

Marcadores genéticos o moleculares [Molecular or genetics markers]: Genes, segmentos de ADN o nucleótidos que se encuentran cercanos a genes que gobiernan caracteres económicos y que se transmiten a la descendencia por herencia mendeliana simple.

Microsatélite [Microsatellite]: Tipo de marcador genético, utilizado en la identificación genealógica de algunas especies, como en los bovinos, que consiste en repeticiones de las secuencias de pares de bases del ADN.

Mocho [Polled]: Ganado naturalmente sin cuernos.

Modelo Animal [Animal Model]: Modelo de evaluación del mérito genético, que incluye el valor de cría del animal al cual pertenece el dato y los de su padre y madre (si son conocidos), y que tiene en cuenta el valor de cría de los animales con que se aparea.

N

Nucleótido [Nucleotide]: Subunidad de ADN compuesta por un azúcar, una base nitrogenada y un grupo fosfato.

P

Palatabilidad [Palatability]: Conjunto de características organolépticas de un alimento, independientemente de su valor nutritivo, que hacen que para un determinado individuo dicho alimento sea más o menos placentero.

Par de bases [Base pair]: Bases complementarias encontradas en una molécula de ADN. Hay cuatro bases diferentes: adenina (A), timina (T), citosina (C) y guanina (G).

Parientes colaterales [Collateral relatives]: Aquellos animales emparentados a un individuo que no son ni sus ancestros ni sus descendientes directos. Son por ejemplo, los hermanos enteros, los medio hermanos, los primos, etc.

Pedigree [Pedigree]: Registro genealógico de un animal y sus ancestros. La información de pedigree es utilizada para establecer la relación genética entre los animales incluidos en una evaluación genética.

Plantel [Breeding herd]: Conjunto de animales resultantes de la selección del criador.

Polimorfismo [Polymorphism]: Existencia de variantes alélicas dentro de una población.

Polipéptido [Polypeptide]: Cadena constituida por aminoácidos para formar las proteínas.

Posparto [Postpartum]: Período inmediatamente posterior al parto de un animal.

Precisión [Accuracy]: Medida del grado en que la DEP predice el verdadero valor de cría de un animal para cada característica evaluada. El valor de precisión puede variar entre 0 y 1; cuanto más cerca de 1, más confiable será la DEP.

Productores comerciales [Commercial producers]: Aquellos productores cuyo objetivo principal es generar animales para el mercado o para la reposición de su rodeo.

Progenie [Progeny]: Grupo de crías o descendencia de un toro o una vaca.

Prueba de progenie [Progeny testing]: Predicción del valor de cría de los reproductores, empleando los datos fenotípicos de sus progenies.

Pubertad [Puberty]: Edad en la que los órganos reproductivos comienzan su funcionalidad y se hacen aparentes las características sexuales secundarias.

Puntaje o código para facilidad de parto [Calving ease score]: Código que describe la facilidad de parto, variando de 1 (sin asistencia) hasta 5 (mala presentación). En caso de no registrarse el parto, puede codificarse con el número 6.

Q

QTL - Loci de carácter cuantitativo [Quantitative trait loci]: locus dentro del genoma que tiene un efecto sobre una característica cuantitativa. La posición exacta del QTL suele ser desconocida, por lo cual la selección se realiza empleando un marcador molecular en posición conocida, presuntamente cercana a la del QTL.

R

Raza [Breed]: Grupos en que se subdividen algunas especies biológicas a partir de una serie de características que se transmiten hereditariamente.

Raza británica [British breed]: Razas originadas en Gran Bretaña, como por ejemplo: Angus, Hereford y Shorthorn.

Raza compuesta [Composite breed]: Raza formada a partir de la combinación de otras razas, como por ejemplo: Brangus, Braford, Limangus, Santa Gertrudis, etc.

Raza continental o europea [Continental or european breed]: Razas originarias de Europa continental, como por ejemplo: Charolais, Limousin y Simmental.

Retrocruza [Backcross]: Individuos que surgen del cruzamiento entre un animal cruce F1 y reproductores de una de las razas parentales. Un ejemplo de primera retrocruza se obtiene al cruzar vacas F1 "caretas" (Angus x Hereford) con toros Angus o Hereford.

Rodeo cerrado [Closed herd]: Plantel en el que toda la reposición es interna, sin introducción de reproductores externos.

S

Selección [Selection]: Reproducción diferencial, elección de ciertos animales y descarte de otros, como padres de las próximas generaciones de terneros. La selección se efectúa al elegir como padres aquellos animales de mérito genético predicho superior, para las características de interés.

Selección asistida por marcadores moleculares - SAM [Marker assisted selection - MAS]: Utilización de la información de los marcadores moleculares o genéticos para seleccionar alelos específicos conectados a QTL (quantitative trait loci) y, por lo tanto, a características específicas.

SNP – Polimorfismo de un único nucleótido [SNP - Single nucleotide polymorphism]: Tipo más común de marcador genético que consiste en un nucleótido de ADN para una posición en particular, dentro del genoma.

Standoff: Guía del transductor.

T

Temperamento [Temperament]: Característica asociada con la docilidad o agresividad de un animal en relación con otros animales o con los seres humanos.

Tendencia genética [Genetic trend]: Estimación del cambio anual en el valor de cría de los animales de una raza para una característica en particular. Se calcula a partir de los promedios en los valores de cría predichos, para los animales nacidos en una serie de años consecutivos.

Transferencia embrionaria [Embryo transfer]: Extracción de óvulos fertilizados (embriones) de una vaca (donante), generalmente en respuesta a una superovulación inducida con hormonas, e implantación de los mismos en otras hembras (receptoras).

U

Unidad ejecutora: Entidad académica o tecnológica encargada de llevar a cabo un programa oficial de evaluación genética para cada una de las asociaciones de criadores.

Ultrasonido [Ultrasound measurement]: Método no invasor utilizado para medir características carniceras en el animal en pie.

V

Valor de cría [Breeding value]: Mérito genético transmisible de un animal para una determinada característica, que constituye su valor como reproductor. Existe un valor de cría para cada carácter, y el mismo depende de la población en la que el animal es evaluado.

Varianza [Variance]: Cifra estadística que describe la variabilidad o las diferencias entre individuos para una característica en una población.

Veteado o marmóreo: [Marbling]: Estimación visual de la grasa intramuscular, efectuada por técnicos especializados que clasifican las reses con un puntaje para cada animal faenado, de acuerdo a la magnitud del veteado en el área ubicada entre las costillas 12° y 13°.

IDENTIFICACIÓN DE LOS ANIMALES DE UN RODEO

El éxito de todo programa de evaluación genética radica en la calidad de información que el criador envía a la asociación de criadores correspondiente, para la posterior evaluación de sus datos.

Es por esto que la piedra fundamental en todo programa de control de producción es la correcta identificación de los animales y la necesidad de su permanencia a través de su vida productiva. Si el criador no puede identificar sus animales en cada una de las etapas productivas, la información remitida no será verdadero reflejo del rodeo y, por lo tanto, tampoco lo serán los resultados de las evaluaciones.

A continuación presentamos, a modo de ejemplo, algunos métodos para realizar una correcta identificación de los animales:

- **Tatuaje:** Es imprescindible el método de tatuaje para mantener una identificación permanente. Lo más aconsejable es que tanto el número de la caravana como el del tatuaje sea el mismo. Se recomienda desengrasar la parte interna de la oreja y tatuar en la “calle” del medio de la misma. Utilizar pasta de buena calidad. Es conveniente complementarlo con caravana para agilizar su lectura.
- **Caravana:** Es un sistema de identificación sencillo y rápido. Su desventaja es la pérdida de la misma. De fácil lectura en cualquier situación (a campo/manga).
- **Marca a fuego:** Si bien la identificación por los métodos anteriores es suficiente, la caravana puede perderse y el tatuaje resulta de imposible lectura a campo. Otro método para identificar a los animales es con marca a fuego. Para esta identificación se utilizan números, usualmente de 10 cm, debiendo tomarse la precaución de pelar esta marca en el invierno, a los fines de tener una mejor lectura.

A los fines prácticos, lo ideal es la combinación de dos de los sistemas antes mencionados, ya que los métodos de fácil lectura en el campo (caravana) no son permanentes (pérdida). Por lo tanto, se recomienda una combinación de caravana y tatuaje/marca a fuego con el objetivo de reconocer fácilmente al animal en el campo y que perdure su identificación en el tiempo.

