



ANÁLISIS MULTICARACTER PARA ESTIMAR PARÁMETROS GENÉTICOS PARA CRECIMIENTO EN BOVINOS DE RAZA BRAFORD EN CORRIENTES

López, María V.¹, Arias Mañotti, Adolfo A.², Slobodzian, Ana³

- 1.- *Universidad Nacional del Nordeste. Facultad de Cs. Exactas y Naturales y Agrimensura.). 9 de Julio 1449. CP: 3400. Corrientes. Argentina. TE: (03783) 423126.*
- 2.- *Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Estación Experimental Agropecuaria Corrientes (INTA). C.C. 57. CP: 3400. Corrientes. Argentina. TE: (08783) 421786.*
- 3.- *Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Estación Experimental Agropecuaria Las Breñas (INTA). C.C. 38. C.P.: 3722. Las Breñas. Chaco. Argentina. TE: (03731) 460033.*

Dirección de envío de correspondencia: Dr. Adolfo A. Arias Mañotti. San Juan N° 1443. CP: 3400. Corrientes. Argentina. mvlopez@exa.unne.edu.ar; ariasam@corrientes.inta.gov.ar

SUMMARY

This study was carried out at INTA Corrientes Experimental Station with data from a stabilized Braford 3/8 Brahman x 5/8 Hereford herd. The objective was to estimate the genetic and environmental parameters for birth weight (PNAC), weight adjusted to 210 days of age (P_AJ_210), and weight adjusted to 570 days of age (P_AJ_570). We used a Multivariate Animal Model and MTDFREML software. A database of growth and genealogy data from 658 samples of Braford males and females corresponding to the period 1992-2004 was processed. Estimates of variance and covariance components and the genetic and environmental parameters were: a) For PNAC: $s_a^2 = 6,57$, $s_m^2 = 2,21$, $s_{am} = -0,32$, $s_{pe}^2 = 0,72$, $s_c^2 = 7,31$, $s_p^2 = 16,50$, $h_a^2 = 0,40$, $h_m^2 = 0,13$, $r_{am} = -0,09$, $c^2 = 0,04$, $e^2 = 0,44$; b) For P_AJ_210: $s_a^2 = 153,89$, $s_m^2 = 62,18$, $s_{am} = -56,47$, $s_{pe}^2 = 10,35$, $s_c^2 = 223,05$, $s_p^2 = 393,02$, $h_a^2 = 0,39$, $h_m^2 = 0,16$, $r_{am} = -0,58$, $c^2 = 0,02$, $e^2 = 0,57$; c) For P_AJ_570: $s_a^2 = 292,95$, $s_c^2 = 419,02$, $s_p^2 = 711,97$, $h_a^2 = 0,41$, $e^2 = 0,59$. Genetic correlations among the characters analyzed were also calculated: PNAC-P_AJ_210: 0,83, PNAC-P_AJ_570: 0,31, P_AJ_210-P_AJ_570: 0,74. Finally, the genetic value of each individual was obtained (Expected Progeny Differences - EPDs). The combination of these values will allow to improve the characteristics of this breed

