

Componentes de (co)varianza de los días abiertos en bovinos Santa Gertrudis

(Co)variance components of open days in Santa Gertrudis cattle

Danilo Guerra-Iglesias^a, José Luis Espinoza-Villavicencio^b, Alejandro Palacios-Espinosa^b, Dianelys González-Peña^a, Felipe Rodríguez-Almeida^c, Ariel Guillén-Trujillo^b

RESUMEN

Para estimar los parámetros genéticos de los días abiertos (DA) se analizaron los datos de bovinos Santa Gertrudis de la Isla Turiguanó en Cuba. Se consideraron los primeros ocho partos de vacas de 15 hatos. La muestra estuvo conformada por 16,209 partos de 3,065 vacas hijas de 85 padres y 2,610 madres. Los datos fueron analizados con el modelo animal utilizando el programa ASREML. Se utilizaron cuatro modelos: modelo univariado (MU) para cada parto de manera independiente; modelo de repetibilidad (MR) que incluyó todos los partos; modelo bivariado (MB) para estimar las correlaciones genéticas entre los DA en los diferentes partos y el cuarto un modelo de regresión aleatoria (MRA). La media para los DA fue de 168.9 días con tendencia a decrecer del primero al cuarto parto. La heredabilidad (h^2) de los DA, estimada con el MU y el MRA se incrementó desde el primero (0.02 ± 0.02) hasta el séptimo parto (0.20 ± 0.08). Las correlaciones genéticas entre los DA de diferentes partos fueron altas, principalmente entre partos consecutivos (≥ 0.90). Los resultados muestran que la heredabilidad para los DA estimada mediante el modelo de repetibilidad no difiere de los valores encontrados en otras razas de leche y de carne, y no obstante que las estimaciones obtenidas se incrementaron con los modelos univariado y de regresión aleatoria, la magnitud de la h^2 para los DA, aunada a la variación encontrada, hacen que este rasgo sea de utilidad limitada como criterio de selección en el ganado Santa Gertrudis de Cuba.

PALABRAS CLAVE: Bovinos Santa Gertrudis, Días abiertos, Parámetros genéticos.

ABSTRACT

In order to estimate the genetic parameters of open days (OD), data from Santa Gertrudis cattle in the Turiguanó Island, Cuba, were analyzed. The first eight calvings of cows in 15 herds were considered. The sample included 16,209 calvings of 3,065 cows' daughters of 85 sires and 2,610 dams. Data was analyzed using the animal model, with the ASREML software. Four models were used: The univariate model (UM) for each independent calving; the repeatability model (RM) which included all calvings; the bivariate model (BM) to estimate genetic correlations between OD in the different parities; and the random regression model (RRM). OD mean was 168.9 d with a trend to decrease from parities 1 to 4. OD heritability (h^2) estimated by the UM and RRM increased from parity 1 (0.02 ± 0.02) to parity 7 (0.20 ± 0.08). Genetic correlations among OD for different parities were high, particularly for consecutive parities (≥ 0.90). Results show that OD heritability estimated using the RM does not differ from the values found in other dairy or beef cattle breeds. Despite of the fact that estimates obtained increased with both the UM and the RRM, OD h^2 model, together with the variation found, limit the usefulness of this trait as a selection criterion for Santa Gertrudis cattle in Cuba.

KEY WORDS: Santa Gertrudis, Cattle, Open days, Genetic parameters.

INTRODUCCIÓN

El mejoramiento del ganado bovino se ha enfocado principalmente a características de crecimiento⁽¹⁾,

INTRODUCTION

Traditionally, cattle improvement has mainly focused growth traits⁽¹⁾. Nevertheless, breeding is

Recibido el 20 de febrero de 2008. Aceptado para su publicación el 14 de agosto de 2008.

^a Centro de Investigaciones para el Mejoramiento Animal de la Ganadería Tropical, La Habana, Cuba.

^b Departamento de Zootecnia, Universidad Autónoma de Baja California Sur, México. Carr. al Sur, km. 5.5, 23080. La Paz, B.C.S., México. Tel: (612)1238800, Ext 5409 y 5410. jlvilla@uabcs.mx. Correspondencia al segundo autor.

^c Facultad de Zootecnia, Universidad Autónoma de Chihuahua, México.

no obstante, la reproducción es uno de los rasgos más importantes en bovinos para carne⁽²⁾, y la regularidad reproductiva como un indicador de fertilidad influye de manera importante en la productividad⁽¹⁾. Las características utilizadas tradicionalmente para la evaluación genética de la fertilidad tienen índices de herencia muy bajos. Esto puede ser el resultado parcial de la gran influencia del manejo sobre las mediciones que se usan actualmente en los programas de mejoramiento⁽³⁾, y el motivo por el cual se ha utilizado el manejo de factores ambientales para mejorar el desempeño reproductivo⁽²⁾. Los valores de heredabilidad para características asociadas a la fertilidad en bovinos lecheros estimadas con modelos lineales, por lo regular varían entre 0.01 y 0.05^(4,5); sin embargo, las determinaciones de parámetros genéticos de los rasgos reproductivos en ganado Santa Gertrudis y otras razas sintéticas en condiciones tropicales son escasas.

El intervalo entre el parto y la gestación, denominado también días abiertos (DA) o periodo de servicio, se ha investigado ampliamente en bovinos lecheros^(6,7), y son menos los estudios llevados a cabo en bovinos para carne; sin embargo, es un rasgo que depende en gran medida de las prácticas de manejo⁽⁸⁾. En un estudio⁽⁹⁾ realizado con el fin de estimar los parámetros genéticos de los días abiertos en ganado Asturiano de los Valles y con el propósito de estimar su potencial como criterio de selección, se concluyó que el periodo de servicio puede ser utilizado en los programas de mejoramiento genético de la raza mencionada, como un indicador de la eficiencia reproductiva de las vacas en edades tempranas.