Es importante también asegurar un sistema de identificación *único*. Para ello, a continuación se detallan, a modo de ejemplo, algunas prácticas que simplifican su implementación:

- **Números correlativos:** Con este sistema se identifica al primer animal con el número 1, al segundo con el número 2, etc. Cada animal adicional recibe el número siguiente en escala ascendente.
- **Sistema del año de nacimiento:** Se pueden emplear las dos últimas cifras del año de nacimiento (ejemplo: 96 para 1996) como primeros números identificatorios, y luego se agrega el registro particular (RP) de cada animal.
- **Diferenciar machos y hembras:** Mediante la identificación de un sexo con números pares y el opuesto con impares.

Es importante remarcar que éstas son sólo recomendaciones para facilitar la identificación de los animales dentro de un rodeo. Cada establecimiento deberá considerar la metodología más conveniente para la identificación de sus propios animales y los requerimientos propios de cada asociación de criadores.

A partir de marzo de 2006, la identificación de los bovinos de nuestro país tiene regulaciones que por primera vez involucran a los animales destinados a faena para el mercado interno.

Las resoluciones Nro. 103/06 de la SAGPyA y 754/06 del SENASA, determinan la utilización de un doble juego de caravanas (botón-botón en oreja derecha y botón-tarjeta en oreja izquierda). Este sistema se ha aplicado en forma progresiva desde entonces, siendo obligatorio para todos los destetes en la actualidad. De esta forma, a lo largo del tiempo, todos los animales bovinos del rodeo nacional estarán identificados.

Para el caso específico de los animales nacidos en cabañas, ya sean de pedigree o los registrados en los distintos programas llevados por las asociaciones de criadores, el SENASA ha sancionado la resolución N° 370/07, la cual se transcribe a continuación.



Para información específica sobre el sistema de identificación que corresponda a su raza, por favor contactar a la asociación de criadores correspondiente y/o a la Sociedad Rural Argentina. Para consultar el texto de las normas citadas: <http://infoleg.gov.ar/>

TEXTO DE LA RESOLUCIÓN N° 370/07

BUENOS AIRES, 20 de Junio de 2007

VISTO el expediente N° EXP-S01:0060830/2007, el Decreto N° 688 de fecha 27 de marzo de 1981, del PODER EJECUTIVO NACIONAL, la Resolución N° 22 de fecha 2 de agosto de 1982, de la Ex-SECRETARÍA DE AGRICULTURA Y GANADERÍA, 188 de fecha 17 de marzo de 1999, de la Ex-SECRETARÍA DE AGRICULTURA, GANADERÍA, PESCA Y ALIMENTACIÓN, 103 de fecha 3 de marzo del 2006, de la SECRETARÍA DE AGRICULTURA, GANADERÍA, PESCA Y ALIMENTOS, y la Resolución N° 754 de fecha 30 de octubre del 2006 del registro del SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA, y CONSIDERANDO:

Que el Decreto N° 688/1981 delega en la Asociación Criadores de Holando Argentino las funciones de organización, fiscalización y certificación de control de producción de ganado lechero en todo el territorio del país.

Que mediante la Resolución EX-SAYG N° 22/1982 se aprobó el “Reglamento de Control Lechero”, presentado por la mentada Asociación.

Que mediante la Resolución EX-SAGPYA N° 188/1999 se reconoce como Registros Genealógicos y Selectivos autorizados de las diversas especies y razas de animales de pedigrí a los que organizó y administra la SOCIEDAD RURAL ARGENTINA.

Que mediante la Resolución SAGPyA N° 103/2006, se creó el “Sistema Nacional de Identificación de Ganado Bovino”.

Que la Resolución SENASA N° 754/2006 reparó en la existencia de diferentes sistemas de identificación, y consideró la necesidad de su simplificación en un sistema nacional único que permitiera una mayor eficiencia en la gestión sanitaria.

Que el Sistema Nacional de Identificación de Ganado Bovino no especifica acerca de la identificación de los animales inscritos en los Registros Genealógicos de la SOCIEDAD RURAL ARGENTINA, las Asociaciones de Criadores de las distintas razas bovinas y bubalinas y del Control Lechero Oficial de la ASOCIACIÓN CRIADORES DE HOLANDO ARGENTINO.

Que la SOCIEDAD RURAL ARGENTINA es tenedora desde hace más de un siglo de los principales Registros Genealógicos, Selectivos y de Producción de animales de pedigrí de la especie bovina en el país.

Que la SOCIEDAD RURAL ARGENTINA, las Asociaciones de Criadores de las distintas razas bovinas y bubalinas y registros del Control Lechero Oficial de la ASOCIACIÓN CRIADORES DE

HOLANDO ARGENTINO, consolidaron a lo largo de ese tiempo una larga tradición de idoneidad y eficiencia en la administración de los Registros correspondientes.

Que la SOCIEDAD RURAL ARGENTINA, desarrolló y posee una estructura técnico - administrativa adecuada para organizar y preservar la información registral que brinda.

Que han tomado la debida intervención la Dirección Nacional de Sanidad Animal, la Dirección Nacional de Fiscalización Agroalimentaria, la Dirección de Agroquímicos, Productos Farmacológicos y Veterinarios y la Coordinación de Gestión Técnica y Comunicaciones.

Que la Dirección de Asuntos Jurídicos ha tomado la intervención que le compete.

Que el suscripto es competente para dictar la presente resolución en virtud de lo dispuesto en el artículo 8º, inciso h) del Decreto N° 1585 de fecha 19 de diciembre de 1996, sustituido por su similar N° 680 del 1º de septiembre de 2003, en concordancia con lo dispuesto por el artículo 8º de la Resolución N° 103 del 3 de marzo del 2006. Por ello,

EL PRESIDENTE DEL SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA RESUELVE:

ARTÍCULO 1º.- Reconócese el Sistema de Identificación, codificación y registros vigente de la SOCIEDAD RURAL ARGENTINA, a cada una de las Asociaciones de Criadores de las distintas razas bovinas y bubalinas, con personería jurídica y reconocidas en sus Registros, y la ASOCIACIÓN CRIADORES DE HOLANDO ARGENTINO tenedora del Control Lechero Oficial.

ARTÍCULO 2º.- El cumplimiento del artículo 4º y 11º de la Resolución SENASA N° 754/06 para los animales de Pedigrí, Puros Controlados, Puros Registrados, del Registro de Crías y otras denominaciones equivalentes según razas de las Entidades, mencionadas en el artículo anterior, será sustituido por los artículos 3º y 9º respectivamente de la presente.

ARTÍCULO 3º.- Los bovinos, a que refiere la presente, serán identificados, con una caravana del tipo "tarjeta" en la oreja izquierda, cuyas características serán elegidas por las Entidades, y que, como mínimo, contendrá el código de identificación individual del animal (RP). Una segunda caravana, del tipo "botón-botón" en la oreja derecha con el formato e información determinado en el Anexo I de la Resolución SENASA N° 754/06. Los animales que, perteneciendo a los establecimientos asociados, no pertenezcan a alguno de los mencionados registros, estarán obligados al pleno cumplimiento de la mencionada resolución.

ARTÍCULO 4º.- Será responsabilidad del productor, aplicar la identificación a que refiere la presente, no más allá del destete o antes de mover a los terneros, lo que primero ocurra.

ARTÍCULO 5º.- Una vez que el productor haya identificado los animales, deberá completar la Planilla de Identificación de los Bovinos que acompaña a las caravanas adquiridas, y en la

columna “observaciones” expresará el código de identificación individual del animal. Posteriormente la presentará en la Oficina Local de SENASA de su jurisdicción. El original queda en poder del Servicio, mientras que el duplicado quedará en poder del productor, inutilizado mediante el estampado del sello oficial.

ARTÍCULO 6°.- La SOCIEDAD RURAL ARGENTINA informará a SENASA las Asociaciones de criadores reconocidas en sus Registros, indicando el tipo de ganado que dicha Asociación ahí registra.

ARTICULO 7°.- La SOCIEDAD RURAL ARGENTINA, Asociaciones de Criadores y la ASOCIACIÓN CRIADORES DE HOLANDO ARGENTINO remitirán a SENASA, de la manera que éste lo determine, el listado de los Establecimientos existentes en sus Registros, donde figure el Nombre y/o Razón Social, N° de RENSPA, además deberá adjuntar la cantidad de animales inscriptos en los Registros de Pedigrí, Puros Controlados, Puros Registrados o del Registro de Crías, de cada uno. Esta información se actualizará, conforme se produzcan altas y bajas de los respectivos registros. No obstante lo manifestado, el Servicio podrá solicitar, toda vez que crea necesario, información de los productores y/o animales alcanzados por la presente.

