

Importancia de las pruebas de paternidad basadas en microsatélites para la evaluación genética de ganado de carne en empad্রে múltiple

Importance of microsatellite-based tests in the genetic evaluation of multiple-sire mating systems in beef cattle

Ana María Sifuentes Rincón^a, Gaspar Manuel Parra Bracamonte^b, Xochitl Fabiola de la Rosa Reyna^a, Alejandro Sánchez Varela^a, Felipe Serrano Medina^a, Javier Rosales Alday^c

RESUMEN

Con el objetivo de determinar la importancia de una correcta identificación de los individuos que participan en empadres múltiples, se utilizó un panel de microsatélites para la asignación o verificación de paternidad en un hato de ganado bovino de la raza Charolais. El panel de microsatélites utilizado fue capaz de asignar paternidad con 95 % de confianza, siempre que se incluyó en el análisis a la madre, a la cría y los posibles padres. Se observó que la ausencia o identificación errónea de cualquiera de los individuos que forman una familia, resultó en la falta de asignación de paternidad en el 24 % de la población analizada. Para determinar las diferencias asociadas a la paternidad incierta sobre los parámetros y valores genéticos en los sementales [varianza genética directa, varianza ambiental, índice de herencia directa, proporción de la varianza ambiental con respecto a la fenotípica, diferencias esperadas de la progenie (DEPs) y sus exactitudes], se analizó con un modelo animal, el peso al nacimiento de 32 becerros nacidos en el período 2000-2002. Se observó variación importante (hasta de 47 %) en los efectos y en los parámetros genéticos estimados a partir de dos bases de datos; en una de ellas se consideraron paternidades simuladas, y en la otra se utilizó la información proveniente de la identificación biológica. Se observó una marcada diferencia en el ordenamiento de los sementales al comparar las DEPs en cada una de las bases de datos, lo que muestra la necesidad de utilizar las pruebas de paternidad basadas en microsatélites, como un sistema de identificación que asegure el éxito de los programas de manejo y mejoramiento genético de los hatos con empad্রে múltiple.

PALABRAS CLAVE: Microsatélites, Charolais, DEPs, Empad্রে múltiple.

ABSTRACT

A microsatellite panel for paternity assignment/verification was used in a Charolais herd in order to determine the importance of the correct identification of individuals involved in a multiple-sire breeding program. The microsatellite panel used was able to assign paternity with 95% confidence every time the dam, the calf and all possible sires were all included in the analysis. The lack of or wrong identification of any individual within a family resulted in no paternity assignment in 24 % of the population analyzed. In order to determine the differences associated with uncertain paternity on sire genetic parameters/values [direct genetic variance, environmental variance, direct heritability, fraction of phenotypic variance due to environmental effects, expected progeny differences (EPDs), and their accuracies], the birth weights of 32 calves born during 2000-2002 were analyzed using an animal model. Important variation (up to 47 %) was found in the effects and in the estimated genetic parameters from two databases. In one of such data bases, simulated paternities were considered. The other data base used the information from biological identification. A marked difference was observed in sire hierarchical orders, when the EPDs in each database were compared, thus emphasizing the need of using microsatellite-based paternity tests as an identification system that assures success in management/genetic improvement programs in multiple-sired beef cattle production.

KEY WORDS: Microsatellites, Charolais, EPDs, Multiple-sire mating.

Recibido el 15 de noviembre de 2005 y aceptado para su publicación el 31 de marzo de 2006.

^a Centro de Biotecnología Genómica. Instituto Politécnico Nacional. Apdo. Postal 152. Boulevard del Maestro esq. Elías Piña S/N, Col. Narciso Mendoza, 88710. Cd. Reynosa, Tam. México. Teléfono: (899) 925 39 96, Fax: (899) 925 16 56. asifuentes@ipn.mx. Correspondencia al primer autor.

^b UAM Agronomía y Ciencias, Universidad Autónoma de Tamaulipas.

^c Campo Experimental Aldama, CIR Noreste. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP).

Proyecto apoyado por SAGARPA-2002-CO1-1482

La industria de ganado bovino de registro se ha basado fundamentalmente en la comercialización de sementales y pie de cría con registro genealógico (pedigrí), lo que en cierta medida indica su valor genético. Sin embargo, recientemente se ha iniciado la evaluación a nivel nacional de las razas de mayor inventario, tomando como base las recomendaciones sugeridas por la Federación de Mejoramiento en Ganado de Carne (BIF, por sus siglas en inglés)⁽¹⁾. Por lo tanto, la correcta identificación de los individuos que conforman cada población sometida a evaluación, es requisito indispensable para la estimación de parámetros y valores genéticos que permitan el diseño de estrategias objetivas de mejoramiento genético^(2,3,4).

