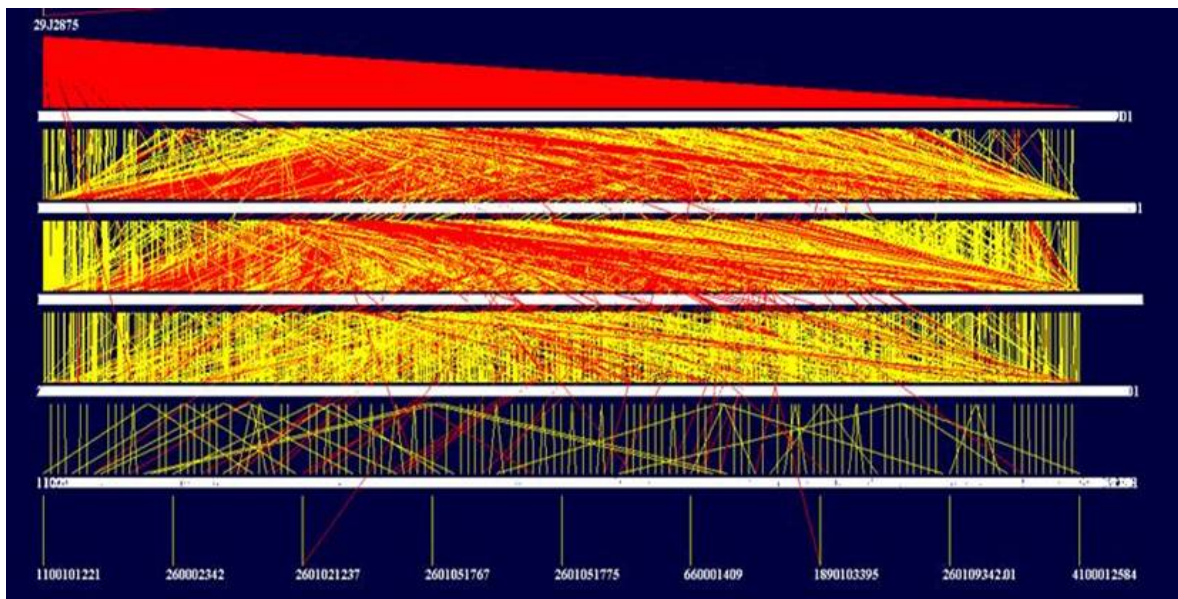


Matriz de Pedigree

El siguiente paso consiste en generar una matriz con información complementaria sobre los parentescos existentes entre todos los animales presentes en la base de datos (Wiggans *et al.* 1988). Esta matriz es necesaria para la estimación de valores genéticos mediante un modelo animal. A mayor disponibilidad de información sobre estos parentescos, mayor es la precisión de los parámetros genéticos obtenidos. Para generar esta matriz de parentesco, se utiliza la información genealógica proveniente de la base de datos del Centro Regional de Informática para la Producción Animal Sostenible-CRIPAS, la cual además contiene información actualizada de parentescos de sementales de IA inscritos en la Asociación Nacional de Criadores Animales (NAAB).

El siguiente es un ejemplo que muestra la progenie del toro 29J2975 en hatos de Costa Rica



*Figura 1. DESCENDENCIA TORO: 29J2875 (LESTER)
Número de hijas con producción: 582 (2177 lactancias)
Número de Hatos: 55*

Se utilizan técnicas estadísticas para la confirmación de los parentezcos reportados (adicionales a los controles ya existentes en VAMPP). La construcción de la matriz de pedigree requiere una revisión exhaustiva por inconsistencias (pe. repeticiones de individuos a lo largo de una cadena ancestral, inconsistencias en fechas de nacimiento por paternidades mal adjudicadas). En todos los casos donde surgen inconsistencias los padres respectivos se asumen como desconocidos.

Estimación de Consanguinidad

Una vez obtenida y revisada la matriz de pedigree se procede a estimar los coeficientes de consanguinidad de todos los individuos dentro de la población, utilizando la fórmula siguiente:

$$F_x = \sum_{AC=1}^k \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2+1} (1 + F_{AC})$$

Donde:

- F_x = Coeficiente de consanguinidad del individuo x,
- n₁ = Número de generaciones entre el padre de x y el ancestro común (AC),
- n₂ = Número de generaciones entre la madre de x y el ancestro común (AC).

Estos coeficientes se calculan utilizando el programa PEDVIEW (Kinghorn, 2001).

Seguidamente se muestra un diagrama de pedigree para la vaca (4100012094 (al pie del diagrama). Se marcan en amarillo los ancestros comunes (individuos emparentados tanto con el padre como la madre de la vaca 4100012094). En este ejemplo el coeficiente de consanguinidad de esta vaca es de F= 2.95%.