ARTICULO 8°.- La SOCIEDAD RURAL ARGENTINA, las Asociaciones de Criadores de las distintas razas bovinas y bubalinas y la ASOCIACIÓN CRIADORES DE HOLANDO ARGENTINO remitirán a SENASA, de la manera que éste lo determine, el listado de los animales que, por la causa que fuere, se dan de baja de sus Registros. A los mismos se los deberá reidentificar, de acuerdo al Anexo II de la Resolución SENASA N° 754/06 de SENASA.

ARTICULO 9°.- La SOCIEDAD RURAL ARGENTINA, las Asociaciones de Criadores de las distintas razas bovinas y bubalinas y la ASOCIACIÓN CRIADORES DE HOLANDO ARGENTINO remitirán a SENASA, de la manera que éste lo determine, el listado de los animales que hubieren perdido su caravana botón-botón con la numeración oficial, de manera de autorizar la reimpresión del mismo número para su reidentificación. La comunicación deberá informar la razón social del productor afectado, número del REGISTRO NACIONAL SANITARIO DE PRODUCTORES AGROPECUARIOS (RENSPA), la CLAVE ÚNICA DE IDENTIFICACIÓN GANADERA (CUIG), Código verificador, el código de identificación individual del animal y número extraviado.

ARTICULO 10°.- La SOCIEDAD RURAL ARGENTINA, las Asociaciones de Criadores de las distintas razas bovinas y bubalinas y la ASOCIACIÓN CRIADORES DE HOLANDO ARGENTINO continuará usando sus códigos de criador y sus códigos de identificación individual de los animales, como así también sus documentos y Registros. A éstos últimos agregará un campo de manera de vincular al código de identificación individual del animal, el número oficial que corresponde.

ARTICULO 11°.- Los productores ganaderos deberán tener en su establecimiento una Archivo donde se conservará, en forma secuencial, la documentación respaldatoria de movimientos de

ingresos, egresos, actas de vacunaciones contra la Fiebre Aftosa y Brucelosis, factura de compras de elementos de identificación y Planillas de Identificación de los Bovinos.

ARTICULO 12°.- El incumplimiento a lo dispuesto en la presente Resolución será pasible de las sanciones establecidas en el artículo 18 del Decreto 1585 de fecha 19 de diciembre de 1996.

ARTICULO 13°.- Comuníquese, publíquese, dése a la Dirección Nacional del Registro Oficial y archívese. Dr. Jorge Néstor AMAYA

TEXTO DE LA RESOLUCIÓN N° 257/2017 con modificaciones de la anterior

BUENOS AIRES, 21 de Abril de 2017

RESOLUCIÓN-257-2017-SENASA - SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA

SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA

Resolución 257-E/2017

VISTO el Expediente N° S05:0044443/2016 del Registro del MINISTERIO DE AGROINDUSTRIA, las Resoluciones Nros. 103 del 3 de marzo de 2006 de la ex-SECRETARÍA DE AGRICULTURA, GANADERÍA, PESCA Y ALIMENTOS, 754 del 30 de octubre de 2006, 867 del 19 de diciembre de 2006 y 563 del 1 de noviembre de 2012, todas del SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA, las Disposiciones Nros. 292 del 18 de marzo de 2003 y 955 del 22 de junio de 2004, ambas de la Dirección de Agroquímicos, Productos Farmacológicos y Veterinarios del mencionado Servicio Nacional, y

CONSIDERANDO:

Que mediante la Resolución N° 103 del 3 de marzo de 2006 de la ex- SECRETARÍA DE AGRICULTURA, GANADERÍA, PESCA Y ALIMENTOS, se creó el Sistema Nacional de Identificación de Ganado Bovino.

Que la Resolución N° 754 del 30 de octubre de 2006 del SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA instrumentó el Sistema Nacional de Identificación de Ganado Bovino mediante la creación de la Clave Única de Identificación Ganadera (CUIG) que identifica individualmente a cada productor pecuario del país en cada establecimiento agropecuario (RENSPA).

Que la Resolución N° 867 del 19 de diciembre de 2006 del citado Servicio nacional, extendió el Sistema Nacional de Identificación de Ganado Bovino a la especie ganado Bupalino.

Que la Resolución N° 563 del 1 de noviembre de 2012 del SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA, amplió el alcance de la identificación en bovino, bupalinos y ciervos, haciendo extensivo a todas las categorías que no se encontraban abarcadas por la citada Resolución N° 754/06.

Que el Sistema Integrado de Gestión de Sanidad Animal (SIGSA) creado por Resolución N° 356 del 17 de octubre de 2008 de la ex-SECRETARÍA DE AGRICULTURA, GANADERÍA, PESCA Y ALIMENTOS, representa una herramienta sustancial para el control de la sanidad animal y la salud

pública, debido a que permite conocer la procedencia de todos los bovinos o bubalinos que se movilizan o comercializan a nivel nacional y, además, establece las bases para el desarrollo de sistemas de rastreabilidad más precisos y de mayor alcance en estas y otras especies.

Que la Dirección de Asuntos Jurídicos ha tomado la intervención que le compete.

Que la presente medida se dicta en virtud de lo dispuesto en el Artículo 8°, incisos e) y f) del Decreto N° 1.585 del 19 de diciembre de 1996, sustituido por su similar N° 825 del 10 de junio de 2010.

Por ello,

EL PRESIDENTE DEL SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA

RESUELVE:

ARTÍCULO 1°.- Sustitución. Se sustituye el Artículo 4° de la Resolución N° 754 del 30 de octubre de 2006 del SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA, el que quedará redactado de la siguiente manera: **ARTÍCULO 4°.-** La identificación de los bovinos, bubalinos y cérvidos será individual, única y permanente. La misma debe ser realizada, en cada animal, a través de la aplicación de UNA (1) caravana del tipo botón-botón en la oreja derecha, la cual podrá incluir opcionalmente tecnología de identificación por radiofrecuencia (RFID) de baja frecuencia. Esta tecnología opcional podrá ser utilizada una vez que el SENASA homologue los sistemas correspondientes. La caravana deberá ser aplicada de modo tal que la numeración quede visible en la cara externa del pabellón auricular de la oreja derecha. En ningún caso dicha caravana botón deberá ser retirada voluntariamente.

Opcionalmente el productor podrá colocar UNA (1) caravana tarjeta complementaria en la oreja izquierda (binomio botón-tarjeta), manteniendo la misma información de la caravana botón, de considerarlo necesario para su manejo dentro del establecimiento.

a) Se extiende el Sistema Nacional de Identificación a todos los ciervos, pertenecientes a las especies *Cervus elaphus* (Ciervo colorado), *Dama dama* (Ciervo dama o gamo) y *Axis axis* (Axis o chital), cuyo alcance de aplicación se limita a los establecimientos dedicados a la cría de ciervos con fines comerciales y que deseen remitir animales con destino a faena para exportación a la UNIÓN EUROPEA.

b) En el caso de los bovinos, bubalinos y cérvidos, cuyos establecimientos de nacimiento no se hallen alcanzados por la vacunación contra la Fiebre Aftosa, será obligatoria la doble caravana, una del tipo botón-botón en la oreja derecha y otra del tipo tarjeta en la oreja izquierda, ambas del mismo color y número individual, cumpliendo con las especificaciones detalladas en el Anexo de la presente resolución.

ARTÍCULO 2°.- Sustitución. Se sustituye el Artículo 8° de la referida Resolución N° 754/06, el que quedará redactado de la siguiente manera: **ARTÍCULO 8°.-** Será responsabilidad del productor aplicar la identificación a que refiere la presente, al primer movimiento, al cambio de titularidad o ante la realización de tareas sanitarias o tratamientos medicamentosos que así lo requieran, lo que primero ocurra.

a. En el caso de los bovinos, bubalinos y cérvidos, cuyos establecimientos no se hallen alcanzados por la vacunación contra la Fiebre Aftosa la identificación debe realizarse al destete o al primer movimiento, lo que primero ocurra.

b. En el caso de los Establecimientos que formen parte del Registro de Establecimientos Rurales Proveedores de ganado para faena de exportación a la UNIÓN EUROPEA (Resolución N° 53 del 6 de febrero de 2017) deberán realizar la identificación al destete o al primer movimiento, lo que ocurra primero.