Las relaciones genéticas entre individuos son de importancia fundamental en la predicción de los valores genéticos, si durante el análisis se usa el método del mejor predictor lineal insesgado (BLUP, por sus siglas en inglés), ya que este método depende de la relación de parentesco entre individuos para obtener resultados insesgados y exactos. Actualmente, es el método más aceptado y usado en las evaluaciones genéticas en la ganadería bovina⁽⁵⁾.

Tosh y Wilton⁽⁶⁾, han recalcado la importancia que tiene la estructura de los datos en las evaluaciones genéticas cuando existe una cantidad importante de paternidades inciertas, lo que es muy común cuando se realizan empadres múltiples, ya que se disminuye la cantidad de conexiones directas entre individuos y se incrementa la varianza de predicción del error, reduciendo por lo tanto, la precisión de los valores genéticos⁽⁶⁾. Por otro lado, en las evaluaciones realizadas en México con la raza Simmental, los animales sin padre identificado no fueron incluidos en los análisis, lo que redujo en forma drástica el número de observaciones analizables⁽⁷⁾.

La tecnología de identificación basada en el análisis del ADN es un medio poderoso para la autenticación y control de los sistemas tradicionales de identificación de animales^(8,9). En el caso de ganado bovino, la identificación biológica basada en el uso de marcadores moleculares del tipo de los microsatélites se ha convertido en la prueba más

Registered beef cattle industry has traditionally been based on the trade of bulls and breeding stock with genealogic records (pedigrees), which somehow show animals' genetic value. In Mexico, cattle genetic evaluations have been achieved in the last years and they are based on Beef Improvement Federation (BIF) recommendations⁽¹⁾. Therefore, the proper identification of individuals within each population being evaluated is an indispensable requirement for the estimation of genetic parameters/values leading to the designing of objective genetic improvement strategies^(2,3,4).

Genetic relationship among individuals is a critical condition for prediction of genetic values, if the best linear unbiased predictor (BLUP) method is used during the analysis, since this method depends on the relationship ratio among individuals to obtain accurate, unbiased results. This is currently the most accepted and popular method used for cattle genetic evaluations⁽⁵⁾.

Tosh and Wilton⁽⁶⁾ underscored the importance of data structure used in genetic evaluations when uncertain paternities exist. This commonly occurs when multiple-sire mating programs are used, since the amount of direct connections among individual's decreases while prediction error variance increases; therefore it affects the accuracy of genetic values⁽⁶⁾. In addition, animals without an identified sire could be exclusion criteria, resulting in a drastic decrease in the number of analyzable observations, as it was reported during Simmental genetic evaluations performed in Mexico⁽⁷⁾.

DNA-based identification (ID) technology is a powerful means for the identification and control of traditional animal ID systems^(8,9). In cattle, the biologic ID using microsatellites markers, has become the most precise test for the identification and establishment of genealogic relationships among individuals^(9,10,11).

Among other uses, paternity tests are required by genetic improvement programs to verify the information provided by bull/breeding stock producers, as well as to identify the paternity of multiple sire offspring^(9,10,11,12). The purpose of this research

precisa para la identificación y establecimiento de las relaciones genealógicas entre individuos^(9,10,11).

Las pruebas de paternidad son necesarias en los programas de mejoramiento genético, entre otras cosas para la verificación de la información proporcionada por el productor de pie de cría y sementales, así como para identificar la paternidad de los animales producto de empadre múltiple^(9,10,11,12). El objetivo del presente trabajo fue demostrar la importancia de la identificación biológica sobre la estimación de los parámetros y valores genéticos de un hato de ganado bovino con sistemas de reproducción basados en empadre múltiple e inseminación artificial.

Se obtuvieron muestras de sangre o semen de 183 animales (108 vacas, 68 becerros y 7 sementales) en un hato de ganado Charolais ubicado en Cd. Reynosa, Tamaulipas. Con base en los datos de relación filial madre-hijo y de los sementales participantes en los empadres obtenidos a partir de los registros del productor durante el periodo 2000-2002, se formaron un total de 32 familias producto de empadre múltiple (Cuadro 1). A partir de las muestras de sangre se aisló el ADN utilizando la técnica descrita por Salazar-Marroquín⁽¹³⁾. La obtención de ADN de las muestras de semen se realizó con el protocolo del estuche comercial Puregene ADN Purification Kit™ (Gentra Systems Inc.; MN, EUA).

El genotipo de cada individuo se determinó con nueve marcadores microsateélites, siete de los cuales fueron previamente evaluados en la raza Charolais de la región noreste de México⁽¹¹⁾ los marcadores adicionales fueron TGLA44 y TGLA431⁽¹⁴⁾. La genotipificación se realizó por medio de la Reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés), el cual es un método enzimático que permite amplificar de manera específica segmentos de ADN. Debido a que cada marcador se amplificó individualmente, se realizaron nueve reacciones de PCR por individuo en las condiciones previamente descritas⁽¹¹⁾. Para el análisis de los tamaños alélicos, los productos de PCR se separaron en gel de acrilamida-bisacrilamida desnaturizante al 6.5 % y posteriormente fueron analizados en el

was to demonstrate the importance of biological identification on genetic parameter/value estimates in a herd with reproductive systems based on both, multiple sired and artificial insemination (AI).