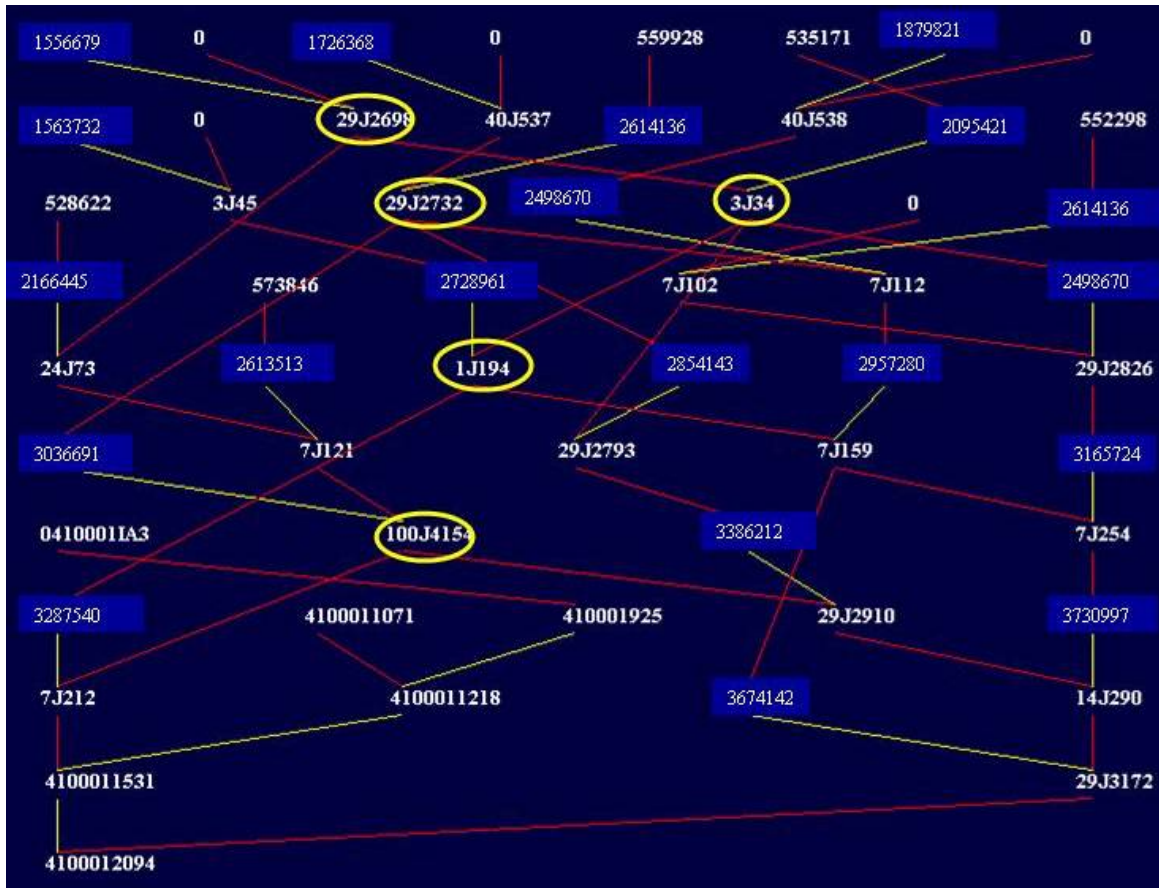


Figura 2. Diagrama de pedigree para la vaca (4100012094, F= 2.95%).

- Aclaración: Es posible que en algunos casos los coeficientes de consanguinidad calculados en este análisis sean diferentes (posiblemente mayores) que los reportados por otro tipo de programa de cómputo utilizado en las fincas. Esto se debe a que el cálculo de este coeficiente depende de la cantidad de información de pedigree disponible. En el presente análisis se complementa la información genealógica proveniente de la finca con la información proporcionada por NAAB para todos los toros IA, lo que permite aumentar la eficiencia en la identificación de ancestros comunes, y podría causar un incremento en los coeficientes de consanguinidad. Este efecto se observará sobre todo en las fincas que utilizan extensivamente IA.

Referencias:

Groeneveld, E 1995. REML VCE. Restricted Maximum Likelihood. Variance Component Estimation Package User's Guide version 3.1 Institute of Animal Husbandry and Animal Ethology. (FAL) Federal Research Center of Agriculture Germany. 48 p.

Kinghorn, B. 2001. PEDVIEW. Versión 5.3. Programa para la construcción de matrices de parentesco y graficación de árboles de pedigree. University of New England
Disponible en:

<http://metz.une.edu.au/~bkinghor/>

Lynch, M; Walsh, B. 1997. Genetic and Analisis of Quantitatives traits. Sinauer Associates, Inc. Publishers. Massachussets, USA. 980 p.

Wiggans, G R; Misztal I.; Van Vleck, L D. 1988. Implementation of an animal model for genetic evaluation of dairy cattle in the United States. J. Dairy Sci. 72 (Suplement 2): 54.