El intervalo del parto a la gestación se trata de un rasgo que se mide con anterioridad al intervalo entre partos y, dado que se registra repetidamente en la vida del animal, es importante conocer las relaciones genéticas de este carácter entre los diferentes partos. Se ha planteado que el comportamiento reproductivo del parto previo puede afectar el parto actual y que este comportamiento en las vacas puede cambiar de un parto a otro⁽¹⁰⁾; por tal razón, un modelo de regresión aleatoria es una buena opción para estudiar esta variabilidad.

Por los motivos anteriores y por no haberse encontrado estudios específicos en ganado bovino

one of the most important traits for beef cattle⁽²⁾. Reproductive regularity as an indicator of fertility has an important influence on productivity⁽¹⁾. The traits used traditionally for fertility genetic evaluation have very low heritability (h^2). This can be partially due to the high influence of management on the measurements currently used in improvement programs⁽³⁾. This can also be the reason for which handling environmental factors has been used to improve reproductive performance⁽²⁾. Heritability values for fertility-associated traits in dairy cattle estimated using linear models, typically range between 0.01 and 0.05^(4,5). Nevertheless, only scarce determinations of the genetic parameters of reproductive traits in Santa Gertrudis and other synthetic cattle breeds have been published.

Open days (OD, i.e.: the time interval between calving and gestation) or service period, have been broadly studied in dairy cattle^(6,7), while only a few studies have been performed in beef cattle. Nevertheless, this trait depends greatly on management practices⁽⁸⁾. In a study⁽⁹⁾ performed to estimate OD genetic parameters in Asturiano de los Valles (Asturian Valley) cattle, aiming to estimate the potential usefulness of these parameters as selection criteria, it was concluded that service period can be used in genetic improvement programs for this breed, as an indicator of the reproductive efficiency of cows at early ages.

The calving-gestation interval is a trait measured before calving interval and, given that it is recorded repeatedly throughout animal's life, it is important to know that genetic relationships of this trait among different parities. It has been stated that reproductive performance of the previous calving can affect the current calving, and that this performance in cows can change from one parity to another⁽¹⁰⁾. For this reason, a random regression model (RRM) is a good option to study this variability.

Due to the above-mentioned reason and because of not having found studies specifically in Santa Gertrudis cattle, the purpose of this research was to estimate the (co)variance components of OD among different parities, using different models.

Santa Gertrudis, el propósito de este trabajo fue estimar los componentes de (co)varianza de los días abiertos entre los diferentes partos, mediante la utilización de diferentes modelos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Los datos fueron colectados del sistema de control individual de la población de bovinos Santa Gertrudis, distribuido en 15 hatos de la Isla de Turiguanó al norte de la provincia de Ciego de Ávila en Cuba. El sistema de alimentación se basó en pastos con sales minerales a libre demanda. Las crías permanecieron con sus madres hasta el destete a los 7 meses de edad. En todos los hatos el empadre fue continuo, se utilizó la inseminación artificial después de la observación del estro natural. Los 15 hatos estuvieron conectados en el transcurso del tiempo y mediante el uso de algunos sementales en común.

La muestra inicial incluyó 24,400 datos. En la edición de los mismos se tuvo en cuenta que los DA fueran entre 60 y 440 días. El diagnóstico de gestación se hizo por palpación rectal a los 60 días después de la inseminación artificial sin retorno a estro. Sólo se consideraron hasta los ocho primeros partos de cada vaca y que cada una contara al menos con su primer registro de DA entre los años de 1985 a 2002. Después de las restricciones anteriores, la muestra quedó conformada por 16,209 partos de 3,065 vacas, hijas de 85 padres y 2,610 madres con un número de registros que varó entre 812 y 3,065 entre los diferentes partos (Cuadro 1).

Para la estimación de los componentes de (co)varianza de los DA se utilizaron diferentes modelos. El primero fue un modelo univariado (MU) independiente para los DA en los ocho partos con el propósito de estimar la variabilidad genética y ambiental, y considerando que durante el periodo de 1985 a 2002 no hubo selección para la característica estudiada. Este modelo incluyó como efectos fijos al grupo de contemporáneas conformado por la combinación del hato, el año y el cuatrimestre de parto. Los cuatrimestres se definieron de enero a abril, de mayo a agosto y de

MATERIALS AND METHODS

Data was collected from the Santa Gertrudis cattle population individual control system, regarding 15 herds in Turiguanó Island, in the north of Ciego de Ávila province, Cuba. Feeding was based on grazing with minerals supplemented *ad libitum*. Calves remained with their mothers until weaning, at 7 mo of age. In all herds, service was continuous using artificial insemination (AI) after observing the natural estrus. All 15 herds were inter-connected by the time and by the use of some common bulls.

The initial sample included 24,400 data, for which edition 60 - 440 OD were taken into account. Gestation diagnosis was performed by rectal palpation 60 d after AI with no return to estrus. Only parities 1 to 8 of each cow were used. In addition, each cow needed to have her first OD record between 1985 and 2002. After applying these restrictions, the sample included 16,209 calvings from 3,065 cows - the daughters of 85 sires and 2,610 dams. Record numbers ranged from 812 to 3,065 among the different parities (Table 1).

Different methods were used to estimate the OD (co)variance components, the first one being a univariate model (UM) independent for OD in the eight parities aiming to estimate genetic and

Cuadro 1. Número de registros (n), medias fenotípicas, desviaciones estándar (SD) y coeficientes de variación (CV) de los días abiertos, de acuerdo al número de parto

Table 1. Per-parity number of records (n), phenotypic means, standard deviations (SD) and coefficients of variation (CV) of open days

Parity	n	Mean (d)	SD (d)	CV (%)
1	3065	204.4	99.9	48.9
2	2874	174.6	93.8	53.7
3	2571	159.0	95.3	59.9
4	2245	154.7	96.1	62.1
5	1921	155.3	97.0	62.5
6	1570	154.8	96.1	62.1
7	1151	154.5	95.8	62.0
8	812	165.6	96.7	58.4
Total	16209	168.9	98.2	58.1

septiembre a diciembre. Como efectos aleatorios incluyó al animal y el error residual.