Blood or semen samples were obtained from 183 animals (108 cows, 68 calves, and 7 bulls) in a Charolais herd located in Ciudad Reynosa, Tamaulipas, Mexico. A total of 32 families resulting from the multiple-sire system were formed according with the 2000-2002 producer's records about cow-calf filial relationship and the participating bulls during the multiple-sire services (Table 1). DNA was isolated from blood samples using the technique described by Salazar-Marroquín⁽¹³⁾. DNA from semen samples was obtained using the commercially-available Puregene DNA Purification Kit™ (Gentra Systems Inc.; MN, US).

The genotype of each individual was determined using nine microsatellite markers, seven of which had been previously evaluated in Charolais cattle in Northeast Mexico⁽¹¹⁾. The two additional markers were TGLA44 and TGLA431⁽¹⁴⁾. Genotyping was performed using the polymerase chain reaction (PCR), which is an enzymatic method that allows for the amplification of specific DNA segments. Given that each marker was individually amplified, nine PCR tests per individual were performed under the above-mentioned conditions⁽¹¹⁾. For allele size analysis, PCR products were separated in a denaturing, 6.5 % acrylamide- bisacrylamide gel then sequenced using a semiautomatic sequencer (LICOR, 42001G model). Allele sizes and numbers were determined using the SAGAR software⁽¹⁵⁾.

Once allele sizes were obtained, paternity of all multiple sire-derived families and allele diversity, heterozygosity, polymorphic information content (PIC), and exclusion probabilities in the presence or absence of parental genotypic information were determined using the CERVUS 2.0 software⁽¹⁶⁾. This software evaluates the feasibility of assigning paternity to the most probable sire by a simulation module in which Delta criteria are established. Depending on the Delta values obtained in the simulation, the proportion of false positive results in the assignments (level of confidence) is defined.

Cuadro 1. Familias con empadre múltiple utilizadas en el estudio

Table 1. Multiple-sired families used in this study

Calf	Dam ID	Candidate sires ID			Assigned Sire ID
3-2	27	38-H	43-9	250-I	38-H
17-02	231	38-H	43-9	250-I	38-H
27-02	145	38-H	43-9	250-I	IA CH30
32-02	210	38-H	43-9	250-I	38-H
39-02	80	38-H	43-9	250-I	38-H
40-02	226	38-H	43-9	250-I	43-9
42-02	233	38-H	43-9	250-I	38-H
60-02	209	38-H	43-9	250-I	250-I
66-02	140	38-H	43-9	250-I	38-H
72-02	294	38-H	43-9	250-I	43-9
73-02	141	38-H	43-9	250-I	43-9
94-02	207	38-H	43-9	250-I	43-9
60-01	18	38-H	43-9	250-I	43-9
63-01	231	38-H	43-9	250-I	*
36-02	285	38-H	43-9	250-I	38-H
37-02	148	38-H	43-9	250-I	38-H
41-02	289	38-H	43-9	250-I	*
45-02	129	38-H	43-9	250-I	38-H
65-02	209	38-H	43-9	250-I	250-I
67-02	284	38-H	43-9	250-I	*
88-02	293	38-H	43-9	250-I	*
92-02	273	38-H	43-9	250-I	*
16-01	132	38-H	43-9	250-I	I.A 1
38-01	209	38-H	43-9	250-I	*
74-01	210	38-H	43-9	250-I	38-H
75-01	149	38-H	43-9	250-I	38-H
21-02	253	38-H	43-9	250-I	IA CH30
22-02	154	38-H	43-9	250-I	250-I
23-02	154	38-H	43-9	250-I	250-I
24-02	291	38-H	43-9	250-I	38-H
26-02	313	38-H	43-9	250-I	*
29-02	301	38-H	43-9	250-I	38-H

* Undetermined paternity

secuenciador semiautomatizado LICOR (Modelo 42001G) y con el programa computacional SAGAR se obtuvo el tamaño y número de alelos⁽¹⁵⁾.

Una vez obtenidos los tamaños alélicos, se utilizó el programa computacional CERVUS 2.0⁽¹⁶⁾ para la asignación de paternidad de todas las familias con empadre múltiple; así como para obtener los

Confidence levels can be assigned by the user from one relaxed (80 %) level to a stringent (95 %) level. In our analysis, the high stringency level was chosen in order to increase the level of confidence in the assignments^(16,17).