ARTÍCULO 3°.- Sustitución. Se sustituye el Artículo 10 de la referida Resolución N° 754/06, el que quedará redactado de la siguiente manera: **ARTÍCULO 10.-** En el caso de los bovinos, bubalinos y cérvidos, cuyos establecimientos de nacimiento se hallen abarcados por la vacunación contra la Fiebre Aftosa, el productor debe completar la Planilla de Identificación de los bovinos, bubalinos y cérvidos que acompaña a las caravanas adquiridas y archivarla en su carpeta documental.

a) En el caso de los bovinos, bubalinos y cérvidos, cuyos establecimientos de nacimiento no se hallen alcanzados por la vacunación contra la Fiebre Aftosa deberá completar la Planilla de Identificación de bovinos, bubalinos y cérvidos que acompaña a las caravanas adquiridas y presentarla en la Oficina Local del SENASA a los efectos de hacer efectiva la declaración de colocación de las caravanas..

b) En el caso de los Establecimientos que formen parte del Registro de Establecimientos Rurales Proveedores de ganado para faena de exportación a la UNIÓN EUROPEA (citada Resolución N° 53/17), deberá completar la Planilla de Identificación de bovinos, bubalinos y cérvidos que acompaña a las caravanas adquiridas y presentarla en la Oficina Local del SENASA, o declarar las mismas mediante autogestión, a los efectos de hacer efectiva la declaración de colocación de las caravanas..

ARTÍCULO 4°.- Sustitución. Se sustituye el Artículo 11 de la referida Resolución N° 754/06, el que quedará redactado de la siguiente manera: **ARTÍCULO 11. Reidentificación.** Ante la pérdida o ilegibilidad del elemento de identificación se debe proceder a la reidentificación del animal. El productor que realice la reidentificación será quien haya detectado la pérdida o ilegibilidad del dispositivo (botón), independientemente de quien haya sido quien realizó la identificación

original. La reidentificación debe realizarse con una nueva caravana del tipo botón-botón, correspondiente a la unidad productiva donde se localice el animal.

ARTÍCULO 5°.- Sustitución. Se sustituye el Anexo I de la citada Resolución N° 754/06, por el Anexo, registrado bajo el N° IF-2017-06682369-APN-PRES#SENASA el cual se adjunta a la presente resolución.

ARTÍCULO 6°.- Abrogación. Se abrogan las Resoluciones Nros. 867 del 19 de diciembre de 2006 y 563 del 1 de noviembre de 2012, ambas del SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA.

ARTÍCULO 7°.- Infracciones. Los infractores a la presente resolución son pasibles de las sanciones previstas en el Capítulo V de la Ley N° 27.233, sin perjuicio de las medidas preventivas que puedan adoptarse de acuerdo a la Resolución N° 38 del 3 de febrero de 2012 del ex-MINISTERIO DE AGRICULTURA, GANADERÍA Y PESCA.

ARTÍCULO 8°.- Incorporación. Se debe incorporar la presente resolución al Libro Tercero, Parte Tercera, Título I, Capítulo II, Sección 1ª y Subsección 1 y 2 del Índice Temático del Digesto Normativo del SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA, aprobado por la Resolución N° 401 del 14 de junio de 2010 y su complementaria N° 738 del 12 de octubre de 2011, ambas del citado Servicio Nacional.

ARTÍCULO 9°.- Vigencia. La presente resolución entrará en vigencia a partir del 1° de julio de 2017.

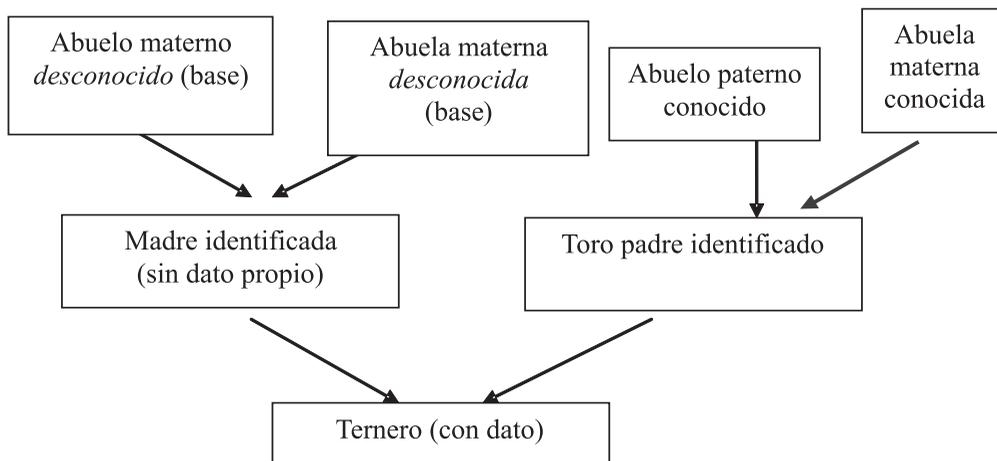
ARTÍCULO 10.- Comuníquese, publíquese, dése a la Dirección Nacional del Registro Oficial y archívese. Jorge Horacio Dillon.

NOTA: El/los Anexo/s que integra/n este(a) Resolución se publican en la edición web del BORA www.boletinoficial.gob.ar y también podrán ser consultados en la Sede Central de esta Dirección Nacional (Suipacha 767 - Ciudad Autónoma de Buenos Aires).

BASES GENÉTICAS

(Proceedings of the Beef Improvement Federation, 1987, pág. 55-56)

En teoría, cuando en la evaluación genética se usa un Modelo Animal, existe una *población base* cuyo valor promedio es fijo, y está constituida por todos aquellos animales *con ambos padres desconocidos*. Esta base no debería cambiar sistemáticamente con el tiempo, a medida que se incorporan nuevos animales y datos al análisis. La teoría y el mundo real a veces no van en la misma dirección. En este caso, cuando trabajamos con datos tomados a campo, sufrimos el problema de *información faltante* (en este caso, las genealogías de ciertos animales nuevos que se incorporan a la evaluación, como las madres de terneros con datos). Posiblemente ocurra que nuestros pedigrees no nos conduzcan hacia atrás a la ‘misma’ población base y, aún más importante, no tengamos los datos de los animales faltantes (por ejemplo, de los abuelos maternos) (ver esquema más abajo).



En este ejemplo, los *abuelos maternos* del ternero pasan a ser individuos de la base. La consecuencia de este proceso es que cada año seguimos agregando nuevos individuos a la población base. Estos individuos base, incorporados más recientemente, pueden haber sufrido una o más generaciones de selección y *no son comparables* a los individuos base del mismo plantel, pero nacidos diez años atrás. Si existe una tendencia genética positiva, estos individuos base integrados más recientemente, deberían ser mejores, y por lo tanto el promedio del mérito genético de los animales a los que operacionalmente se los define como integrantes de la base, *augmenta*; la base de comparación *se mueve*. Esto se reflejará en las DEP calculadas, porque la base define el punto “0” (cero) de la escala (el valor “0” de DEP). Si flota hacia arriba,

existirá una tendencia de las DEP a bajar de un año al otro. Esto se notará particularmente en aquellos toros que no están activos, pero que tuvieron muchos hijos años atrás. Esta base flotante debería tener mínimo impacto sobre el cambio relativo en el ranking entre los animales, *dentro de un año* en particular. Sin embargo, afectará las comparaciones de las DEP *calculadas en distintos años*. Por ejemplo, un toro puede ser inactivo y no aparecer en el Resumen de Padres del último año. No es justo comparar sus últimas DEP publicadas con aquellas que aparecen en el último Resumen. Más aún, no es agradable conocer el hecho de que los cambios en las DEP de un animal se deben, no sólo al aumento de la información de sus descendientes, sino también a la incorporación de nuevos animales en la base.

Es fácil “fijar” el punto cero: se elige un gran número de animales y se fuerza el promedio de sus DEP a ser constante año tras año, sumándole o restándole un valor apropiado a todas las DEP de la “corrida” actual. Esto hará que el promedio de los animales base pueda cambiar de un año a otro, pero como a ese promedio siempre se lo fuerza a ser “0” (cero), el valor de comparación se mantendrá constante.

TABLAS DE FRAME SCORE

Fuente: Guidelines for Uniform Beef Improvement Programs, BIF, 8va. edición.