El segundo fue un modelo de repetibilidad (MR) que incluyó los DA registrados en todos los partos. Los efectos fijos y aleatorios en este modelo fueron como en el MU, con la adición del efecto fijo del número de parto y el efecto aleatorio del ambiente permanente.

El tercero fue un modelo bivariado (MB), utilizado con el propósito de estimar las correlaciones genéticas y ambientales entre los DA de los diferentes partos. El modelo para cada parto fue como en el MU.

El último fue un modelo de regresión aleatoria (MRA) utilizando los polinomios de Legendre para el número de parto como variable independiente. Los efectos fijos fueron como en el MR.

La expresión matricial de la ecuación de cada modelo es:

$$\text{MU: } y = Xb + Za + e$$

$$\text{MR: } y = Xb + Za + Wap + e$$

$$\text{MB: } y_i = X_i b_i + Z_i a_i + e$$

Donde y es el vector de los DA, b es el vector de los efectos fijos, a es el vector de los efectos aleatorios del animal, ap es el vector de los efectos del ambiente permanente, e es el vector de los efectos residuales y X , Z y W son las matrices de incidencia de los efectos fijos, aleatorios genético aditivos y del ambiente permanente, respectivamente. Se asume además que para MU y MR:

$$E(y) = Xb; E(a) = E(ap) = E(e) = 0$$

$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ ap \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{ap}^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Donde A es la matriz de relaciones genéticas aditivas entre los individuos, I es la matriz identidad, σ_a^2 es la varianza genética aditiva, σ_{ap}^2 es la varianza de los efectos del ambiente permanente y σ_e^2 es la varianza del error. Para el

environmental variability, considering that during 1985 - 2002 no selection was made for the trait being studied. This model included –as fixed effects– the contemporary group formed by the combination of herd, year, and calving quatrimester. Quatrimesters were defined as follows: January-April; May-August; September-December. Random effects included the animal and the residual error.

The second model was a repeatability model (RM) which included OD recorded in all parities. Fixed and random effects with this model were the same as those with UM, but with the addition of parity as a fixed effect, and permanent environment as a random effect.

The third model was a bivariate model (BM), used with the purpose of estimating genetic and environmental correlations between OD in the different parities. The model for each parity was the same as for the UM.

The last model was a random regression model (RRM) using Legendre polynomials for parity number as an independent variable. Fixed effects were the same as those for RM.

The matricial expression for each model equation is:

$$\text{UM: } y = Xb + Za + e$$

$$\text{RM: } y = Xb + Za + Wap + e$$

$$\text{BM: } y_i = X_i b_i + Z_i a_i + e$$

Where y is the OD vector, b is the vector of fixed effects, a is the vector of the animal random effects, ap is the vector of the permanent environment effects, e is the vector of residual effects, and X , Z and W are the incidence matrices of fixed, additive genetic random, and permanent environment effects, respectively. It was also assumed that for both UM and RM:

$$E(y) = Xb; E(a) = E(ap) = E(e) = 0$$

$$\text{var} \begin{bmatrix} a \\ ap \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma_{ap}^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

MB con dos caracteres, $i = 1, 2$. Se asume que $a = (a_1' a_2') \sim N(0, G \otimes A)$ y $e = (e_1' e_2') \sim N(0, E \otimes I)$. Donde G y E son las matrices de varianzas y covarianzas entre los DA de diferentes partos para los efectos genéticos aditivos y del ambiente temporal, respectivamente y \otimes es el producto directo o de Kronecker.

El modelo estadístico utilizado para el MRA fue:

$$y_{ij} = GC_l + \sum_{m=0}^{k_A-1} \alpha_{im} \phi_m(t_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_R-1} \gamma_{im} \phi_m(t_{ij}^*) + \varepsilon_{ij}$$

Donde y_{ij} es el j -ésimo registro del i -ésimo animal, GC_l representa los efectos fijos para el l -ésimo grupo de contemporáneas; $k_A = k_R = 2$ representan el orden de ajuste de los coeficientes de regresión polinomial para los componentes de varianza genética aditiva y del ambiente permanente; α_{im} y γ_{im} representan los coeficientes de regresión aleatoria y del ambiente permanente para el i -ésimo animal, ϕ_m es el m -ésimo polinomio de Legendre y t_{ij}^* es el j -ésimo número de parto estandarizado del i -ésimo animal (de -1 a +1) de acuerdo con la ecuación:

$$t^* = 2x \frac{\text{número de parto} - \text{número de parto}_{\min}}{\text{número de parto}_{\max} - \text{número de parto}_{\min}} - 1$$

Donde número de parto_{min} = 1 y número de parto_{max} = 8

De forma matricial el modelo se escribe como $y = Xb + Za + Wap + e$. Se asume que $E(y) = Xb$ y $V(y) = Z(K_G \otimes A)Z' + W(K_P \otimes I)W' + R$, $a \sim N(0, A \otimes K_G)$, $ap \sim N(0, I \otimes K_P)$ y $e \sim N(0, \sigma_e^2 I)$, donde I es la matriz identidad; A es la matriz de relaciones genéticas aditivas entre los individuos; K_G y K_P son las matrices de (co)varianza de los coeficientes de regresión genéticos y del ambiente permanente de orden 3, respectivamente y R la varianza de los efectos del ambiente temporal.