RESUMEN

Se ha efectuado un estudio en La Estación Experimental Agropecuaria Corrientes del INTA sobre un rodeo Braford estabilizado 3/8 Brahman x 5/8 Hereford, que tiene como propósito estimar los parámetros genéticos y ambientales para peso al nacer (PNAC), peso ajustado a 210 días (P_AJ_210) y peso ajustado a 570 días (P_AJ_570), mediante el Modelo Animal Multicaracter, utilizando el software MTDFREML. Se procesó una base de datos de 658 registros de producción y genealogía de bovinos de raza Braford, correspondientes al período 1992-2004. Los componentes de varianza y covarianza, y parámetros genéticos y ambientales estimados son: a) Para PNAC: $s_a^2 = 6,57$, $s_m^2 = 2,21$, $s_{am} = -0,32$, $s_{pe}^2 = 0,72$, $s_c^2 = 7,31$, $s_p^2 = 16,50$, $h_a^2 = 0,40$, $h_m^2 = 0,13$, $r_{am} = -0,09$, $c^2 = 0,04$, $e^2 = 0,44$; b) Para P_AJ_210: $s_a^2 = 153,89$, $s_m^2 = 62,18$, $s_{am} = -56,47$, $s_{pe}^2 = 10,35$, $s_c^2 = 223,05$, $s_p^2 = 393,02$, $h_a^2 = 0,39$, $h_m^2 = 0,16$, $r_{am} = -0,58$, $c^2 = 0,02$, $e^2 = 0,57$; c) Para P_AJ_570: $s_a^2 = 292,95$, $s_c^2 = 419,02$, $s_p^2 = 711,97$, $h_a^2 = 0,41$, $e^2 = 0,59$. Además se calcularon las correlaciones genéticas entre los caracteres analizados: PNAC-P_AJ_210: 0,83, PNAC-P_AJ_570: 0,31, P_AJ_210-P_AJ_570: 0,74. Finalmente se obtuvieron los valores genéticos de los reproductores (DEPs), cuya combinación apropiada permitirá tomar decisiones de selección para el mejoramiento de esta raza.

Palabras clave: modelo animal, parámetros genéticos y ambientales, bovinos para carne, Braford, peso al nacer, peso ajustado a 210 días, peso ajustado a 570 días.

Introducción

La raza Braford se forma a partir del cruzamiento entre el Brahman principalmente (*Bos indicus* sp.) y el Hereford (*Bos taurus* sp.), obteniéndose una raza sintética que combina la rusticidad del Cebú y su adaptación al medio, con la calidad de carnes, precocidad, eficiencia, mansedumbre y fertilidad del Hereford. De esta forma se logra un biotipo que se caracteriza por su alta producción aún en condiciones ambientales adversas.

La razón de ser de la raza Braford, desde su formación en Argentina, hace ya más de cincuenta años, fue entonces la de cubrir una necesidad existente en la región subtropical donde las razas europeas tenían menor productividad como consecuencia de las rigurosas condiciones climáticas y nutricionales en que debían desenvolverse. Esta raza se ha posicionado en las regiones Litoral y Norte del país satisfaciendo una demanda cada vez más exigente de su ganadería en expansión y orientada a cubrir sus requerimientos en áreas marginales y ambientes realmente difíciles para dicha ganadería.

Tanto los terneros como los novillos son muy valorados por los compradores. Se reconocen por su buena sanidad y por su adaptación a condiciones adversas así como por producir un animal terminado que se adapta a los distintos mercados. En cuanto a la vaca, se destacan su eficiencia con altos porcentajes de preñez y parición, su facilidad de parto, su habilidad materna y su larga vida útil. La identifican con un vientre productivo aún en condiciones desfavorables. Con su población creciendo año tras año, hoy se presenta como la raza más demandada en la vasta zona de cría del Norte argentino, distribuyéndose geográficamente a lo largo y a lo ancho del país (Sitio Web de la Asociación Braford Argentina).

Este estudio se ha efectuado en el INTA EEA Corrientes sobre un rodeo Braford estabilizado 3/8 Brahman x 5/8 Hereford, y tiene como propósito estimar los parámetros genéticos y ambientales para peso al nacer (PNAC), peso ajustado a 210 días (P_AJ_210) y peso ajustado a 570 días (P_AJ_570), mediante la implementación del Modelo Animal Multicaracter, utilizando el software MTDFREML.

Materiales y Métodos

Preparación del archivo de datos para analizar los caracteres peso al nacer, peso ajustado a 210 días y peso ajustado a los 570 días.

Se procesó una base de datos de 658 registros de

producción y genealogía de machos y hembras de la raza Braford, correspondientes al período 1992-2004, disponibles en el INTA EEA Corrientes, para analizar las variables peso al nacer (PNAC), peso ajustado a 210 días (P_AJ_210) y peso ajustado a los 570 días de edad (P_AJ_570). El número de toros es de 4 y el de vacas madre de 193.

Esta base de datos fue sistematizada por el Área de Producción Animal del INTA EEA Corrientes. El archivo final posee la siguiente estructura:

- I_NOM: Código del individuo.
- T_NOM: Código del padre del individuo.
- V_NOM: Código de la madre del individuo.
- I_MESNAC: Mes de nacimiento del individuo.

Se consideran los meses de junio a octubre.

- GC: Código de grupo contemporáneo. Estos grupos fueron definidos como animales nacidos en el mismo año (carimbo) y del mismo sexo (GC = I_CAR + I_SEXO), obteniéndose un total de 26 grupos para los caracteres peso al nacer y peso ajustado a 210 días y 24 grupos para el carácter peso ajustado a 570 días.

I_CAR: Año de nacimiento (carimbo) del individuo. Tiene 13 niveles.

I_SEXO: Código de sexo del individuo. Tiene dos niveles (1=macho, 2=hembra).

- V_EDAD: Edad de la madre. Está expresada en años y está tomada al momento del parto. Tiene 8 niveles, se inicia con la edad de 3 años y finaliza con la edad de 10 años.

- V_LAC_PREV: Código de lactancia previa o anterior. Indica si la madre viene de amamantar su cría el año anterior y tiene 2 niveles (1=Si, 2=No).

- TIPO_DES: Código de tipo de destete del individuo (1=Normal, 2=Precoz).

- PNAC: Peso al nacer del individuo.

- I_EDAD_210: Edad del animal en días al momento del destete normal cercano a los seis o siete meses. Se han aplicado dos tipos de destete: normal en marzo y precoz en noviembre-diciembre. Por tanto, sólo en algunos animales el peso a los 210 días coincide con el destete. Se usa como covariable para analizar el peso ajustado a los 210 días.

- P_AJ_210: Peso del individuo en kg ajustado a 210 días. Es el peso vivo del animal tomado lo más cercano a los 6-7 meses y ajustado luego a los 210 días de edad. La fórmula de cálculo es:

$$P_AJ_210 = \left(\frac{P210 - PNAC}{I_EDAD_210} * 210 \right) + PNAC$$

donde: P210 = peso vivo del animal tomado a los 6-7 meses aproximadamente; PNAC = Peso al nacer; I_EDAD_210 = ya descripto.

- I_EDAD_2A: Edad del animal en días al momento del pesaje final cercano a los diecinueve meses. Se usa como covariable para analizar el peso ajustado a los 570 días.
- P_AJ_570: Peso del individuo ajustado a 570 días (kg). A partir de los registros de campo, se tomó el peso final cercano a los diecinueve meses y se ajustó luego a los 570 días de edad, tal que:

$$P_AJ_570 = \left(\frac{PESO_2A}{I_EDAD_2A} \right) * 570$$

donde: PESO_2A = Peso final; I_EDAD_2A = ya descripto.

Modelo para el análisis multivariado de los caracteres peso al nacer, peso ajustado a 210 días y peso ajustado a los 570 días

Las estimaciones de los componentes de varianza, parámetros genéticos y ambientales, y las diferencias esperadas de la progenie (DEPs) fueron obtenidas por medio del Modelo Animal Multivariado, utilizando el software MTDFREML (Multiple Trait Derivative Free Restricted Maximum Likelihood) (Boldman y Van Vleck, 1991; Boldman et al., 1993), un conjunto de programas para estimar los componentes de (co)variancia usando el modelo animal y el algoritmo no derivativo REML (Smith y Graser, 1986 y Graser et al., 1987).