Tablas para la determinación de datos de Frame Score en MACHOS

Edad (m.)	Alzada (cm.)																															
5	3,9	4,1	4,3	4,5	4,7	4,9	5,1	5,3	5,5	5,7	5,9	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,3	9,5	9,7	9,9
6	3,3	3,5	3,7	3,9	4,1	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	9,3
7	2,7	2,9	3,1	3,3	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,1	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,7
8	2,1	2,3	2,5	2,7	2,9	3,1	3,3	3,5	3,7	3,9	4,1	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2
9	1,6	1,8	2,0	2,2	2,3	2,5	2,7	2,9	3,1	3,3	3,5	3,7	3,9	4,1	4,3	4,5	4,7	4,9	5,1	5,3	5,5	5,7	5,9	6,1	6,3	6,5	6,7	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6
10	1,1	1,3	1,5	1,7	1,9	2,1	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,1
11			1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	3,9	4,1	4,3	4,5	4,7	4,9	5,1	5,3	5,5	5,7	5,9	6,1	6,3	6,5	6,7
12				1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,5	2,7	2,9	3,1	3,3	3,5	3,7	3,9	4,1	4,3	4,5	4,7	4,9	5,1	5,3	5,5	5,7	5,9	6,1	6,3	6,5
13					1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,1	3,3	3,5	3,7	3,9	4,1	4,3	4,5	4,7	4,9	5,1	5,3	5,5	5,7	5,9	6,1	6,3
14						1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2
15							1,1	1,3	1,5	1,7	1,9	2,1	2,3	2,5	2,7	2,9	3,1	3,3	3,5	3,7	3,9	4,1	4,3	4,5	4,7	4,9	5,1	5,3	5,5	5,7	5,9	6,1
16								1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8
17									1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6
18										1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4
19											1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2
20												1,1	1,3	1,5	1,7	1,9	2,1	2,3	2,5	2,7	2,9	3,1	3,3	3,5	3,7	3,9	4,1	4,3	4,5	4,7	4,9	5,1
21													1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8

FORMULA DE CALCULO: $-11,548 + (0,4878 * \text{Alt.cms}/2,54) - [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,0289] + [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,00001947] + [0,0000334 / 2,54 * \text{Alt.cms.} * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.})]$

Tablas para la determinación de datos de Frame Score en MACHOS (Cont.)

Edad (m.)	Alzada (cm.)																																		
5																																			
6	9,5	9,7	9,9																																
7	8,9	9,1	9,3	9,5	9,7	9,9																													
8	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	9,3	9,5	9,7	9,9																										
9	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0																							
10	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	9,3	9,5	9,7	9,9																					
11	6,9	7,1	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	9,3	9,4	9,6	9,8	10,0																		
12	6,5	6,7	6,9	7,1	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0																
13	6,1	6,3	6,5	6,7	6,9	7,1	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	9,3	9,5	9,7	9,9															
14	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	9,3	9,5	9,7	9,9													
15	5,5	5,7	5,9	6,1	6,3	6,5	6,7	6,9	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0											
16	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0										
17	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	9,3	9,5	9,7	9,9									
18	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,5	9,7	9,9								
19	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0							
20	4,5	4,7	4,9	5,1	5,3	5,5	5,7	5,9	6,1	6,3	6,5	6,7	6,9	7,1	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	9,3	9,5	9,7	9,9							
21	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0						

FORMULA DE CALCULO: $-11,548 + (0,4878 * \text{Alt.cms}/2,54) - [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,0289] + [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,00001947] + [0,0000334 / 2,54 * \text{Alt.cms.} * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.})]$

Tablas para la determinación de datos de Frame Score en MACHOS Maduros

Edad (m.)	Alzada (cm.)																																			
24																																				
30																																				
36																																				
48																																				

FORMULA DE CALCULO: $-11,548 + (0,4878 * \text{Alt.cms}/2,54) - [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,0289] + [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,00001947] + [0,0000334 / 2,54 * \text{Alt.cms.} * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.})]$

Tablas para la determinación de datos de Frame Score en MACHOS Maduros (Cont.)

Edad (m.)	Alzada (cm.)																															
24	3,8	4,0	4,3	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,5	9,6	9,8	10,0
30	3,4	3,6	3,8	4,0	4,3	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,5	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6
36	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,3	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4
48	2,8	3,0	3,3	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2

FORMULA DE CALCULO: $-11,548 + (0,4878 * \text{Alt.cms}/2,54) - [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,0289] + [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,00001947] + [0,0000334 / 2,54 * \text{Alt.cms.} * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.})]$

Tablas para la determinación de datos de Frame Score en HEMBRAS

Edad (m.)	Alzada (cm.)																																
5	100	101	102	103	104	105	106	107	108	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	
5	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	5,9	6,1	6,3	6,5	6,7	6,9	7,1	7,3	7,5	7,7	7,9	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	9,9	
6	3,6	3,7	3,9	4,1	4,3	4,5	4,7	4,9	5,1	5,3	5,5	5,7	5,9	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	9,3	9,5	
7	3,1	3,3	3,5	3,7	3,9	4,1	4,3	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	6,9	7,1	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	
8	2,7	2,9	3,1	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	5,9	6,1	6,3	6,5	6,7	6,9	7,1	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,7	
9	2,3	2,5	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	5,9	6,1	6,3	6,5	6,7	6,9	7,1	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	
10	1,9	2,1	2,3	2,5	2,7	2,9	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	6,9	7,1	7,3	7,5	7,7	7,9	
11	1,5	1,7	1,9	2,1	2,3	2,5	2,7	2,9	3,1	3,3	3,5	3,7	3,9	4,1	4,3	4,5	4,7	4,9	5,1	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	
12	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,3	4,5	4,7	4,9	5,1	5,3	5,5	5,7	5,9	6,1	6,3	6,5	6,7	6,9	7,1	7,3	
13		1,1	1,3	1,5	1,7	1,9	2,1	2,3	2,5	2,7	2,9	3,1	3,3	3,5	3,7	3,9	4,1	4,3	4,5	4,7	4,9	5,1	5,3	5,5	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	
14			1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	
15				1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	
16					1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	
17						1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	
18							1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,1	3,3	3,5	3,7	3,9	4,1	4,3	4,5	4,7	4,9	5,1	5,3	5,5	5,7	5,9	6,1	
19								1,1	1,3	1,5	1,7	1,9	2,1	2,3	2,5	2,7	2,9	3,1	3,3	3,5	3,7	3,9	4,1	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	
20									1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,7	3,9	4,1	4,3	4,5	4,7	4,9	5,1	5,3	5,5	5,7	5,9
21										1,1	1,3	1,5	1,7	1,9	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8

FORMULA DE CALCULO: $-11,7086 + (0,4723 / 2,54 * \text{Alt.cms.}) - [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,0239] + [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,0000146] + [0,0000759 / 2,54 * \text{Alt.cms.} * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.})]$

Tablas para la determinación de datos de Frame Score en HEMBRAS(Cont.)

Edad (m.)	Alzada (cm.)																																
5	132	133	134	135	136	137	138	139	140	141	142	143	144	145	146	147	148	149	150	151	152	153	154	155	156	157	158	159	160	161	162	163	
5																																	
6	9,7	9,9																															
7	9,3	9,4	9,6	9,8	10,0																												
8	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0																										
9	8,5	8,7	8,9	9,1	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0																								
10	8,1	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	9,3	9,5	9,7	9,9																							
11	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0																					
12	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	9,3	9,5	9,7	9,9																				
13	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0																		
14	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0																	
15	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0																
16	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0															
17	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0														
18	6,3	6,5	6,7	6,9	7,1	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	9,3	9,5	9,7	9,9														
19	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0													
20	6,1	6,3	6,5	6,7	6,9	7,1	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0													
21	6,0	6,3	6,5	6,7	6,9	7,1	7,3	7,5	7,7	7,9	8,1	8,3	8,5	8,7	8,9	9,1	9,3	9,5	9,7	9,9													

FORMULA DE CALCULO: $-11,7086 + (0,4723 / 2,54 * \text{Alt.cms.}) - [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,0239] + [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,0000146] + [0,0000759 / 2,54 * \text{Alt.cms.} * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.})]$

Tablas para la determinación de datos de Frame Score en HEMBRAS Maduras

Edad (m.)	Alzada (cm.)																															
24	100	101	102	103	104	105	106	107	108	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131
24										1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,3	5,6
30											1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,3	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,8	5,0	5,2	5,2
36												1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,2	2,4	2,6	2,8	3,0	3,3	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,7	4,8	4,8
40													1,0	1,2	1,4	1,6	1,8	2,0	2,3	2,6	2,8	3,0	3,2	3,4	3,6	3,8	4,0	4,2	4,4	4,6	4,6	4,6

FORMULA DE CALCULO: $-11,7086 + (0,4723 / 2,54 * \text{Alt.cms.}) - [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,0239] + [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,0000146] + [0,0000759 / 2,54 * \text{Alt.cms.} * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.})]$

Tablas para la determinación de datos de Frame Score en HEMBRAS Maduras (Cont.)