La varianza residual se consideró homogénea a través de todos los partos tras previa demostración. Los datos fueron analizados mediante el programa ASREML⁽¹¹⁾, el cual utiliza un procedimiento REML con el algoritmo de la información promedio para localizar la máxima verosimilitud restringida⁽¹²⁾. No obstante que la versión del

Where A is the matrix of additive genetic relationships among individuals, I is the identity matrix, σ_a^2 is the additive genetic variance, σ_{ap}^2 is the variance of permanent environment effects, and σ_e^2 is the error variance. For the 2-trait BM, $i = 1, 2$. It is assumed that $a = (a_1' a_2') \sim N(0, G \otimes A)$, and $e = (e_1' e_2') \sim N(0, E \otimes I)$. Where G and E are the variance and covariance matrices among OD for different parities, for additive genetic effects and for the temporary environment, respectively, and \otimes is Kronecker's or direct product.

The statistical model used for RRM was:

$$y_{ij} = GC_l + \sum_{m=0}^{k_A-1} \alpha_{im} \phi_m(t_{ij}^*) + \sum_{m=0}^{k_R-1} \gamma_{im} \phi_m(t_{ij}^*) + \varepsilon_{ij}$$

Where y_{ij} is the j -th record of the i -th animal, GC_l represents the fixed effects for the l -th group of contemporary cows; $k_A = k_R = 2$ represent the order of adjustment of polynomial regression coefficients for the components of additive genetic variance, and the permanent environment; α_{im} and γ_{im} represent the random regression coefficient and the permanent environment for the i -th animal, ϕ_m is m -th Legendre polynomial, and t_{ij}^* is the j -th standardized parity number of the i -th animal (from -1 to +1) in agreement with the following equation:

$$t^* = 2x \frac{\text{parity number} - \text{parity number}_{\min}}{\text{parity number}_{\max} - \text{parity number}_{\min}} - 1$$

Where parity number_{min} = 1 and parity number_{max} = 8

In a matricial manner, the model is described as $y = Xb + Za + Wap + e$. It is assumed that $E(y) = Xb$ and $V(y) = Z(K_G \otimes A)Z' + W(K_P \otimes I)W' + R$, $a \sim N(0, A \otimes K_G)$, $ap \sim N(0, I \otimes K_P)$ and $e \sim N(0, \sigma_e^2 I)$, where I is the identity matrix; A is the additive genetic relationship matrix among individuals; K_G and K_P are the (co)variance matrices of genetic regression coefficients and order 3 permanent, respectively, and R is the variance of temporary environment effects.

Residual variance was considered to be homogeneous throughout all parities after previous demonstration. Data was analyzed using the ASREML software⁽¹¹⁾, which uses a REML

ASREML utilizada no cuenta con la opción de los polinomios de Legendre para los modelos de regresión aleatoria, de manera alternativa el programa permite que los coeficientes de los modelos de regresión para los polinomios de Legendre puedan ser construidos manualmente, usando el número de parto en este caso y ajustado entre -1 y +1 e incluidos al archivo de datos; si estos coeficientes se jerarquizan dentro del animal y se consideran como efectos aleatorios junto con el efecto del animal, el programa en su salida arroja las estimaciones de los componentes de varianzas y covarianzas entre estos coeficientes de regresión, conformando lo que en el texto se expresa como la matriz K_G ⁽¹³⁾.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las medias y desviaciones estándar, así como los coeficientes de variación de los DA en cada uno de los ocho partos se presentan en el Cuadro 1. La media general estimada (168.9 días) es mayor de lo que ha sido publicado por otros autores para diferentes razas de carne, tanto *Bos indicus*^(14,15) como *Bos taurus*⁽⁹⁾. La variación observada es similar a la reportada en la raza Asturiana de los Valles⁽⁹⁾ y puede ser debida en parte, a que en Cuba no se desechan las vacas con base en su comportamiento reproductivo, permaneciendo en la población de manera indefinida e incrementando con esto el rango de los DA. Sin embargo, el valor observado de los DA en el presente estudio es inferior a lo reportado en ganado Sahiwal en Pakistán (174.5 días)⁽¹⁶⁾, Nelore de Brasil (239 días)⁽¹⁷⁾ y en una población el ganado Cebú de Cuba (218.9 días) manejado con sistemas de producción en pastoreo sin suplementación de concentrados.

Los DA tendieron a disminuir entre el primero y el cuarto parto, se estabilizaron en 155 días entre el cuarto y séptimo, y después se incrementaron en el octavo. Una tendencia similar fue observada en la raza Asturiana de los Valles⁽⁹⁾.

Los componentes de varianza y los valores de h^2 estimados mediante el MU se presentan en el Cuadro 2. Se observa un incremento de la varianza

procedure with the average information algorithm to find maximum restricted verisimilitude⁽¹²⁾. Even though the ASREML version used does not have the Legendre polynomial option for RRM, the software alternatively allows for RM coefficients for Legendre polynomials to be constructed manually, using the parity in this case, adjusting between -1 and +1, and included in the data file. If these coefficients are hierarchically arranged within the animal, and considered as random effects together with the animal effect, the program at its exit yields the estimates of variance and covariance components of these regression coefficients, thus conforming what is expressed in the text as the K_G matrix⁽¹³⁾.

RESULTS AND DISCUSSION

Means and standard deviations, as well OD variation coefficients for each of the 8 parities are shown in Table 1. The estimated general mean (168.9 d) exceeds the means published elsewhere for different beef breeds including both *Bos indicus*^(14,15) and *Bos taurus*⁽⁹⁾. The variation observed is similar to that reported for Asturiana de los Valles cattle⁽⁹⁾, and this can be partially due to the fact that in Cuba cows are not culled based on their reproductive performance, so that they remain in the population indefinitely, this increasing the OD range. Nevertheless, the OD value observed in our study is lower than those reported for Sahiwal cattle in Pakistan (174.5 d)⁽¹⁶⁾, Nelore in Brazil (239 d)⁽¹⁷⁾, and a Zebu cattle population in Cuba (218.9 d) managed under a grazing system with no concentrate supplementation.

