

Evaluación genética de Conteo de Células Somáticas

Cálculo de Score de Conteo de Células Somáticas (SCCS)

El conteo original de células somáticas obtenido en laboratorio se expresa como *número total de células por ml de leche*. Esta variable como tal es problemática para el análisis estadístico mediante modelos lineales debido a que presenta una distribución con un marcado sesgo positivo. Debido a esto el rasgo por analizar se redefine como un puntaje (Score) obtenido con base en el conteo de células medido originalmente. Este puntaje se obtiene mediante la siguiente fórmula:

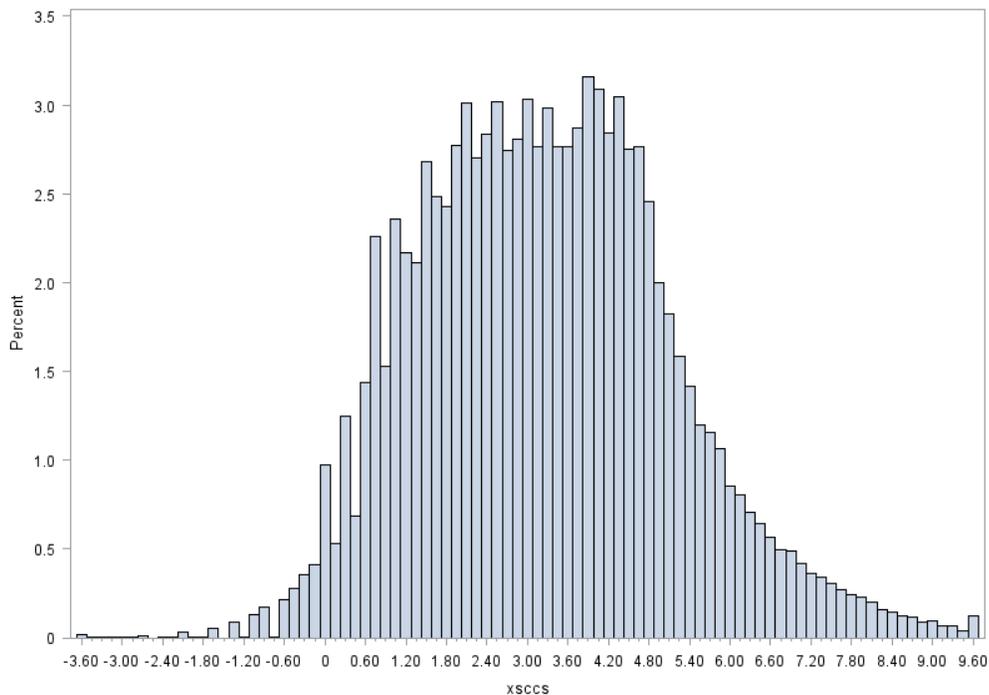
$$SCCS = \log_2(CCS/100000)+3 \quad (\text{a partir de marzo 2016})$$

La siguiente tabla de equivalencia muestra la relación entre CCS y SCCS en el rango de variación más común observado para esta variable.

Equivalencia entre Conteo de Células Somáticas (CCS) y Score de Conteo de Células Somáticas (SCCS)

<u>CCS (cél/ml)</u>	<u>SCSS</u>
12500	0.0
25000	1.0
50000	2.0
100000	3.0
200000	4.0
400000	5.0

Como se observa por cada incremento de 1 punto en SCSS se duplica el correspondiente CCS. La nueva variable SCCS presenta una distribución aproximadamente normal, según se observa en la siguiente figura.

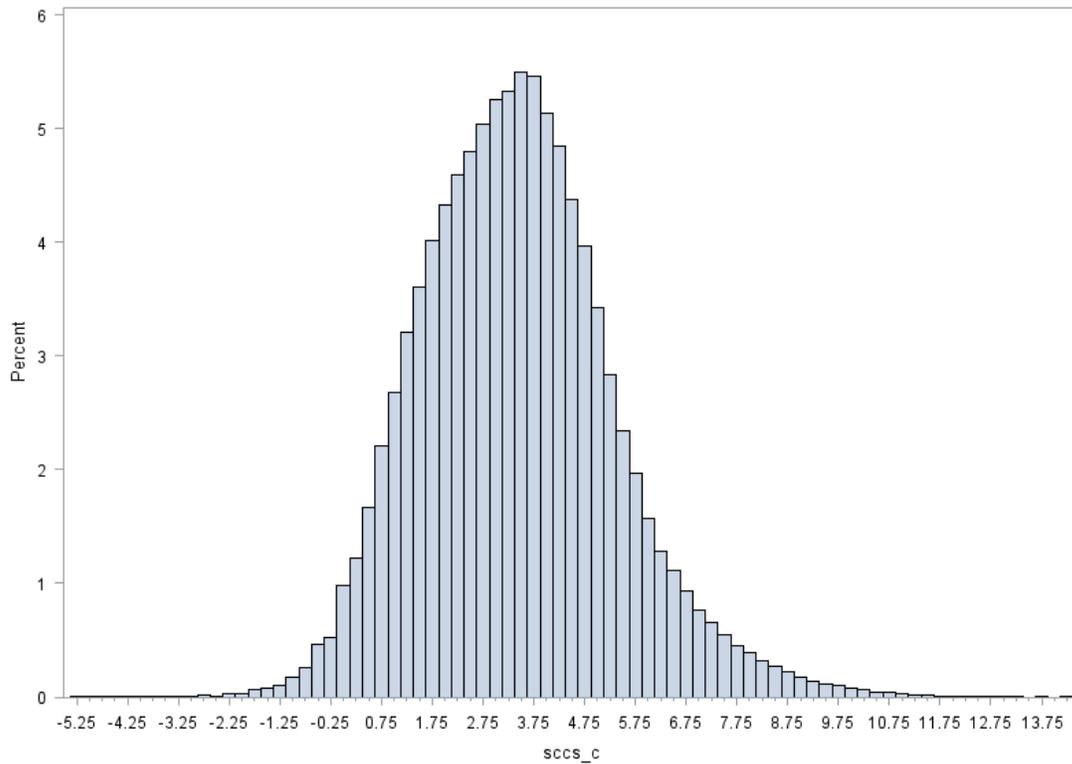


Histograma de la variable Score de Conteo de Células Somáticas para la población evaluada