Edad (m.)	Alzada (cm.)																															
24	132	133	134	135	136	137	138	139	140	141	142	143	144	145	146	147	148	149	150	151	152	153	154	155	156	157	158	159	160	161	162	163
24	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0										
30	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,2	7,4	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,3	9,6	9,8	10,0									
36	5,0	5,3	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,3	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,2	9,4	9,6	9,8	10,0								
40	5,0	5,2	5,4	5,6	5,8	6,0	6,2	6,4	6,6	6,8	7,0	7,3	7,6	7,8	8,0	8,2	8,4	8,6	8,8	9,0	9,3	9,6	9,8	10,0								

FORMULA DE CALCULO: $-11,7086 + (0,4723 / 2,54 * \text{Alt.cms.}) - [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,0239] + [(\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.}) * 0,0000146] + [0,0000759 / 2,54 * \text{Alt.cms.} * (\text{fecha hoy} - \text{fecha nac.})]$

AJUSTE DEL PESO AL DESTETE (PD) Y PESO FINAL (PF)

Durante la evaluación genética, las observaciones de los distintos caracteres son ajustadas por los diferentes efectos ambientales identificables y codificables (grupos de contemporáneos, sexo, edad de la madre, edad del animal, etc.) automáticamente por el modelo de análisis, de modo que las predicciones sean imparciales, reflejando el verdadero valor de cría del animal. Sin embargo, hay circunstancias en las que ciertos caracteres no pueden ser ajustados, de modo de comparar imparcialmente animales dentro de un plantel, o para simplificar el cálculo de las DEP por la unidad ejecutora.

Es importante señalar que en las evaluaciones oficiales los ajustes son realizados por la unidad ejecutora, no debiendo el criador ajustar los datos antes de remitirlos para la evaluación.

Peso al destete (PD)

Cuando se ajusta el PD se deben considerar los efectos de la edad del animal y la edad de la madre. Nótese que este ajuste se realiza porque los terneros nacen generalmente en un período que suele ser mayor a 60 días. Suponiendo una ganancia diaria de 0,500 kg/día, al destete puede haber terneros que difieran en 30 kg (60 días × 0,500 kg/día), diferencia que no es de naturaleza genética, sino ambiental. En consecuencia, es necesario ajustar el PD a una edad constante para todos los animales, en general 205 ó 210 días. Para ello se emplea la siguiente fórmula, que requiere un valor conocido del peso al nacer (PN):

$$PD \text{ (ajustado por edad)} = \left[\left(\frac{PD \text{ de balanza} - PN}{\text{Edad al destete (días)}} \right) \times \text{Edad de ajuste} \right] + PN$$

Donde:

PD (ajustado por edad): Es el valor del peso al destete ajustado a una edad constante para todos los animales. Esto significa que se estimará el peso al destete que presentarían todos los terneros cuando tengan exactamente 205 días de edad cada uno.

PD: Es el peso real del ternero al destete, registrado en la balanza por el criador.

PN: Es el peso al nacer del ternero registrado en la balanza por el criador.

Edad al destete: Es la edad real del animal expresada en días, al momento que se realizó el destete.

Edad de ajuste: Es la edad a la que se estandarizará el PD del grupo de terneros destetados, usualmente a los 205 ó 210 días.

El término entre paréntesis en la fórmula ilustrada más arriba, estima la ganancia diaria de peso entre el nacimiento y el destete. Dicha ganancia es multiplicada por la edad de ajuste, de modo de recomponer en forma lineal el crecimiento predestete de ese animal en particular, al período de comparación común (205 ó 210 días). Finalmente, se suma el PN, de modo de recomponer el peso total del ternero al destete.

Como ejemplo, suponemos una edad de ajuste de 205 días, para un ternero con PN = 35 kg, PD = 193 kg y edad al destete = 225 días. Este animal nació de una vaca de 5 años de edad. Empleando la fórmula ilustrada más arriba, obtenemos:

$$\text{PD (ajustado a 205 días)} = \left[\left(\frac{193 - 35\text{kg}}{225\text{días}} \right) \times 205 \text{ días} \right] + 35 \text{ kg} = 178,9\text{kg}$$

Nótese que este animal tiene un PD ajustado a 205 días inferior a su peso de balanza. Esto se debe a que la edad de comparación (205 días) es inferior a la edad en que se destetó (225 días). Para otros animales, cuya verdadera edad de destete sea inferior a la edad de ajuste, su PD ajustado será superior al valor de balanza.

Finalmente, el ajuste del PD (ya ajustado a 205 días) por la edad de su madre (5 años), es igual a 184 kg (179 kg + 5 kg) (ver **Tabla XXI**, columna de PD). Esto permite comparar los animales independizándose de la edad que tuvieron al destete.

Tabla XXIII: Factores de corrección por edad de la madre.

Edad de la madre (en años)	Factores de corrección (en kg) para:	
	Peso al nacer (PN)	Peso al destete (PD)
2	3,6	16
3	2,4	11
4	1,4	7
5	0,7	5
6	0,2	2
7	0	0
8	0	0
9	0,3	1
10	0,9	2
11	1,6	5
12	2,7	9

Fuente: Resumen de Padres Angus 2009. Los factores de corrección aditivos de esta Tabla fueron calculados durante la evaluación genética de la raza Angus, para los caracteres de peso al nacer y peso al destete.

Peso final (PF)

El peso final (PF) es ajustado de modo similar al PD, utilizando la siguiente fórmula:

$$PF \left(\begin{array}{c} \text{ajustado} \\ \text{por edad} \end{array} \right) = \left[\left(\frac{PF \text{ de balanza} - PD \text{ de balanza}}{\text{Diferencia en días entre} \\ \text{fechas de pesadas de PF y PD}} \right) \times \begin{array}{c} \text{Diferencia en días entre la} \\ \text{edad de ajuste y 205 días} \end{array} \right] + PD \text{ ajustado}$$

En este caso, la edad al ajuste suele ser de 550 días, pero como la ganancia diaria es ahora entre las pesadas de destete y final, debemos considerar la diferencia entre ambas, y otro tanto con la edad de ajuste (550) y la edad al destete ajustada a los 205 días. Como ejemplo, supongamos que el PF para el animal que analizamos más arriba es de 485 kg y su edad, a la pesada final, es de 532 días. El ajuste entonces es igual a:

$$\text{PF (ajustado a 550 días)} = \left[\left(\frac{(485 - 193\text{kg})}{(532 - 225)\text{días}} \right) \times (550 - 205)\text{días} \right] + 184\text{kg} = 512,1 \text{ Kg}$$

APÉNDICE E

PLANILLAS ORIENTATIVAS DE CONTROL DE PRODUCCIÓN

El objetivo de esta sección es dar al lector ejemplos indicativos o ilustrativos para completar las planillas de control de producción (registros de los datos genealógicos y de performance), que deben ser remitidas a las asociaciones de criadores correspondientes, con el objetivo de generar las DEP:

En las páginas que siguen se hace referencia a las siguientes planillas orientativas de control de producción, diferenciadas para razas británicas o Bos Taurus en general y razas índicas y derivados:

- A. Planilla para registrar datos de nacimiento y destete.
- B. Planilla para registrar datos de posdestete.
- C. Planilla para registrar datos de características carniceras.

Para información específica de cada raza, por favor solicitar las planillas para registro de nuevos nacimientos, información de destete, posdestete y características de calidad y rendimiento carnicero a la asociación de criadores correspondiente.