En primer lugar, fueron ajustados modelos univariados de los tres caracteres analizados, haciendo las covarianzas igual a cero, y valores supuestos para las variancias tomados de Snelling et al. Luego, se corrió el modelo multivariado usando como valores iniciales las variancias estimadas en el paso anterior y valores supuestos para las covariancias (obtenidos de Crews, D.H. Jr), manteniendo las variancias constantes. Esto permitió obtener las estimaciones de las covariancias entre los tres caracteres considerados. Finalmente, las estimaciones obtenidas en los pasos anteriores fueron utilizadas como valores iniciales de una nueva corrida del modelo multivariado, comenzando desde cero, y permitiendo que todas las variancias y covariancias varíen libremente durante las iteraciones. Este modelo fue ejecutado varias veces, continuando cada vez el procesamiento anterior, hasta que se alcanzó el mínimo global de $-2 \log L$ (cuando éste no se modificó en la tercera posición decimal luego de sucesivas corridas). La convergencia se alcanzó después de 6075 iteraciones.

Se estimaron los efectos aleatorios de los valores genéticos aditivos directos y maternos (sólo para los caracteres peso al nacer y peso ajustado a 210 días), efectos aleatorios del ambiente permanente de las madres (sólo para los caracteres peso al nacer y peso ajustado a 210 días), efectos aleatorios residuales y los siguientes efectos fijos:

- **Peso al nacer:** mes de nacimiento, grupo contemporáneo, edad de la madre, lactancia previa de la madre.
- **Peso ajustado a 210 días:** mes de nacimiento, grupo contemporáneo, edad de la madre, lactancia previa de la madre, tipo de destete, edad en días al momento del pesaje de marzo que es cercano a los 210 días (covariable).
- **Peso ajustado a 570 días:** mes de nacimiento, grupo contemporáneo, edad de la madre, tipo de destete, edad en días al momento del pesaje final en mayo (covariable).

El modelo matemático propuesto es:

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \\ Y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} S_1 & 0 \\ 0 & S_2 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} pe_1 \\ pe_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

donde:

- Y_i = vector de observaciones para el i-ésimo carácter.
- b_i = vector de efectos fijos para el i-ésimo carácter.
- u_i = vector de efectos genéticos aditivos directos de los animales,
- m_i = vector efectos genéticos aditivos maternos de los animales,
- pe_i = vector de efectos ambientales permanentes de las madres,
- e_i = vector de efectos aleatorios residuales,
- X_i, Z_i, W_i y S_i son matrices de incidencia que relacionan registros del i-ésimo carácter a los efectos fijos, genéticos directos, genéticos maternos y ambientales permanentes respectivamente.

La estructura de (co)variancias supuesta es:

$$Var \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \\ u_3 \\ m_1 \\ m_2 \\ pe_1 \\ pe_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{a1}^2 A & \sigma_{a12} A & \sigma_{a13} A & \sigma_{a1m1} A & \sigma_{a1m2} A & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_{a21} A & \sigma_{a2}^2 A & \sigma_{a23} A & \sigma_{a2m1} A & \sigma_{a2m2} A & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_{a31} A & \sigma_{a32} A & \sigma_{a3}^2 A & \sigma_{a3m1} A & \sigma_{a3m2} A & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_{m11} A & \sigma_{m12} A & \sigma_{m13} A & \sigma_{m1}^2 A & \sigma_{m1m2} A & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ \sigma_{m21} A & \sigma_{m22} A & \sigma_{m23} A & \sigma_{m2m1} A & \sigma_{m2}^2 A & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{pe1}^2 I_{pe} & \sigma_{pe1pe2} I_{pe} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{pe2pe1} I_{pe} & \sigma_{pe2}^2 I_{pe} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{e1}^2 I_e & \sigma_{e1e2} I_e & \sigma_{e1e3} I_e \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{e2e1} I_e & \sigma_{e2}^2 I_e & \sigma_{e2e3} I_e \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sigma_{e3e1} I_e & \sigma_{e3e2} I_e & \sigma_{e3}^2 I_e \end{bmatrix}$$

donde σ_{ai}^2 con $i=1, \dots, 3$ son las variancias genéticas aditivas directas para los caracteres 1 (peso al nacer), 2 (peso ajustado a 210 días) y 3 (peso a 570 días), σ_{mi}^2 con $i=1, \dots, 2$ son las variancias genéticas aditivas maternas para los caracteres 1 y 2, σ_{pei}^2 con $i=1, \dots, 2$ son las variancias de ambiente permanente para los caracteres 1 y 2, con $i=1, \dots, 3$ son las variancias residuales para los caracteres 1, 2 y 3, σ_{aij} con $i=1, \dots, 3; j=1, \dots, 3$ son las covariancias entre los efectos genéticos aditivos directos de los caracteres 1, 2 y 3, σ_{aimj} y σ_{ajdi} con $i=1, \dots, 3; j=1, \dots, 2$ son las covariancias entre los efectos genéticos aditivos directos de los caracteres 1, 2 y 3 y los efectos genéticos aditivos maternos de los caracteres 1 y 2, σ_{peipej} con $i=1, \dots, 2; j=1, \dots, 2$ son las covariancias entre los efectos de ambiente permanente de los caracteres 1 y 2, σ_{eiej} con $i=1, \dots, 3; j=1, \dots, 3$ son las covariancias entre los efectos residuales de los caracteres 1, 2 y 3, A es la matriz de parentesco entre los individuos, I_{pe} y I_e son matrices identidad.

Resultados y Discusión

Principales estadísticas descriptivas

El Cuadro 1 presenta las estadísticas descriptivas generales para los tres caracteres analizados, informando el número de observaciones (N), valor medio, desvío standard (SD), coeficiente de variación (CV), valor mínimo y valor máximo.

Carácter	N	Media	SD	CV	M mínimo	M máximo
PNAC	658	34.07	4.50	13.22	13.00	47.00
P_AJ_210	626	168.73	25.01	14.82	83.00	308.00
P_AJ_570	497	251.54	32.18	12.79	142.00	341.00

Efectos aleatorios

Las estimaciones de los componentes de varianza y covarianza, parámetros genéticos y ambientales se presentan en el Cuadro 2, donde: σ_a^2 = varianza genética aditiva directa, σ_m^2 = varianza genética aditiva materna, σ_{am} = covarianza entre efectos genéticos directo y materno, σ_{pe}^2 = varianza de ambiente permanente, σ_e^2 = varianza residual, σ_p^2 = varianza fenotípica, h_a^2 = heredabilidad para efectos genéticos directos, h_m^2 = heredabilidad para efectos genéticos maternos, r_{am} = correlación genética entre los efectos directos y maternos, e^2 = proporción de la varianza fenotípica total debida a la varianza residual y c^2 = proporción de la varianza fenotípica total debida a la varianza ambiental permanente.

Carácter	σ_a^2	σ_m^2	σ_{am}	σ_{pe}^2	σ_e^2	σ_p^2	h_a^2	h_m^2	r_{am}	c^2	e^2
PNAC	6.57	2.21	-0.32	0.72	7.31	16.50	0.40	0.13	-0.09	0.04	0.44
P_AJ_210	153.89	62.18	-56.47	10.35	223.05	393.02	0.39	0.16	-0.58	0.02	0.57
P_AJ_570	292.95	-	-	-	419.02	711.97	0.41	-	-	-	0.59

Las figuras 1, 2 y 3 ilustran las proporciones de los componentes de varianza estimados para los tres analizados.

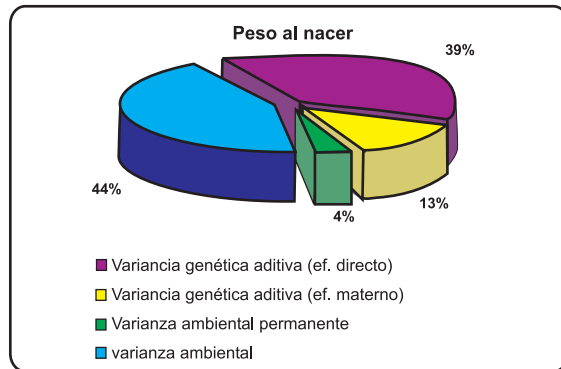


Figura 1: Proporciones de los componentes de varianza estimados para peso al nacer
 Figure 1: Proportions of estimated variance components for birth weight

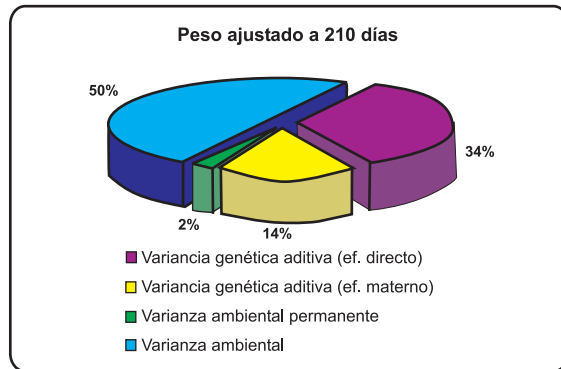


Figura 2: Proporciones de los componentes de varianza estimados para peso ajustado a 210 días
 Figure 2: Proportions of estimated variance components for weight adjusted to 210 days

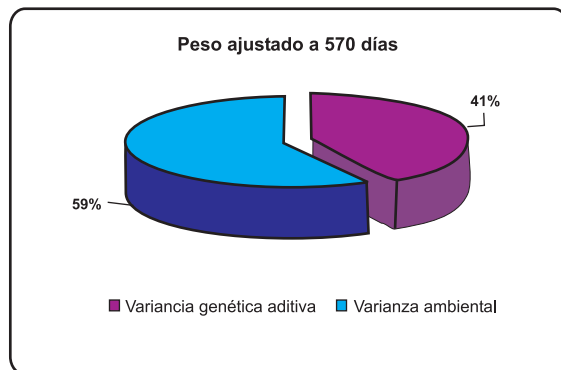


Figura 3: Proporciones de los componentes de varianza estimados para peso ajustado a 570 días
 Figure 3: Proportions of estimated variance components for weight adjusted to 570 days

Las correlaciones genéticas y ambientales entre los tres caracteres analizados se presentan en el Cuadro 3.

Cuadro III: Estimaciones de correlaciones genéticas y ambientales entre peso al nacer y peso ajustado a los 210 días y peso ajustado a los 570 días.
 Table III: Genetic and environmental estimates between birth weight adjusted to 210 days and weight adjusted to 570 days.

Caracteres correlacionados	Correlación genética	Correlación ambiental	Correlación ambiental permanente
PNAC - P_AJ_210	0,83	-0,11	0,83
PNAC - P_AJ_570	0,31	0,19	0,31
P_AJ_210 - P_AJ_570	0,74	0,66	0,74

Se observa que el peso al nacer y el peso ajustado a los 210 días presentan un alto grado de correlación, al igual que el peso ajustado a los 210 días con el peso ajustado a los 570 días. En ambos casos esto indica una importante respuesta correlacionada. En el segundo caso, la alta correlación genética implica que al seleccionar por el peso ajustado a los 570 días habrá una respuesta positiva en el peso ajustado a los 210 días, sin incrementar la habilidad materna. En cuanto a los caracteres peso al nacer y peso ajustado a los 570 días, se observa que, si bien se correlacionan positivamente, el valor es bajo, indicando que al seleccionar para peso ajustado a los 570 días, los incrementos en el peso al nacer no serán importantes. No obstante, como la correlación es positiva, se debe esperar que los animales de mayor peso a 570 días tiendan a producir crías más pesadas al nacer.

Valores genéticos predichos

Las DEPs calculados a partir de los valores genéticos predichos (BVs) fueron graficadas en función del número de observaciones, dando una idea general de su distribución en la población analizada. La observación de los gráficos muestra claramente que la distribución de los DEPs se aproxima a la normal. En las Figuras 4 y 5 se muestra la representación gráfica de la distribución de los DEPs para los efectos directo y materno en el carácter peso al nacer, en las Figuras 6 y 7 se puede ver la distribución de los DEPs para los efectos directo y materno en el carácter peso ajustado a 210 días, y en la Figura 8 se observan los DEPs para el efecto directo en el peso ajustado a 570 días.

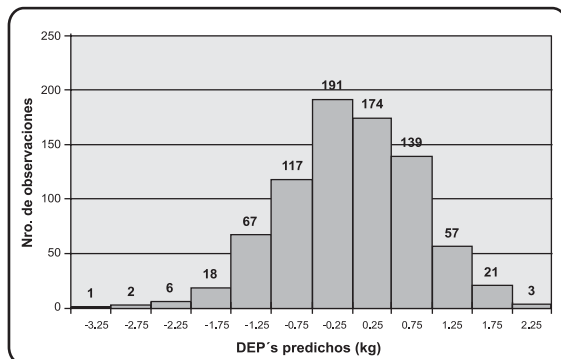


Figura 4: Distribución de los DEPs para el efecto directo en el peso al nacer
 Figure 4: Distribution of DEPs for direct effect for birth weight

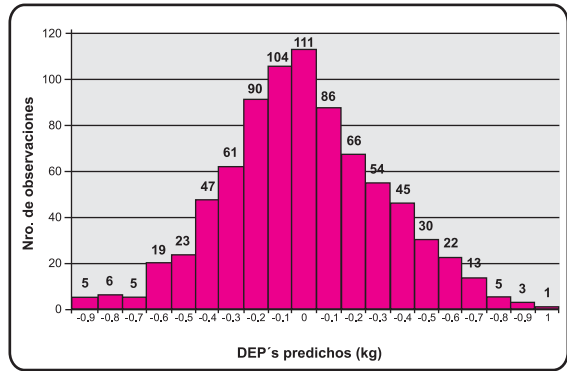


Figura 5: Distribución de los DEPs para el efecto materno en el peso al nacer
 Figure 5: Distribution of DEPs for maternal effect for birth weight

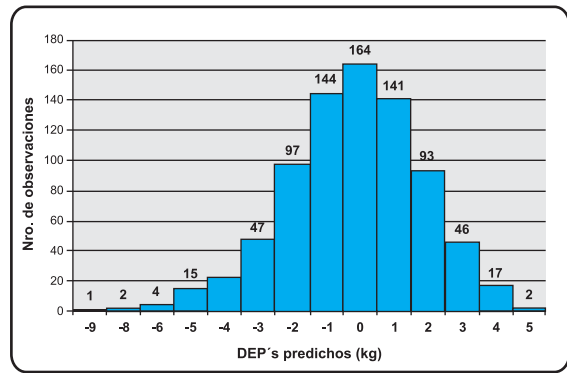


Figura 6: Distribución de los DEPs para el efecto directo en el peso ajustado a 210 días
 Figure 6: Distribution of DEPs for direct effect for weight adjusted to 210 days

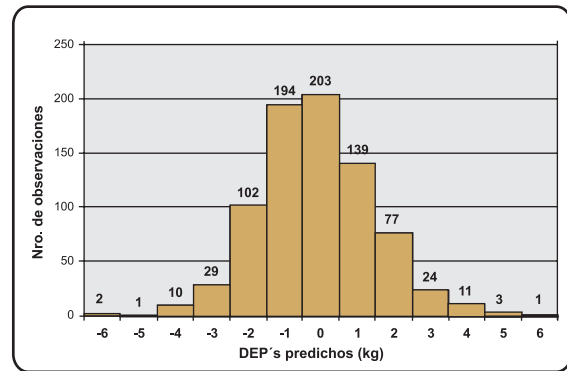


Figura 7: Distribución de los DEPs para el efecto materno en el peso ajustado a 210 días
 Figure 7: Distribution of DEPs for maternal effect for weight adjusted to 210 days

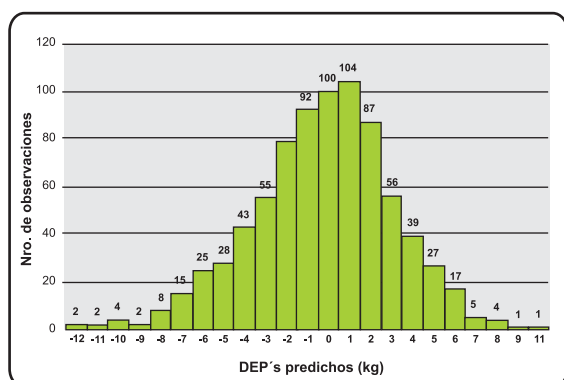


Figura 8: Distribución de los DEPs para el efecto directo en el peso ajustado a 570 días

Figure 8: Distribution of DEPs for direct effect for weight adjusted to 570 days

Finalmente, se ha elaborado un Resumen de Padres, en el cual se han incluido los DEPs calculados para los caracteres analizados, obteniéndose un resumen de padres, que contiene los siguientes campos:

- Código de padre: Es el código que recibe cada toro padre de plantel.
 - Nro. de hijos: Número de hijos del padre evaluado.
- Para cada carácter se incluye, tanto para el efecto directo como para el efecto materno:
- DEP: Diferencia esperada en la progenie de cada toro. Se expresa en las unidades del carácter.
 - Precisión: Indica la confiabilidad del valor del DEP.

Conclusiones

Se ha procesado una base de datos con información de producción y genealogía de bovinos de raza Braford disponible en el INTA EEA Corrientes, mediante el Modelo Animal Multivariado, obteniéndose estimaciones de los factores ambientales y genéticos que influyen los caracteres peso al nacer, peso ajustado a 210 días y peso ajustado a los 570 días. Se estimaron los componentes de varianza, parámetros genéticos y ambientales, y además se obtuvo información de predicción del valor genético de los reproductores (DEPs). Mediante la combinación apropiada de la información proporcionada por los DEPs para los tres caracteres analizados, será posible identificar reproductores mejoradores en cada una de esas características de crecimiento lo cual permitirá tomar decisiones de selección para el mejoramiento de esta raza y de los rodeos individuales que la componen.

Bibliografía

- Boldman, K.G. y Van Vleck, L.D. (1991). Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood Estimation in Animal Model with a Sparse Matrix Solver. *J. Dairy Sci.*, v.74.
- Boldman, K.G., Kriese, L.A., Van Vleck, L.D. y Kachman, S.D. (1993). A Manual for Use of MTDFREML: A Set of Programs to Obtain Estimates of Variances and Covariances. USDA-ARS.
- Crews, D.H Jr. Multiple Trait Selection for maternal Productivity: The Hereford Maternal Productivity Index. Agriculture and Agri-Food Canada Research Centre. Lethbridge. Alberta. Canadá.
- Graser, H.U., Smith, S.P. y Tier, B. (1987). A derivative-free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. *J. Anim. Sci.*, v.64.
- Sitio Web de la Asociación Braford Argentina. Pasaje Rodolfo Rivarola 111, piso 5, oficina 15. CP:1015. Capital Federal. <http://www.braford.org.ar/frame.htm>.
- Smith, S.P. y Graser, H.U. (1986). Estimating variance components in a class of mixed models by restricted maximum likelihood. *J. Dairy Sci.*, v.69.
- Snelling, W.M., Macneil, M.D., Kress, D.D., Anderson, D.C. y Tess, M.W. Factors Influencing Genetic Evaluations of Linebred Hereford Cattle in Diverse Environments. Ft. Keogh LARRL, ARS, USDA, Miles City, MT 59301. Department of Animal Science, Montana State University, Bozeman 59717. Northern Agric. Research Center, Havre, MT 59501.