A test was performed to analyze differences associated with uncertain paternity on genetic

valores de diversidad alélica, heterocigosidad, contenido de información polimórfica (PIC) y las probabilidades de exclusión en presencia o ausencia de información genotípica de los parentales. El programa evalúa la factibilidad de asignar la paternidad al padre más probable mediante módulo de simulación en el que se establecen los criterios Delta; dependiendo de los valores de Delta obtenidos en la simulación, se define la proporción de falsos positivos en las asignaciones (nivel de confianza). Los niveles de confianza pueden ser asignados por el usuario de entre un nivel relajado (80 %) a uno estricto (95 %). En el caso de nuestro análisis se seleccionó el nivel estricto o de alta astringencia, con el fin de incrementar el nivel de confianza en la asignación^(16,17).

Se diseñó una prueba para analizar las diferencias asociadas a la paternidad incierta sobre los parámetros genéticos, a saber, varianza genética directa (σ^2_g), varianza ambiental (σ^2_e), índice de herencia directa (h^2_g), proporción de la varianza ambiental con respecto a la fenotípica (e^2), así como sobre los valores genéticos [diferencias esperadas de la progenie (DEPs) y sus exactitudes], en los sementales probados para asignación de paternidad. Se ajustó un modelo animal para el peso al nacimiento (PN), ya que el productor contaba únicamente con registros para esta variable. Se generaron dos bases de datos: en una se simuló la paternidad de las crías (PS) mientras que en la otra se incluyeron los datos de paternidad obtenidos del análisis de genotipificación antes descrito (PR). La simulación de sementales se realizó de manera aleatoria, sorteando entre los diferentes padres candidatos utilizados durante el empadre múltiple. Para la estimación de las DEP's se utilizó toda la información disponible de las familias analizadas (Cuadro 1). Se consideró suficiente la generación de sólo una base de análisis simulado, dadas las condiciones del estudio.

El modelo animal univariado ajustado, incluyó el efecto fijo de sexo de la cría, el efecto aleatorio del padre y el residual. En forma matricial el modelo fue:

$$y = Xb + Zu + \varepsilon$$

parameters, i.e.: direct genetic variance (σ^2_g), environmental variance (σ^2_e), direct heritability (h^2_g), fraction of phenotypic variance due to environmental effects (e^2), as well as on genetic values [expected progeny differences (EPDs) and their accuracies], in the sires tested for paternity assignment. An animal model was adjusted for birth weight (BW), since the producer had records only for this variable. Two databases were generated: one simulating calf sires (SP), and other database included the paternity data obtained from the above-mentioned genotyping analysis (RP). Sire simulation was performed at random, sorting among the different candidate sires used during the multiple-sire program. For EPD estimates, all available family information was used (Table 1). Given the study conditions, the generation of only one simulation analysis base was considered as sufficient.

The adjusted univariate animal model included the fixed effect of calf sex, the random effect of the sire, and the residual effect. In a matrix notation form the model was:

$$y = Xb + Zu + \varepsilon$$

Where “y” is the variable of interest (BW), X and Z are the known incidence matrixes correlating observations with their respective fixed and random effects, *b* is the fixed effect of the calf sex, *u* is the random effect of the sire, and ε is the residual effect.

Variance components were estimated by restricted maximum likelihood using the MTDFREML program⁽¹⁸⁾. Heritability was also estimated by the same program using the variance component outputs ($h^2_g = \sigma^2_g / \sigma^2_f$, where: h^2_g = direct heritability index, σ^2_g = direct additive variance, σ^2_f = phenotypic variance). EPDs and accuracies were obtained using subroutines of the MTDFRUN subprogram, included in the above-mentioned MTDFREML program. Model's convergence criteria was considered to be 1×10^{-9} , and three analysis restarts were performed until the change in the log likelihood function was $< 1 \times 10^{-4}$, to assure the global minimum.

Donde “*y*” es la variable de interés PN, *X* y *Z* son las matrices conocidas de incidencia que relacionan las observaciones con su respectivo efecto fijo y aleatorio, *b* es el efecto fijo de sexo de la cría, *u* es el efecto aleatorio del padre y ε es el efecto residual.

Los componentes de varianza fueron estimados mediante el procedimiento de máxima verosimilitud restringida usando el programa MTDFREML(18). El índice de herencia fue estimado por el mismo programa, mediante las salidas de los componentes de varianza ($h^2_g = \sigma^2_g / \sigma^2_f$, Donde: h^2_g = índice de herencia directa, σ^2_g = varianza aditiva directa, σ^2_f = varianza fenotípica), las DEP's y exactitudes fueron obtenidas utilizando una de las subrutinas del subprograma MTDFRUN, incluida en el mismo programa. El criterio de convergencia del modelo fue considerado en 1×10^{-9} , y se realizaron tres reinicios en el análisis, hasta que el cambio en el logaritmo de la función de verosimilitud fuera menor a 1×10^{-4} , para asegurar el mínimo global.

La tipificación de los individuos se realizó con nueve marcadores microsatélites, los cuales presentaron en la población 6.67 alelos por locus, heterocigosidad promedio de 0.701 y PIC de 0.99 (Cuadro 2). Salazar-Marroquín, *et al*(11), encontraron valores similares a los aquí obtenidos y determinaron probabilidades de exclusión de 0.999935 y 0.999677 para Beefmaster y Charolais, respectivamente, por lo que se puede asumir que el panel de microsatélites es suficiente para la asignación de paternidad, aunque sin duda la inclusión de un número mayor de *loci* para el

Individual typing assays were performed using nine microsatellite markers which showed 6.67 alleles/ locus in the population, 0.701 average heterozygosity, and 0.99 PIC (Table 2). Salazar-Marroquín, *et al*(11) found values similar to those reported herein, and they determined exclusion probabilities of 0.999935 and 0.999677 for Beefmaster and Charolais cattle, respectively. Therefore, it can be assumed that the microsatellite panel is sufficient for paternity assignment, even though the inclusion of higher numbers of loci for paternity analysis unquestionably decreases the probability of incorrect assignments(9).

Analysis of genotype data obtained from the group of 32 families from the multiple-sire system allowed a paternity assignment in 75.8 % of the families analyzed with a > 95% level of confidence (Table 1). All three bulls showed multiple paternities, but bull 38H had the highest reproductive success, since it produced 60 % calves in the herd, followed by bulls 43-9 and 250-I siring 24 and 10 % calves, respectively. In 3 of the 32 families analyzed, AI was practiced in addition to multiple siring, but when paternity was assigned by the program, no calves resulted to be the offspring of the AI bull, so that animals' record needed to be corrected, and one of the multiple sire bulls was assigned (Table 1).

It is known that uncertain/incorrect paternity assignments are both problems that still present in countries with more complete/complex ID systems than those being developed in Mexico, due to the fact that they are mainly based on extensive beef production systems(19). In addition, this problem is influenced by reproductive practices commonly used in extensive beef production systems such as

Cuadro 2. Parámetros de diversidad de los microsatélites en el hato estudiado

Table 2. Microsatellite diversity parameters in the herd studied

Loci	INRA37	TGLA53	INRA23	TGLA126	TGLA431	ETH10	D1S34	TGLA44	D2S26	Average
No. alleles	6	8	10	4	9	2	4	10	7	6.670
Ho	0.778	0.815	0.852	0.630	0.889	0.037	0.667	0.630	0.808	0.702
PIC	0.680	0.796	0.809	0.617	0.817	0.036	0.674	0.745	0.744	0.990

Ho= Heterozygosity, PIC= Polymorphic information content.

análisis de paternidad, disminuye la probabilidad de asignaciones incorrectas⁽⁹⁾.

El análisis de los datos genotípicos obtenidos del grupo de las 32 familias con empadre múltiple, permitió la asignación de paternidad en 75.8 % de las familias analizadas con un nivel de confianza mayor a 95 % (Cuadro 1). Los tres sementales presentaron paternidad múltiple; sin embargo, el semental 38H mostró mayor éxito reproductivo al producir 60 % de las crías del hato, seguido del 43-9 y 250-I con 24 y 10 %, respectivamente. En tres de las 32 familias analizadas, además del empadre se practicó inseminación artificial, pero al momento de asignación de paternidad por parte del programa, ningún becerro fue hijo del semental de inseminación, por lo que se tuvo que corregir el registro del animal, asignándosele uno de los padres participantes en el empadre múltiple (Cuadro 1).

Se sabe que la paternidad incierta y la incorrecta asignación de paternidad, son un problema que está presente aún en países con sistemas de identificación más completos y complejos que los que se han venido desarrollando en México, debido a que sus sistemas productivos de carne están basados principalmente en la cría extensiva de ganado bovino⁽¹⁹⁾. Este problema se ve además influenciado por prácticas reproductivas comunes en los sistemas extensivos de producción de ganado bovino como el empadre múltiple^(20,21), ya que los animales generados con este sistema de apareamiento, para ser incluidos dentro de las evaluaciones genéticas, deben someterse a pruebas de identificación para hacer mejores predicciones sobre su valor genético y su efecto sobre el mejoramiento genético del hato^(9,20,21). Una de las desventajas que enfrenta el uso de empadre múltiple es que aunque el productor seleccione aquellos sementales que considera como los de mayor valor genético, existe la posibilidad de que sólo alguno de ellos sea el que verdaderamente represente la calidad genética que se desea, aunque no tenga el mayor éxito reproductivo en el hato durante el empadre.

Los resultados obtenidos, representan un ejemplo de la necesidad de establecer medidas que faciliten

multiple siring^(20,21), since animals resulting from this mating system must be subjected to ID tests to be included in genetic evaluations, in order to better predict its genetic value and its effect on herd's genetic improvement^(9,20,21). One drawback of multiple-sire systems is that even if the producer selects the bulls considered as those with the highest genetic value, it is possible that only one of such bulls be the true representative of the genetic quality searched, and it may not have the highest reproductive success during herd's mating season.

The results obtained are an example of the need to establish some strategies focused to allow to producers obtaining and recording data about herd's genetic management, since the lack of precise cow-calf assignments, as well as those of sires involved in the multiple-sire services will prevent the use of this information as to predict the genetic value of individuals. This was reflected in our research, since 24 % families did not have complete pedigree information, so that they were not included in the genetic parameter estimate (Table 1). This is in agreement with other reports showing that the percent paternity assignment/exclusion in multiple-sire systems can be reduced when one of the participating bulls is unknown or absent in the analysis⁽⁹⁾. In addition, it shows that even though productive data recording is starting to be required, most Mexican producers are only beginning to implement this type of practice. It is worthy to mention that birth weight is one major variable in the evaluation. The importance of this trait is its high correlation with both weaning weight and one-year weight, which have been estimated in 0.47 and 0.48, respectively, for beef cattle⁽²²⁾. Nevertheless, recording all data inherent in animal's productive life is unquestionably a practice that can contribute to designing more efficient genetic improvement strategies.

In this study, differences in estimated variances were observed, therefore affecting the genetic parameters estimated from the database in which both simulated and real paternities were considered. A general trend to overestimate the heritability with a resulting decreased environmental effect was observed (Table 3), as a result of the difference

a los productores la obtención y almacenamiento de información sobre el manejo genético que se da al hato, ya que la falta de precisión en la asignación madre-cría, así como de los padres participantes en el empadre, traerá como consecuencia la no utilización de esta información para predecir los valores genéticos de los individuos, cosa que se vio reflejada en el presente estudio, ya que el 24 % de familias no contaban con información completa de pedigrí, por lo tanto no fueron incluidos en la estimación de los parámetros genéticos (Cuadro 1), lo que concuerda con reportes en los que se ha demostrado que el porcentaje de asignación/exclusión de paternidad en sistemas con empadre múltiple puede disminuir cuando se desconoce o está ausente en el análisis alguno de los participantes⁽⁹⁾. Adicionalmente, permite ilustrar que aún cuando ya comienza a exigirse el registro de datos productivos, la mayoría de los productores en México apenas están iniciando este tipo de prácticas; cabe mencionar que el peso al nacimiento es una de las principales variables a evaluar, ya que la importancia de esta característica reside en su alta correlación con el peso al destete y el peso al año, estimadas para ganado de carne en 0.47 y 0.48, respectivamente⁽²²⁾, sin embargo el registro de todos los datos inherentes a la vida productiva del animal es una práctica que sin duda puede contribuir al diseño de estrategias de mejoramiento genético más eficientes.

En el presente estudio, se observaron diferencias en las varianzas estimadas y consecuentemente en los parámetros genéticos estimados a partir de la base de datos en las que se consideraron paternidades simuladas y reales. Se observó que en general se produce una sobreestimación del índice de herencia y reducción del efecto ambiental (Cuadro 3); estos resultados son consecuencia de la diferencia que hay en la matriz de parentesco cuando se utiliza la información de genealogía real y simulada⁽²³⁾.

El efecto que tiene mayor relevancia sin duda es la diferencia que se observa en los valores genéticos medidos en las evaluaciones genéticas como DEPs, y por ende en la jerarquización de los sementales (Cuadro 4). Esto es muy importante, debido a que

Cuadro 3. Diferencia en la estimación de los componentes de varianza y parámetros genéticos con asignación supuesta de paternidad (PS) contra asignación de paternidad real (PR)

Table 3. Difference in the variance component/genetic parameter estimates with simulated paternity (SP) assignment vs real paternity (RP) assignment

Data base	-2 Log L	s^2_g	s^2_e	h^2_g	e^2
SP	107.93	11.77	29.17	0.29 ± 0.5	0.71 ± 0.5
RP	108.258	5.57	35.32	0.14 ± 0.5	0.86 ± 0.5

-2 LogL= Likelihood logarithm; s^2_g = direct genetic variance; s^2_e = environmental variance; h^2_g = direct heritability ; e^2 = fraction of phenotypic variance due to environmental effects.

that exists in the relatedness matrix, when real and simulated genealogy information is used⁽²³⁾.

Unquestionably, the most relevant effect is the difference observed in the genetic values measured in the genetic evaluations as the EPDs, hence in sire hierarchical selection (Table 4). This is extremely important, since in bull trading, one excellent indicator of a bull's genetic merit is the EPDs. Therefore, if one animal gets a lower hierarchical level at the genetic evaluations when in fact it has a higher genetic value, both its economic value and its probabilities to be selected will be reduced.

In addition, results in Table 4 show that EPD estimated accuracies do not necessarily show the degree of inexactness associated with uncertain paternity. Probably, due to the fact that in the simulated paternity database a more balanced arrangement of observations was practiced, therefore in the overestimation of heritability, higher EPD accuracy estimates were obtained, since genetic predictor accuracy depends on heritability index, number of animal's records, and those of its relatives⁽²⁴⁾. It is clear that more numerous observations per bull would result in improved estimates of these values. The purpose of this study, however, was to underscore the analytical differences associated with an erroneous pedigree.

durante la comercialización de los sementales un excelente indicador de su mérito genético son los DEPs, por lo que, si en las evaluaciones genéticas un animal resulta jerarquizado inferiormente cuando en realidad su valor genético es superior, su valor económico se verá depreciado y la oportunidad de ser seleccionado disminuirá.

Los resultados del Cuadro 4 indican, además, que las exactitudes estimadas para los DEPs no necesariamente enseñan el grado de inexactitud que se tiene al considerar las paternidades inciertas. Probablemente debido a que en la base de paternidades simuladas se tuvo un arreglo más balanceado de las observaciones, y en consecuencia a la sobreestimación del índice de herencia se tuvieron mayores estimaciones de la exactitud de las DEP's, ya que la exactitud de los predictores genéticos depende del índice de herencia, del número de registros del animal y de sus parientes (24). Es claro que una mayor cantidad de observaciones por semental daría mejores estimaciones de estos valores, sin embargo, el propósito de este estudio es evidenciar las diferencias en los análisis cuando se tiene un pedigrí erróneo. El diseño de estudios con mayor número de observaciones podrá reforzar los hallazgos del presente estudio, aunque en condiciones de campo, es complicado encontrar y diseñar estudios de este tipo por las inherentes complicaciones económicas que esto implica.

En bovinos de leche el porcentaje de error en la asignación de la paternidad de los individuos pueden alcanzar el 20 % en los animales de registro(25). Lo anterior tiene efectos negativos en las predicciones de las DEPs de cada animal, y por lo tanto en la ganancia genética de la población(2,3,9,15). En México aún no existen reportes que muestren el porcentaje de identificación errónea de los animales de registro, por lo tanto los sistemas de identificación basados en pruebas de paternidad son una alternativa real para la asignación de paternidades en hatos manejados con sistemas de reproducción basada en el empadre múltiple.

Los resultados indican que la identificación errónea de la paternidad puede conducir a problemas en la

Cuadro 4. Diferencia en la predicción de valores genéticos (EPD) y sus exactitudes cuando existe asignación supuesta de paternidad (SP) contra asignación de paternidad real (RP)

Table 4. Difference in predicted genetic values (EPDs) and their accuracies when supposed paternity (SP) assignment vs real paternity (RP) assignment were used

Sire	SP		RP	
	EPD kg BW=	Accuracy	EPD kg BW=	Accuracy
38-H	-2.569	0.51	1.386	0.39
43-9	2.603	0.50	-0.999	0.35
250-l	-0.033	0.49	-0.387	0.30

Designing further studies with more observations will support our findings, even though under field conditions it is hard to find or design studies of this type due to inherent economic complications.

In registered dairy cattle, the error in individual calf paternity assignment can be as high as 20%(25). With the resulting negative effects on the prediction of each animal's EPDs, hence on the genetic improvement of the population(2,3,9,15). So far, there are no reports about the percent ID errors of registered cattle in Mexico. Therefore, paternity test-based ID systems are a plausible alternative for paternity assignment in herds under multiple-sire reproductive systems.

Results showed that erroneous paternity ID can lead to problems in the determination of reliable genetic values, which stands for false genetic merit attributions among sires evaluated, thus impacting the productive/economic value of the of the herd.

ACKNOWLEDGEMENTS

The authors thank Elma L. Salazar Marroquín, M.Sc., Juan Ramos Garza, Maurilio González Paz, Netzahualcoyotl Mayek Pérez, and Cuauhtémoc Jacques for their revision, comments, and technical support; as well as Álvaro García González and

determinación de valores genéticos confiables, lo que representaría falsas atribuciones del mérito genético en sementales evaluados, con el consecuente impacto en el valor productivo y económico del hato ganadero.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen la revisión, comentarios y apoyo técnico de M.C. Elma L. Salazar Marroquín, Juan Ramos Garza, Maurilio González Paz, Netzahualcoyotl Mayek Pérez, Ing. Cuauhtemoc Jacques; así como al Ing. Álvaro García González y MVZ Epifanio Callejas por las facilidades prestadas durante el muestreo realizado en este estudio.