PLANILLA A: RAZAS BRITANICAS o BOS TAURUS EN GENERAL

Establecimiento.....
 Propietario.....
 N° criador

REGISTRO DE NACIMIENTOS Y DESTETES

	NACIMIENTOS					MADRE					PADRE				RECEPTORA			DESTETES		OBSERVACIONES							
	RP CRIA	SEXO [1]	FECHA DE NAC.	CAT [2]	C [3]	CM [4]	FN [5]	RP	HBA	CAT [2]	C [3]	FECHA DE NAC.	TS [6]	TP [7]	RP	HBA	CAT [2]	C [3]	ANO NAC.		RP	RAZA [8]	FECHA DE NAC.	FECHA DE DEST.	PESO	M1 [9]	
1																											
2																											
3																											
4																											
5																											
6																											
7																											
8																											
9																											
10																											
11																											
12																											
13																											
14																											
15																											
16																											
17																											
18																											
19																											
20																											

Firma

REGISTRO DE NACIMIENTOS Y DESTETES

CÓDIGOS

[1] SEXO

1. Macho.
2. Hembra.
3. Mellizo machos.
4. Mellizo con hembra.
5. Mellizas hembras.
6. Melliza con macho.

[2] CAT (Categoría)

PP. Puro de Pedigree.
PC/PR. Puro Controlado o Registrado

[3] C (color)

N. Negro.
C. Colorado.

[4] CM (Código de muerto)

1. Nacido muerto.
2. Dentro de las 36 horas de nacido.
3. Entre 36 horas y 30 días.
4. Entre 30 días y destete.

[5] PN:

Peso al nacer.

[6] TS (Tipo de servicio)

SN. Servicio natural.
IA. Inseminación artificial.
TE. Transferencia embrionaria.

[7] TP (Tipo de parto)

1. Normal.
2. Ayuda manual.
3. Ayuda mecánica.
4. Cesárea.
5. Aborto.

[8] Raza Receptora

AA. Aberdeen Angus. C. Criolla
HA. Holando Argentino. etc...
PS. Pardo Suizo.
H. Hereford
Sh. Shorthorn

[9] M1 (Manejo)

Asignar el mismo número a los animales que recibieron igual manejo nutricional hasta el destete.

El éxito del Programa depende de que los datos sean correctos. Por favor, sea cuidadoso al anotarlos

PLANILLA B: RAZAS BRITANICAS O BOS TAURUS EN GENERAL

Nº criador.....

Establecimiento.....
 Propietario.....

REGISTRO DE PESADAS POSDESTETE

RP CRIA	IDENTIFICACION		PESO AL AÑO		PESO A 18 MESES		CIRC. ESCROTAL		ALTURA		CALIDAD DE CARNE	OBSERVACIONES
	SEXO [1]	AÑO DE NAC. [2]	HBA	FECHA PESADA	PESO [3]	M2 [3]	FECHA PESADA	PESO [3]	M2 [3]	FECHA MEDIDA		
1												
2												
3												
4												
5												
6												
7												
8												
9												
10												
11												
12												
13												
14												
15												
16												
17												
18												
19												
20												

Para medir las características carniceras (espesor de grasa dorsal, espesor de grasa cadera, área de ojo de bife y porcentaje de grasa intramuscular) de sus reproductores, mediante técnicas de ultrasonido, le pedimos comunicarse con el Coordinador del Programa de su Asociación, que le brindará las planillas correspondientes.

.....
Firma

REGISTRO DE PESADAS POSDESTETE CÓDIGOS

[1] SEXO

1. Macho
2. Hembra
3. Mellizos machos
4. Mellizo con hembra
5. Mellizas hembras
6. Melliza con macho

[2] CAT (Categoría)

PP. Puro de Pedigree
PC/PR. Puro Controlado o Registrado, etc

[3] M2 (Manejo)

Asignar el mismo número a los animales que recibieron igual manejo nutricional desde el destete hasta la pesada final (al año o a los 18 meses de edad; depende de cuándo usted la realice).

[4] CE (Circunferencia escrotal)

La circunferencia escrotal se puede medir conjuntamente con la pesada al año o a los 18 meses de edad.

[5] ALTURA

Altura desde el piso hasta la punta de la cadera. No anotar "frame score" ni alturas ajustadas, ya que no serán tomados en cuenta. Con la altura que usted nos brinde, se calculará el "frame score" utilizando la misma fórmula para todos los animales.

El éxito del Programa depende de que los datos sean correctos. Por favor, sea cuidadoso al anotarlos

PLANILLA C: RAZAS BRITANICAS o BOS TAURUS EN GENERAL

Empresa/Institución.....
 Técnico.....
 Equipo.....

REGISTRO DE CARACTERISTICAS CARNICERAS

Establecimiento.....
 Propietario.....

R.P. ANIMAL	NACIMIENTO		PADRE		MADRE		COD. DE MAN. [5]	PESO - ALTURA - CIRC. ESCR.			ECOGRAFO						
	FECHA [1]	CABANA/ ESTABLEC. [2]	R.P.	H.B.A.	CAT. [3]	R.P.		H.B.A.	CAT. [3]	FECHA [6]	PESO (kg.) [7]	ALT. (cm) [8]	C.E. (cm) [8]	FECHA DE MEDICION	AREA DE OJO BIFE (cm ²)	GRASA INTRAMUSCULAR (%)	GRASA DORSAL (mm)
1																	
2																	
3																	
4																	
5																	
6																	
7																	
8																	
9																	
10																	
11																	
12																	
13																	
14																	
15																	
16																	
17																	
18																	
19																	
OBSERVACIONES [9]																	

MUY IMPORTANTE: Sin excepción, cada animal a ecografiar tiene que haber sido ingresado al programa (reunir la información exigida del nacimiento/ destete y posdestete). Los machos a campo deben ecografiarse a los 18 meses de edad ± 45 días; los machos de cabana, a los 15 meses ± 45 días; y las hembras, consultar antes con el coordinador del Programa.

.....
FIRMA

REGISTRO DE CARACTERISTICAS CARNICERAS CÓDIGOS

[1] CABAÑA / ESTABLECIMIENTO: Nombre de la cabaña/establecimiento donde nació el animal.

[2] SEXO:

1. Macho
2. Hembra
3. Mellizos machos
4. Mellizo con hembra
5. Mellizas hembras
6. Melliza con macho

[3] CAT. (Categoría)

PP. Puro de Pedigree
PC/PR. Puro Controlado o Registrado, etc.

[4] CABAÑA/ESTABL. DE TERMINAC.:

Nombre de la cabaña/establecimiento donde se terminó el animal, dado que hay casos en que el lugar de nacimiento y terminación son diferentes.

[5] COD. DE MAN. (Código de manejo):

Asignar el mismo código de manejo (numérico) a los animales que recibieron igual manejo nutricional desde el destete hasta la fecha de la medición ecográfica, como por ejemplo: (1) A campo natural; (2) En pradera; (3) A campo con suplementación; (4) En confinamiento; etc. Tener en cuenta que cada grupo de manejo debe estar conformado por no menos de 5 animales.

[6] FECHA:

Indicar la fecha de pesada y de medición de la altura y circunferencia escrotal, teniendo en cuenta que dicha tarea debe hacerse dentro de los 7 días anteriores a la llegada del ecografista a la cabaña/establecimiento.

[7] ALT. (Altura):

Altura desde el piso hasta la punta de la cadera. No anotar "frame score" ni alturas ajustadas, ya que no serán tomados en cuenta. Con la altura que usted nos brinde, calcularemos el "frame score" utilizando la misma fórmula para todos los animales.

[8] C.E.:

Circunferencia escrotal.

[9] OBSERVACIONES:

Puede hacer las observaciones que son convenientes que sepamos, como por ejemplo detallar los distintos códigos de manejo utilizados, o las que sean de utilidad para usted.

El éxito del Programa depende de que los datos sean correctos. Por favor, sea cuidadoso al anotarlos

PLANILLA A: RAZAS INDICAS Y DERIVADOS

Establecimiento.....
 Propietario.....
 N° criador.....