OD tended to decrease between parities 1 and 4; it was stabilized at 155 d between parities 4 and 7; to then increase in parity 8. A similar trend was observed in Asturiana de los Valles cattle⁽⁹⁾.

Variance components and h^2 values estimated using the UM are shown in Table 2. An increase in additive variance (σ_a^2) was observed up to parity 7, and it then decreased slightly. Nevertheless, residual variance (σ_e^2) has no definite trend and it remains stable with only minor erratic changes throughout all parities. Therefore, OD h^2 tends to

aditiva (σ_a^2) hasta el séptimo parto, para después disminuir ligeramente. Sin embargo, la varianza residual (σ_e^2) no presenta una tendencia definida, es estable con pequeños cambios erráticos en todos los partos. Consecuentemente, la h^2 de los DA tiende a aumentar a medida que se incrementa el número de parto. Estas estimaciones cercanas a cero indican una variabilidad genética escasa⁽¹⁸⁾.

Existe mucha literatura relacionada con la estimación de componentes de varianza en caracteres reproductivos fundamentalmente en bovinos lecheros^(19,20) y la mayoría coincide en que la h^2 es igual o menor a 0.05; no obstante, en vacas Sahiwal se han señalado valores de h^2 de los DA ligeramente superiores (0.07)⁽¹⁶⁾. La literatura en bovinos para carne es más escasa. Se han encontrado valores de h^2 superiores a los del presente estudio en el primero (0.16) y en el segundo parto (0.19), así como entre el tercero y el noveno (0.17) y una h^2 de 0.09 para los DA en partos posteriores⁽⁹⁾. Una h^2 de 0.10 fue observada para los DA de vacas Nelore de primer parto⁽²¹⁾. Estimadores de más bajos (0.05 y 0.0) se publicaron en el bovino Japonés Negro⁽²²⁾ y en el Pantaneiro⁽²³⁾, respectivamente. Un componente importante de los DA es la duración del anestro posparto, el cual ha registrado una heredabilidad moderada (0.38) en ganado Charolais cuando la estimación se basó en los días transcurridos entre el parto y el primer incremento de los niveles de progesterona en la sangre; sin embargo, el valor de h^2 se redujo a 0.11 cuando se estimó con base en el primer estro observado⁽²⁴⁾.

En el Cuadro 3 se presentan los componentes de varianza y la h^2 cuando se utilizó el MR. La σ_a^2 y la σ_e^2 adquieren valores intermedios respecto a los obtenidos con el MU, y la varianza del ambiente permanente (σ_{sp}^2) fue superior a la σ_e^2 . La h^2 (0.05 ± 0.01) es similar a la publicada en la raza Cebú⁽²⁵⁾ y en ganado Santa Gertrudis⁽²⁶⁾, utilizando en ambos trabajos modelos de repetibilidad. El efecto del ambiente permanente (c^2) representó un 8.6 % de la variabilidad total. En otro trabajo encontraron que la contribución del c^2 fue de 9.6 % cuando utilizaron toda la muestra y de 9.1 % cuando utilizaron solamente el primero y segundo parto⁽⁹⁾.

Cuadro 2. Valores estimados de varianza genética aditiva (σ_a^2), varianza residual (σ_e^2) y heredabilidad ($h^2 \pm$ S.E.) para días abiertos mediante un modelo univariado, de acuerdo al número del parto

Table 2. Per-parity estimated additive genetic variance values (σ_a^2), residual variance (σ_e^2) and heritability ($h^2 \pm$ S.E.) for open days using an univariate model

Parity	σ_a^2	σ_e^2	($h^2 \pm$ S.E.)
1	140.6	6983.2	0.02 \pm 0.02
2	312.3	6407.7	0.04 \pm 0.02
3	434.4	6640.3	0.06 \pm 0.03
4	679.6	6392.8	0.09 \pm 0.04
5	764.0	6325.2	0.10 \pm 0.04
6	536.0	6979.0	0.07 \pm 0.04
7	1608.5	6205.8	0.20 \pm 0.08
8	1004.8	6759.5	0.12 \pm 0.08

increase as parities increase. These estimates approaching zero show scarce genetic variability⁽¹⁸⁾.

Numerous publications exist regarding the estimation of variance components of reproductive traits mostly in dairy cattle^(19,20). Most of these reports agree that h^2 is ≤ 0.05 . Nevertheless, slightly higher (0.07) OD h^2 values have been reported for Sahiwal cattle⁽¹⁶⁾. Reports on beef cattle are scarce. OD h^2 values exceeding those in our study have been reported for the first (0.16) and second (0.19) parities, as well as between parities 3 and 9 (0.17) and 0.09 for later parities⁽⁹⁾. In primiparous Nelore heifers⁽²¹⁾, an h^2 of 0.10 was observed. Lower estimators (0.05 and 0.0) were reported for Black Japanese⁽²²⁾ and Pantaneiro⁽²³⁾ cattle, respectively. One important component of OD is the length of postpartum anestrus, for which moderate h^2 (0.38) has been reported in Charolais cattle, when estimation was based on the number of days from calving to the first blood progesterone surge. Nevertheless, h^2 was reduced to 0.11 when estimation was based on the first estrus observed⁽²⁴⁾.

Table 3 shows variance components and h^2 when the RM was used. Both σ_a^2 and σ_e^2 take intermediate values when compared with those obtained by UM,

Cuadro 3. Varianza genética aditiva (σ_a^2), varianza del ambiente permanente (σ_{ap}^2), varianza residual (σ_e^2), varianza fenotípica (σ_p^2), heredabilidad (h^2) y proporción de la varianza fenotípica determinada por la varianza del ambiente permanente ($c^2 = \sigma_{ap}^2 / \sigma_p^2$), y la repetibilidad [R= +/)] para los días abiertos, estimados mediante un modelo de repetibilidad

Table 3. Additive genetic variance (σ_a^2), permanent environment variance (σ_{ap}^2), residual variance (σ_e^2), phenotypic variance (σ_p^2), heritability (h^2) phenotypic variance proportion as determined by permanent environment variance ($c^2 = \sigma_{ap}^2 / \sigma_p^2$), and repeatability [R= +/)] for open days, estimated using a repeatability model

Component	Estimated value	Standard error
σ_a^2	411.4	-
σ_{ap}^2	637.1	-
σ_e^2	6353.7	-
σ_p^2	7402.2	-
h^2	0.056	0.014
c^2	0.086	0.013
R	0.142	0.018

Otro estudio⁽²⁵⁾ reporta un valor de 29 %; sin embargo, en el ganado Pantaneiro de Brasil encontraron que la proporción de la varianza fenotípica determinada por la varianza del ambiente permanente fue de cero para los DA⁽²³⁾.

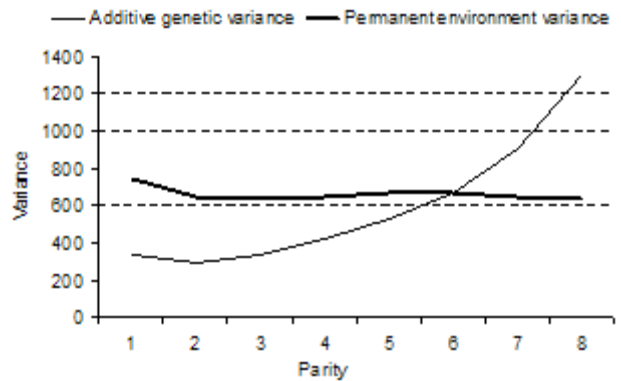
En la Figura 1 se presentan la σ_a^2 y la σ_{ap}^2 cuando se utilizó el MRA. Los valores de la σ_a^2 a través de todos los partos fueron consecuentes con los estimados por el MU. Se podría especular que el incremento de la σ_a^2 entre el primero y el séptimo parto, estimados con los modelos MU y MRA no están sesgados por el manejo, ya que los criterios de desecho basados en el comportamiento reproductivo no fueron utilizados. Los resultados obtenidos para el séptimo y octavo parto pueden haber sido influidos por el menor tamaño de la muestra. En ganado lechero, a pesar de utilizarse el desecho de animales por baja fertilidad, esto no ha influido sobre los parámetros genéticos de ese tipo de características⁽²⁷⁾. Con relación a la σ_{ap}^2 ,

and the permanent environment variance (σ_{ap}^2) was higher than σ_a^2 . Heritability (0.05 ± 0.01) is similar to that published for Zebu⁽²⁵⁾ and Santa Gertrudis⁽²⁶⁾ cattle. In both papers, RMs were used. Permanent environment effect (c^2) represented 8.6 % of total variability. Other workers⁽⁹⁾ found that c^2 contribution was 9.6 % when the entire sample was used, and 9.1 % when only parities 1 and 2 were used. Another study⁽²⁵⁾ reported a value of 29 %. Nevertheless, using Pantaneiro cattle in Brazil, the authors found that the proportion of phenotypic variance determined by the permanent environment variance was zero for OD⁽²³⁾.

Figure 1 shows both σ_a^2 and σ_{ap}^2 when the RRM was used. The values of σ_a^2 throughout all parities were consistent with the estimates obtained by UM. It could be speculated that σ_a^2 increase between parities 1 and 7, as estimated by both UM and RRM, are not biased by management, since reproductive performance culling criteria were not used. The results obtained for parities 7 and 8 could have been influenced by the reduced sample size. In dairy cattle, despite of culling low fertility animals, this has not influenced the genetic parameters of this type of traits⁽²⁷⁾. As far as σ_{ap}^2 is concerned, small variations were found

Figura 1. Varianza genética aditiva (σ_a^2) y varianza del ambiente permanente (σ_{ap}^2) de los días abiertos en diferentes partos, estimadas con un modelo de regresión aleatoria

Figure 1. Additive genetic variance (σ_a^2) and permanent environment variance (σ_{ap}^2) of open days in different parities, as estimated using a random regression model



ésta tendió a variar poco a través de los partos presentando valores similares a los encontrados con el MR.

La h^2 estimada con el MRA (Figura 2) tiende a incrementarse desde el primero hasta el octavo parto, con valores similares a los obtenidos con el MU, debido a que la variabilidad ambiental se mantuvo prácticamente constante y la variación aditiva se incrementó a medida que aumentó el número de parto. También se aprecia la tendencia errática para los valores de heredabilidad estimados con el MU en los últimos partos, sin embargo, no sucede así con los valores estimados con el MRA, dado que este modelo se basa en una función de covarianzas que tiende a modelar de una manera más suave y uniforme los estimados de las varianzas. Jansen *et al*⁽²⁷⁾ observaron un incremento de la σ^2_e de los DA en ganado lechero a medida que aumentaba el número del parto. Goyache *et al*⁽⁹⁾ observaron una σ^2_e mayor en los animales más jóvenes en la raza Asturiana de los Valles, y se lo atribuyeron a que los animales más jóvenes tienen un comportamiento reproductivo más estable y libre del sesgo producido por selección en las vacas más viejas.

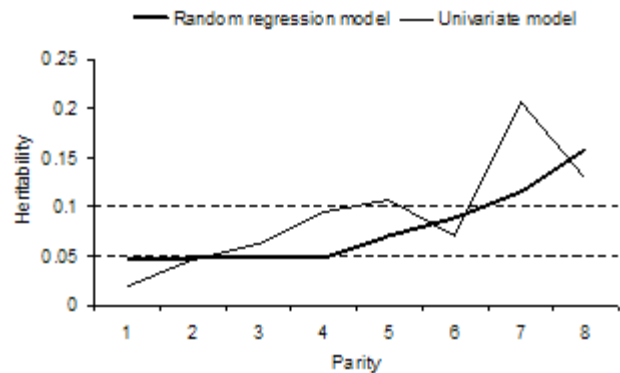
Las correlaciones genéticas estimadas por el MB y el MRA se presentan en el Cuadro 4. En general, se observan correlaciones altas y positivas, sobre

throughout the parities, and values similar to those obtained with RM were found.

Heritability estimated by the RRM (Figure 2) tends to increase from parity 1 to parity 8, with values similar to those obtained by the UM, due to the fact that environmental variability remained practically constant, and the additive variation was increased as parity number increased. The erratic trend is also seen for UM-estimated h^2 in the last

Figura 2. Heredabilidad de los días abiertos en diferentes partos, estimada mediante un modelo de regresión aleatoria o con el modelo animal univariado

Figure 2. Heritability of open days for different parities, as estimated using a random regression model or the univariate animal model



Cuadro 4. Correlaciones genéticas con sus errores estándar (en el paréntesis) entre los días abiertos de diferentes partos, estimadas con un modelo bivariado (encima de la diagonal) y un modelo de regresión aleatoria (debajo de la diagonal)

Table 4. Genetic correlations and their standard errors (in parenthesis) among open days for different parities, as estimated using a bivariate model (above diagonal) and a random regression model (below diagonal)

Parity	1	2	3	4	5	6	7	8
1	-	0.99 (0.00)	0.99 (0.00)	0.91 (0.15)	0.88 (0.27)	0.75 (0.31)	0.50 (0.34)	0.43 (0.36)
2	0.94	-	0.99 (0.00)	0.80 (0.18)	0.75 (0.30)	0.62 (0.29)	0.53 (0.29)	0.58 (0.30)
3	0.84	0.97	-	0.99 (0.00)	0.85 (0.33)	0.68 (0.35)	0.53 (0.30)	0.51 (0.30)
4	0.79	0.94	0.99	-	0.98 (0.18)	0.99 (0.24)	0.76 (0.34)	0.65 (0.43)
5	0.79	0.92	0.96	0.98	-	0.97 (0.31)	0.90 (0.15)	0.85 (0.33)
6	0.80	0.88	0.91	0.94	0.98	-	0.92 (0.18)	0.91 (0.25)
7	0.79	0.82	0.83	0.86	0.92	0.97	-	0.99 (0.00)
8	0.78	0.75	0.73	0.76	0.84	0.92	0.98	-

todo entre partos consecutivos, principalmente las estimadas con el MRA que registran además una tendencia más estable. Correlaciones genéticas y tendencias similares obtenidas mediante un modelo bivariado fueron publicadas por Goyache *et al*⁽⁹⁾ en la raza Asturiana de los Valles, indicando que los DA entre partos consecutivos fueron genéticamente la misma característica, independientemente de la paridad de la vaca. Philipsson⁽⁶⁾ encontró correlaciones genéticas en ganado lechero que variaron de 0.81 a 0.90 entre los DA de animales jóvenes y adultos y sugirió la posibilidad que fueran los mismos genes que afectan este carácter medido en edades diferentes.

CONCLUSIONES E IMPLICACIONES

La heredabilidad estimada para los días abiertos mediante el modelo de repetibilidad para todos los partos no difiere de los resultados encontrados para este rasgo en otras razas de leche y de carne. Cuando se utilizaron los modelos univariado y de regresión aleatoria, los valores de heredabilidad se incrementaron en función del aumento de la varianza aditiva. Sin embargo, los días abiertos en el ganado Santa Gertrudis de Cuba tienen pocas ventajas para ser usados como criterio de selección, dada la magnitud de su heredabilidad estimada y la variabilidad observada entre y dentro de cada parto.

LITERATURA CITADA

1. Gutiérrez JP, Alvarez I, Fernandez I, Royo LJ, Dýez J, Goyache F. Genetic relationships between calving date, calving interval, age at first calving and type traits in beef cattle. *Livest Prod Sci* 2002;78(3):215-222.
2. Bormann JM, Totir LR, Kachman SD, Fernando RL, Wilson DE. Pregnancy rate and first-service conception rate in Angus heifers. *J Anim Sci* 2006;84(8):2022-2025.
3. Petersson KJ, Berglund B, Strandberg E, Gustafsson H, Flint APF, Woolliams JA, Royal MD. Genetic analysis of postpartum measures of luteal activity in dairy cows. *J Dairy Sci* 2007;90(1):427-434.
4. Roxström A, Strandberg E, Berglund B, Emanuelson U. Genetic and environmental correlations among female fertility traits and milk production in different parities of Swedish Red and White Dairy Cattle. *Acta Agric Scand Sect A Anim Sci* 2001;51(3):7-14.
5. Wall E, Brotherstone S, Woolliams JA, Banos G, Coffey MP.

parities. Nevertheless, this was not the case with RRM-estimated values, since RRM is based on a function of covariances, which tends to model variance estimates in a milder, more uniform manner. Jansen *et al*⁽²⁷⁾ found that the OD σ_a^2 in dairy cattle increased as parities increased. Goyache *et al*⁽⁹⁾ found a higher σ_a^2 in the youngest Asturiana de los Valles cows. The authors attributed this finding to the fact that younger cows have a more stable, reproductive performance, free of the older cow culling bias.