LITERATURA CITADA

1. Beef Improvement Federation (BIF). Guidelines for uniform beef improvement programs [on line]. <http://www.beefimprovement.org/guidelines>. Accessed Nov 4, 2005.
2. Dentine MR. Marker-assisted selection. In: *The genetics of cattle*. London, UK. CABI Publishing; 1999:497-511.
3. Ron M, Blanc M, Ezra E, Weller JI. Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implications for genetic improvement. *J Dairy Sci* 1996;(79):676-681.
4. Cardoso FF, Tempelman RJ. Genetic evaluation of beef cattle accounting for uncertain paternity. *Livest Prod Sci* 2004;(89):109-120.
5. Mrode RA. Linear models for the prediction of animal breeding values. CAB International. 1996:187.
6. Tosh JJ, Wilton JW. Effects of data structure on variance of prediction error and accuracy of genetic evaluation. *J Anim Sci* 1994;72:2568-2577.
7. Rosales-Alday J, Elzo MA, Montaña BM, Vega MVE. Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento predestete en la población mexicana de Simmental. *Téc Pecu Méx* 2004;4(2):171-180.
8. Blancou J. A history of the traceability of animals and animal products. *Rev Sci Tech Off Int Epiz* 2001;20(2):420-425.
9. Cunningham EP, Meghen CM. Biological identification systems: genetic markers. *Rev Sci Tech Off Int Epiz* 2001;20(2):491-499.
10. Vankan DM, Faddy MJ. Estimations of the efficacy and reliability of paternity assignments from DNA microsatellite analysis of multiple-sire mating. *Anim Genet* 1999;30:355-361.
11. Salazar-Marroquín EL, González-Paz M, Del Bosque-González A, Reséndez-Pérez D, Barrera-Saldaña HA, Sifuentes-Rincón AM. Evaluación de marcadores microsatélites para la

Epifanio Callejas, DVM, for their facilitation during the sampling procedures for this study.

End of english version

- identificación de individuos, en dos razas de ganado bovino de carne de la región noreste de México. *Téc Pecu Méx* 2004;42(3):429-435.
12. Visscher PM, Woolliams JA, Smith D, Williams JL. Estimation of pedigree errors in the UK dairy population using microsatellite markers and the impact on selection. *J Dairy Sci* 2002;(85):2368-2375.
13. Salazar EL. Evaluación de nueve marcadores microsatélites para la genotipificación de ganado bovino [tesis maestría]. Cd. Reynosa, Tam: Instituto Politécnico Nacional; 2002.
14. Casas E, Keele J, Shackelford S, Koohmaraie M, Sonstegard T, Smith TP, Kappes SM, Stone RT, *et al.* Association of the muscle hypertrophy locus with carcass traits in beef cattle. *J Anim Sci*;1998;76:468-473.
15. Kovak J. Bovine microsatellite multiplexing for herd evaluation and parentage. LI_COR. 2001 [on line]. http://bio.licor.com/Posters/PAG_520_Mat.html. Accessed June 14, 2001.
16. Marshall TC, Slate J, Kruuk LEB, Pemberton JM. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Mol Ecol* 1998;(7):639-655.
17. Slate J, Marshall TC, Pemberton JM. A retrospective assessment of the accuracy of the paternity inference program CERVUS. *Mol Ecol* 2000;(9):801-808.
18. Boldman KG, Kriese LA, Van Vleck LD, Van Tassel CP, Kachman SD. A manual for use of MTDFREML, A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [Draft]. USDA, Agric Res Service. Clay Center, Lincoln, Ne. 1995.
19. Cardoso FF, Tempelman RJ. Genetic evaluation of beef cattle accounting for uncertain paternity. *Livest Prod Sci* 2004;89:109-120.
20. Laeflet AS, Rosa AJM, Schafhouser E, Hassen A, Rouse GH, Wilson DE, Reecy JM. Use of molecular markers to determine parentage in multiple sire pastures. *Beef Res Rep*. Iowa State University. 2003.
21. Holroyd RGV, Doogan J, De Faveri J, Fordyce G, McGowan MR, Bertram JD. Bull selection and use in northern Australia 4. Calf output and predictors of fertility of bulls in multiple-sire herds. *Anim Rep Sci* 2002;(71):67-79.
22. Koots KR, Gibson JP, Wilton JW. Analysis of published genetic parameter estimates for beef production traits. 2. Phenotypic and genetic correlations. *Anim Breed Abstr* 1994;62(11):825-853.
23. Henderson CR. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. *Biometrics* 1976;32(1):69-83.
24. Van Vleck D, Pollack J, Branford OEA. *Genetics for the animal sciences*, New York: W.H. Freeman and Company; 1987.
25. Meuwissen THE, Van Arendonk JAM. Potential improvements in rate of genetic gain from marker-assisted selection in dairy cattle breeding schemes. *J Dairy Sci* 1992;(75):1651-1659.