REGISTRO DE NACIMIENTOS Y DESTETES

1	NACIMIENTOS					MADRE				PADRE				RECEPTORA			DESTETES		OBSERVACIONES				
	RP CRIA [1]	SEXO	FECHA DE NAC.	Rz / Va [2]	C [3]	CM [4]	PV [5]	RP	HBA	Rz / Va [2]	C [3]	TP [8]	TS [7]	FECHA NAC. [6]	RP	HBA	Rz / Va [9]	FECHA DE NAC.		FECHA DE DEST.	PESO	M1 [10]	
2																							
3																							
4																							
5																							
6																							
7																							
8																							
9																							
10																							
11																							
12																							
13																							
14																							
15																							
16																							
17																							
18																							
19																							
20																							

Firma

REGISTRO DE NACIMIENTOS Y DESTETES	CÓDIGOS
[1] SEXO	1. Macho. 2. Hembra. 3. Mellizos machos. 4. Mellizo con hembra. 5. Mellizas hembras. 6. Melliza con macho.
[2] Rz / Va RAZA o VARIEDAD	BH: Brahman SG: Santa Gertrudis BG: Brangus CB: Cruza Británica(especificar razas y proporciones)* BF: Braford CI: Cruza Indica(especificar razas y proporciones)* N: Nelore etc. (*): 1/2, 1/4, 3/4, 3/8, 5/8, etc.
[3] C (color)	
[4] CM (Código de muerto)	1. Nacido muerto. 2. Dentro de las 36 horas de nacido. 3. Entre 36 horas y 30 días. 4. Entre 30 días y destete.
[5] PN:	Peso al nacer.
[6] Fecha Nac. de la Madre:	A. Consignar la fecha de nacimiento de la madre o el mes y el año de nacimiento, o al menos el año de nacimiento de la misma. B. En caso de desconocer la información requerida en (A), declarar si es: vaquillona (vq) vaca madura (vm) vaca vieja (vv)
[7] TS (Tipo de servicio)	SN. Servicio natural. IA. Inseminación artificial. TE. Transferencia embrionaria.
[8] TP (Tipo de parto)	1. Normal. 2. Ayuda manual. 3. Ayuda mecánica. 4. Cesárea. 5. Aborto.
[9] Rz / Va Raza o Variedad	AA. Aberdeen Angus. N: Nelore BH. Brahman. Sh: Shorthorn BG. Brangus. SG: Santa Gertrudis BF: Braford CB. Cruza Británica.(especificar razas y proporciones) C: Criolla CI. Cruza Indica.(especificar razas y proporciones) H: Hereford etc. Asignar el mismo número a los animales que recibieron igual manejo nutricional hasta el destete.
[10] M1 (Manejo)	

El éxito del Programa depende de que los datos sean correctos. Por favor, sea cuidadoso al anotarlos

PLANILLA B: RAZAS INDICAS Y DERIVADOS

Establecimiento.....
 Propietario.....

N° criador.....

REGISTRO DE PESADAS POSDESTEETE

RP CRIA	IDENTIFICACION			PESO AL AÑO			PESO A 18 MESES			CIRC. ESCROTAL			ALTURA		TIPO PRE PUCO [6]	CALIDAD DE CARNE	OBSERVACIONES
	SEXO [1]	AÑO DE NAC.	R _v / V _a [2]	HBA	FECHA PESADA	M2 [3]	PESO	FECHA PESADA	M2 [3]	FECHA MEDIDA	CE [4]	FECHA MEDIDA	ALT. [5]				
1																	
2																	
3																	
4																	
5																	
6																	
7																	
8																	
9																	
10																	
11																	
12																	
13																	
14																	
15																	
16																	
17																	
18																	
19																	
20																	

Para medir las características
 carniceras (espesor de grasa
 dorsal, espesor de grasa
 cadera, área de ojo de bife y
 porcentaje de grasa
 intramuscular) de sus
 reproductores, mediante
 técnicas de ultrasonido, le
 pedimos comunicarse con el
 Coordinador del Programa,
 que le brindará las planillas
 correspondientes.

.....
Firma

REGISTRO DE PESADAS POSDESTETE CÓDIGOS

[1] SEXO

1. Macho
2. Hembra
3. Mellizos machos
4. Mellizo con hembra
5. Mellizas hembras
6. Melliza con macho

[2] Rz / Va RAZA o VARIEDAD

- | | |
|-------------------------------------|--|
| BH: Brahman | SG: Santa Gertrudis |
| BG: Brangus | CB: Cruza Británica(especificar razas y proporciones)* |
| BF: Braford | CI: Cruza Indica(especificar razas y proporciones)* |
| N: Nelore | etc. |
| (*) : 1/2, 1/4, 3/4, 3/8, 5/8, etc. | |

[3] M2 (Manejo)

Asignar el mismo número a los animales que recibieron igual manejo nutricional desde el destete hasta la pesada final (al año o a los 18 meses de edad; depende de cuándo usted la realice).

[4] CE (Circunferencia escrotal)

La circunferencia escrotal se puede medir conjuntamente con la pesada al año o a los 18 meses de edad.

[5] ALTURA

Altura desde el piso hasta la punta de la cadera. No anotar "frame score" ni alturas ajustadas, ya que no serán tomados en cuenta. Con la altura que usted nos brinde, se calculará el "frame score" utilizando la misma fórmula para todos los animales.

[6] PREPUCIO

(El prepucio se sugiere medirlo entre los 18 y 24 meses de edad)

1. Excelente
2. Superior
3. Promedio
4. Regular
5. Inadecuado

El éxito del Programa depende de que los datos sean correctos. Por favor, sea cuidadoso al anotarlos

PLANILLA C: RAZAS INDICAS Y DERIVADOS

Empresa/Institución.....
 Técnico.....
 Equipo.....

REGISTRO DE CARACTERISTICAS CARNICERAS

Establecimiento.....
 Propietario.....

R.P. ANIMAL	NACIMIENTO		PADRE		MADRE		CABAÑA / ESTABL. DE TERMINAC. [4]	COD. DE MAN. [5]	PESO - ALTURA - CIRC. ESCR.			ECOGRAFO					
	FECHA	CABANA / ESTABLEC. [1]	R.P.	H.B.A.	Rz / Va [3]	R.P.			H.B.A.	Rz / Va [3]	FECHA [6]	PESO (kg.) [7]	ALT. (cm) [7]	C.E. (cm) [8]	FECHA DE MEDICION	AREA DE OJO BIFE (cm2)	GRASA INTRAMUSCULAR (%)
1																	
2																	
3																	
4																	
5																	
6																	
7																	
8																	
9																	
0																	
1																	
2																	
3																	
4																	
5																	
6																	
7																	
8																	
9																	
OBSERVACIONES [9]																	

MUY IMPORTANTE: Sin excepción, cada animal a ecografiar tiene que haber sido ingresado al programa. (reunir la información exigida del nacimiento/destete y postdestete). Los machos a campo deben ecografiarse a los 18 meses de edad ± 45 días; los machos de cabaña, a los 15 meses ± 45 días; y las hembras, consultar antes con el coordinador del Programa.

.....
 FIRMA

REGISTRO DE CARACTERISTICAS CARNICERAS CÓDIGOS

[1] **CABAÑA / ESTABLECIMIENTO:** Nombre de la cabaña/establecimiento donde nació el animal.

[2] **SEXO:**

1. Macho
2. Hembra
3. Mellizos machos
4. Mellizo con hembra
5. Mellizas hembras
6. Melliza con macho

[3] **R_s / Va. RAZA o VARIEDAD:**

- | | |
|---------------------|---|
| AA: Aberdeen Angus. | N: Nelore |
| BH: Brahman. | Sh: Shorthorn |
| BG: Brangus. | SG: Santa Gertrudis |
| BF: Braford | CB: Cruza Británica.(especificar razas y proporciones)* |
| C: Criolla | CI: Cruza Indica(especificar razas y proporciones)* |
| H: Hereford | etc. |

[4] **CABAÑA/ESTABL. DE TERMINAC.:**

Nombre de la cabaña/establecimiento donde se terminó el animal, dado que hay casos en que el lugar de nacimiento y terminación son diferentes.

[5] **COD. DE MAN. (Código de manejo):**

Asignar el mismo código de manejo (numérico) a los animales que recibieron igual manejo nutricional desde el destete hasta la fecha de la medición ecográfica, como por ejemplo: (1) A campo natural; (2) En pradera; (3) A campo con suplementación; (4) En confinamiento; etc. Tener en cuenta que cada grupo de manejo debe estar conformado por no menos de 5 animales.

[6] **FECHA:**

Indicar la fecha de pesada y de medición de la altura y circunferencia escrotal, teniendo en cuenta que dicha tarea debe hacerse dentro de los 7 días anteriores a la llegada del ecografista a la cabaña/establecimiento.

[7] **ALT. (Altura):**

Altura desde el piso hasta la punta de la cadera. No anotar "frame score" ni alturas ajustadas, ya que no serán tomados en cuenta. Con la altura que usted nos brinde, calcularemos el "frame score" utilizando la misma fórmula para todos los animales.

[8] **C.E.:**

Circunferencia escrotal.

[9] **OBSERVACIONES:**

Puede hacer las observaciones que son convenientes que sepamos, como por ejemplo detallar los distintos códigos de manejo utilizados, o las que sean de utilidad para usted.

El éxito del Programa depende de que los datos sean correctos. Por favor, sea cuidadoso al anotarlos

Esta publicación es auspiciada por:

