

Expansión de lactancias proyectadas

Las lactancias proyectadas por los métodos descritos anteriormente tienen generalmente menor varianza que las lactancias completas, por lo que se deben utilizar métodos para “expandir” las varianzas de lactancias proyectadas de manera que se aproximen a la varianza observada en lactancias completas. En el presente análisis se utilizó una metodología basada en Van Raden et al (1991).

En resumen, para expandir la varianza de una lactancia proyectada, primero se debe sustraer el promedio del respectivo grupo de manejo (vacas paridas en mismo hat año-epoca) y la desviación resultante debe multiplicarse por un factor de expansión apropiado.

Los factores de expansión que se utilizan dependen de la longitud de la lactancia (10 clases según meses) y el número de parto (primera vs. 2 o más lactancias). En el presente análisis se utilizan los factores de expansión reportados por AIPL (Van Raden et al (1991), los cuales se muestran en la siguiente tabla:

<u>Longitud de lactancia (días)</u>	<u>Grupo de Lactancia</u>	
	<u>Primera</u>	<u>Segunda o posterior</u>
0 a 45	1.51	1.68
46 a 75	1.32	1.40
76 a 106	1.23	1.26
107 a 136	1.15	1.16
136 a 167	1.11	1.10
168 a 197	1.07	1.05
198 a 228	1.04	1.03
229 a 258	1.02	1.01
259 a 289	1.01	1.01
290 a 305	1.00	1.00

Ajuste por varianzas genéticas heterogéneas

Otra corrección que debe realizarse antes de la evaluación genética es el ajuste por varianzas heterogéneas. En un modelo animal se asume que las varianzas genéticas son constantes y homogéneas entre distintas zonas, años o épocas. En la realidad, las lactancias provienen de grupos de manejo muy diversos en tamaño y estructura. Esto implica que las varianzas (genéticas y fenotípicas) entre distintos grupos de animales pueden ser muy heterogéneas.

Debido a lo anterior es necesario contar con un procedimiento de estandarización u homogenización de varianzas previo al cálculo de valores genéticos. En la presente evaluación se utiliza el método descrito por Wiggans y Van Raden (1991). En resumen, mediante este método se selecciona inicialmente un grupo de animales base sobre los cuales se estima la magnitud de la varianza (genética y fenotípica). En el presente análisis el grupo base lo constituyen las vacas (Holstein y Jersey) paridas durante el 2000 dentro de la zona BMH. Una vez obtenida esta varianza base, se calculan las varianzas en todos los demás grupos de manejo (dentro de cada clase de raza x zona x año de parto). Estas varianzas se obtienen a su vez como un estimado ponderado de varios grupos, según se describe en Wiggans y Van Raden (1991). A partir de estos estimados de varianza se generan factores de ajuste obtenidos como la razón entre la varianza del grupo base sobre la varianza del grupo respectivo.

Finalmente, los factores de ajuste así obtenidos son multiplicados por las desviaciones fenotípicas de cada lactancia con respecto al promedio del grupo de manejo respectivo, logrando de esta manera una estabilización de las varianzas.

En el archivo adjunto ([varianzas](#)) se desarrolla un ejemplo de la aplicación de factores de expansión y del cálculo de factores de ajuste para varianzas heterogéneas y su aplicación para el ajuste dentro de un grupo de lactancias pertenecientes a un grupo específico de manejo.

Referencias:

VanRaden, P. M.; Wiggans, G.R.; Ernst, C. A. 1991. Expansion of projected lactation to stabilize genetic variance. *J. Dairy Sci.* 74:4344–4349

Wiggans, G.R.; VanRaden, P. M. 1991. Method and effect of adjustment for heterogeneous variances. *J. Dairy Sci.* 74:4350–4357