Genetic correlations estimated by both BM and RRM are shown in Table 4. In general high, positive correlations are seen mainly between consecutive parities, and mainly in those estimated by RRM which also show a more stable trend. Genetic correlations and similar trends were reported by Goyache *et al*⁽⁹⁾ in Asturiana de los Valles cattle, using a BM, showing that OD between consecutive calvings were genetically the same trait, regardless of parity. Philipsson⁽⁶⁾ found genetic correlations in dairy cattle ranging from 0.81 to 0.90 in OD between young and adult cows. The author suggested the possibility that the same genes affect this trait measured at different ages.

CONCLUSIONS AND IMPLICATIONS

Open days heritability estimated using the repeatability model for all parities does not differ from results obtained for this trait in other dairy or beef cattle breeds. When both the univariate and the random regression models were used, heritability values increased in function of increased additive variance. Nevertheless, open days in Cuban Santa Gertrudis cattle have limited advantages to be used as a selection criterion, given the magnitude of its estimated heritability, and the variability observed between and within parities.

End of english version

-
-
- Genetic evaluation of fertility using direct and correlated traits. *J Dairy Sci* 2003;86(12):4093-4102.
 6. Philipsson J. Genetic aspects of female fertility in dairy cattle. *Livest Prod Sci* 1981;8(4):307-319.

COMPONENTES DE (CO)VARIANZA DE LOS DÍAS ABIERTOS EN SANTA GERTRUDIS

7. VanRaden PM, Sanders AH, Tooker ME, Miller RH, Norman HD, Kuhn MT, Wiggans GR. Development of a national genetic evaluation for cow fertility. *J Dairy Sci* 2004;87(7):2285-2292.
8. Dekkers JCM, Ten Hag JH, Weersink A. Economic aspects of persistency of lactation in dairy cattle. *Livest Prod Sci* 1998;53(3):237-252.
9. Goyache F, Gutiérrez JP, Fernandez I, Royo LJ, Álvarez I. Genetic analysis of days opens in beef cattle. *Livest Prod Sci* 2005;93(3):283-289.
10. Schaeffer LR. Application of random regression models in animal breeding. *Livest Prod Sci* 2004;86(1-3):35-45.
11. Gilmour AR, Cullis BR, Erlham SJ, Thompson R. *ASREML Reference Manual*. Australia: NSW Agriculture. 1999.
12. Gilmour AR, Thompson R, Cullis BR. Average Information REML: An efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models. *Biometrics* 1995;51(4):277-288.
13. van der Werf J. Mixed models for genetic analysis [on line]. <http://www.vsnl.co.uk/products/asreml/user/geneticanalysis.pdf>. Accessed Nov 2, 2007.
14. Oliveira FEB, Duarte FAM, Lobo RB. Aspectos da eficiência reprodutiva de um rebanho Nelore: efeitos genéticos e de meio ambiente [resumen]. *Congresso Brasileiro de Medicina Veterinária, Cuiabá, Anais*. Cuiabá: SBMV, 1986:200.
15. Cavalcante FA, Filho RM, Campello CC, Lobo RNB, Martins GA. Período de Serviço em Rebanho Nelore na Amazônia Oriental. *Rev Bras Zootec* 2001;30(5):1456-1459.
16. Ahmad M, Sivarajasingam S. Analysis on the productive and reproductive traits in Sahiwal cows. *Proceed 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Armidale, Australia. 1998:399-402.
17. Oliveira FEB, Duarte FAM, Gonçalves AAM. Eficiência reprodutiva em um rebanho Nelore: período de serviço e intervalo de partos [resumen]. *Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia, Anais Campo Grande: SBZ*, 1986:362.
18. Pereira JCC, Ribeiro SHA, Silva MA, Bergmann JAG, Costa MD. Análise genética de características ponderais e reprodutivas de fêmeas bovinas Tabapuã. *Arq Braz Med Vet Zootec* 2005;57(Suppl 2):231-236.
19. Oseni S, Tsuruta S, Misztal I, Rekaya R. Genetic parameters for days open and pregnancy rates in US Holsteins using different editing criteria. *J Dairy Sci* 2004;87(12):4327-4333.
20. Chang YM, Andersen-Ramberg IM, Heringstad B, Gianola D, Klemetsdal G. Bivariate analysis of number of services to conception and days open in Norwegian Red using a censored threshold-linear model. *J Dairy Sci* 2006;89(2):772-778.
21. Gressler SM, Garcia JA, Silva C, Penna VM, Campos JC, de Menezes MG. Estudo das Associações Genéticas entre Perímetro Escrotal e Características Reprodutivas de Fêmeas Nelore. *Rev Bras Zootec* 2000;29(2):427-437.
22. Oyama K, Katsuta T, Anada K, Mukai F. Genetic parameters for reproductive performance of breeding cows and carcass traits of fattening animals in Japanese Black (Wagyu) cattle. *J Anim Sci* 2004;78(2):195-201.
23. McManus C, Abreu UGP, Lara MAC, Sereno JRB. Genetic and environmental factors which influence weight and reproduction parameters in Pantaneiro cattle in Brazil. *Arch Zootec* 2002;51(1):91-97.
24. Mialon MM, Renend G, Krauss D, Ménissier F. Genetic relationship between cyclic ovarian activity in heifers and cows and beef traits in males. *Genet Sel Evol* 2001;33(3):273-287.
25. Santana I, Guerra D, Veliz D, Falcón R, Rodríguez M, González-Peña D, Ortiz J. Parámetros genéticos y no genéticos que afectan las características reproductivas de la hembra Cebú en Cuba. *Rev Cubana de Reprod Anim* 2004;30:39-46.
26. Veliz D, Guerra D, Falcón R, Santana I, Rodríguez M, González-Peña D. Parámetros genéticos y no genéticos que afectan la reproducción en la raza Santa Gertrudis. *Rev Cubana de Reprod Anim* 2004;30:53-58.
27. Jansen J, Van der Werf J, deWoer W. Genetic relationships between fertility traits for dairy cows in different parities. *Livest Prod Sci* 1987;17:337-349.