Corrección de SCCS por efectos ambientales

Antes de la inclusión de la variable SCCS en el modelo de evaluación genética se debe realizar un ajuste previo (corrección) por efectos ambientales sistemáticos. Los efectos considerados en la corrección de SCCS fueron: edad (2 hasta ≥ 8), periodo dentro de lactancia (24 periodos de 15d dentro de lactancias 1 hasta ≥ 5), época (4 trimestres según calendario), año calendario y la zona de vida (8 zonas). La clase de referencia para la corrección fue Edad 4, periodo 3 en lactancia 3, época 1 (enero-marzo), año 2005 y zona bmh-p (bosque muy húmedo-premontano). Los factores de corrección obtenidos se adjuntan en el siguiente archivo ([factores sccs.xls](#)).

En la siguiente figura se muestra la distribución de la variable SCCS una vez realizada la corrección por efectos ambientales.



Histograma de la variable Score de Conteo de Células Somáticas corregida por efectos ambientales

Estimación de valores de cría y confiabilidad para SCCS

Los valores de cría se obtienen ajustando un modelo animal univariado con repetibilidad. El modelo utilizado fue el siguiente.

$$Y_{ijk} = HDM_i + HS_j + AP_k + a_k + e_{ijk}$$

donde:

Y_{ijk} = Score de Conteo de Células Somáticas SCCS (corregido por efectos ambientales),

HDM_i = Efecto aleatorio de la i -ésima clase de hato-Día calendario de muestreo,

- HS_j = Efecto aleatorio de la j-ésima clase hato-semental,
 AP_k = Efecto aleatorio del k-ésimo ambiente permanente,
 a_k = Efecto aleatorio del l-ésimo animal,
 e_{ijk} = Error aleatorio.

El efecto HDM se incluye con el fin de clasificar las vacas dentro de grupos contemporáneos que se forman según procedencia (hato), y día de muestreo. Se espera que los animales dentro de estos grupos hayan recibido manejos similares.

El efecto HS se incluye con el fin de cuantificar las posibles diferencias en rendimiento entre progenies de un mismo semental nacidas en distintos hatos.

El efecto AP permite cuantificar efectos ambientales (no genéticos) que pueden influenciar (positiva o negativamente) el rendimiento de un animal de por vida (p.e mejores condiciones nutricionales). Este efecto debe ser cuantificado para poder estimar el mérito genético del animal.

Los componentes de varianza y los parámetros genéticos de heredabilidad (h^2) y repetibilidad (r) se estiman utilizando este mismo modelo, mediante el método de Máxima Verosimilitud Restringida REML (Lynch and Walsh 1997), según se implementa en el programa computacional VCE (Groeneveld 1995). La heredabilidad (h^2) se estima como la proporción de la varianza atribuida al factor animal (σ_a^2) con respecto a la varianza fenotípica (σ_F^2) de acuerdo con la siguiente ecuación:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_F^2}$$

y la repetibilidad se obtuvo como:

$$r = \frac{\sigma_a^2 + \sigma_{pe}^2}{\sigma_F^2}$$

Los resultados obtenidos se muestran en la siguiente tabla.

Estimados estandarizados de varianza para SCCS*

<i>Componente</i>	<i>Valor</i>
Varianza residual	2.1531
Ambiente Permanente	0.6856
Interacción Hato-Semental	0.1094
Heredabilidad %	6.09
Repetibilidad %	27.9

*En la evaluación genética los estimados de varianza se asumieron iguales para todas las razas

Estimación de Valores de Cría y Habilidad Transmisora Predicha

Los valores de cría obtenidos se estandarizan a una misma *base genética*. El uso de una base genética consiste en expresar los valores de cría como desviaciones del promedio de valores de cría de un grupo específico de animales. El grupo utilizado como base genética dentro de cada raza está conformado por las vacas de cada raza nacidas durante el **año 2000**.

En los reportes de evaluación los valores de cría son transformados a índices de *Habilidad Transmisora Predicha* (PTA= $\frac{1}{2} \times VC$, Simm 1998). El PTA es la forma habitual en que se expresan las evaluaciones genéticas en ganado lechero. En el caso de SCCS los PTA negativos serían FAVORABLES ya que indican valores esperados de CCS menores al promedio de la base genética.

Estimación de Confiabilidad

Adicionalmente, se obtiene un estimado de *confiabilidad* (r_{IH}) para cada valor de cría. Esta confiabilidad se aproxima con base en los errores estándar de predicción (P.E.V) suministrados por PEST, utilizando la siguiente fórmula:

$$r_{IH} = 1 - \left(\frac{PEV^2}{\sigma_a^2} \right)$$

donde

r_{IH} = Estimado de confiabilidad (rango 0 a 100),

PEV = Varianza del error de predicción,

σ_a^2 = Varianza genética aditiva

Referencias:

Bourdon, R M. 1997. Understanding Animal Breeding. Prentice Hall Inc. New Jersey, United States. 523 p.

Groeneveld, E 1990. PEST user's manual. Institute of Animal Behavior. (FAL) Federal Agricultural Research Center, Germany. 80 p.

Simm, G. 1998. Genetic improvement of cattle and sheep. Farming Press. United Kingdom. 433 p.