

# Comparación de definiciones de grupos contemporáneos en la evaluación genética de bovinos Suizo Europeo

## Comparison of contemporary group definitions for genetic evaluation of Braunvieh cattle

Rodolfo Ramírez-Valverde<sup>a</sup>, Rafael Núñez-Domínguez<sup>a</sup>, Agustín Ruíz-Flores<sup>a</sup>, José Guadalupe García-Muñiz<sup>a</sup>, Fabián Magaña-Valencia<sup>a</sup>

### RESUMEN

Se evaluaron seis alternativas para definir grupos contemporáneos (GC) en la evaluación genética nacional para peso al destete de bovinos Suizo Europeo en México. Los GC se formaron mediante la combinación de tres tamaños mínimos (3, 7 ó 10 registros) y su consideración como efecto fijo o aleatorio. Los modelos incluyeron los efectos aleatorios: genético directo y materno, su covarianza, y ambiente permanente. Además, se consideraron los efectos lineal y cuadrático de la covariable edad de la vaca al parto. Los GC se formaron combinando los efectos de año y época de nacimiento, condición de crianza, hato y sexo de la cría. Las seis alternativas de GC se compararon mediante: estadísticos descriptivos de los valores genéticos predichos y sus exactitudes; (co)varianzas y parámetros genéticos; y asociaciones entre los valores genéticos predichos, y entre las exactitudes correspondientes. Para los efectos genéticos directos, los promedios de exactitud fueron ligeramente mayores considerando GC como aleatorio en lugar de fijo, mientras que para los efectos genéticos maternos no hubo diferencias. Las exactitudes mayores se obtuvieron con un mínimo de siete registros por GC. Tanto para efectos genéticos directos como maternos, los estimadores de heredabilidad más altos se observaron con el tamaño mínimo de siete registros por GC, independientemente si los análisis lo consideraron como efecto fijo o aleatorio. La mejor alternativa de definición de grupos contemporáneos fue considerar un mínimo de siete registros y su inclusión como efecto fijo en los análisis genéticos para esta raza en México.

**PALABRAS CLAVE:** Grupo contemporáneo, Bovinos para carne, Peso al destete, Evaluación genética.

### ABSTRACT

Six alternatives of contemporary group (CG) definition for the genetic evaluation of weaning weight of Braunvieh cattle in Mexico were evaluated. Different alternatives of CG definition were formed by combining three minimum CG sizes (3, 7 or 10 records) and its consideration either as a fixed or random effect. The models included the direct and maternal genetic effects, their covariance, and permanent environment as random effects, and the linear and quadratic effects of cow age at calving as a covariate. The CG were formed by combining the effects of year and season of birth, calf's rearing condition, herd, and calf sex. The six alternatives of CG definition were compared using the descriptive statistics of the predicted breeding values and their accuracies, (co)variances and genetic parameters, and both the correlation between the predicted breeding values, and between their corresponding accuracies. On average, the accuracies of the direct genetic effects were slightly higher when CG was considered fixed than when it was fitted as random effect. For the maternal genetic effects there was no difference. The highest accuracies were obtained with a CG size of at least seven records. For both, the direct and maternal genetic effects, the CG size of seven records produced the highest heritability estimates, regardless of CG being fitted as fixed or random effect. The best alternative of contemporary group definition was a minimum of seven records and its inclusion as a fixed effect in the model for the genetic evaluation of this breed in Mexico.

**KEY WORDS:** Contemporary group, Beef cattle, Weaning weight, Genetic evaluation.

### INTRODUCCIÓN

Los grupos contemporáneos (GC) se utilizan en las evaluaciones genéticas para reducir sesgos

### INTRODUCTION

Contemporary groups (CG) are used in genetic evaluations to reduce biases due to differences in

Recibido el 4 de noviembre de 2007. Aceptado para su publicación el 25 de marzo de 2008.

<sup>a</sup> Posgrado en Producción Animal, Departamento de Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo, Carretera México-Texcoco km 38.5. Chapingo, Estado de México. CP 56230. arf@correo.chapingo.mx. Correspondencia al tercer autor.

debidos a diferencias en el manejo y condiciones ambientales de los animales. Se esperaría que una mejor definición de los GC aumente la exactitud de las diferencias esperadas en la progenie e incremente el progreso genético<sup>(1)</sup>.

La consideración de GC como efecto fijo o aleatorio tiene implicaciones en la evaluación genética de los animales. Cuando el GC se considera fijo, los resultados de las evaluaciones genéticas no varían y se reduce el sesgo en las comparaciones genéticas debido a asociaciones entre los GC y los sementales<sup>(2)</sup>. Por otro lado, si el GC se considera aleatorio, la varianza del error de predicción se reduce, ya que se utiliza mayor información para obtener el valor genético<sup>(3,4)</sup>. A la fecha no existe consenso en la literatura publicada acerca de la mejor forma de análisis. En evaluaciones genéticas de bovinos para carne generalmente se considera al GC como efecto fijo; sin embargo, algunos estudios han mostrado que en ciertas circunstancias podría ser mejor alternativa considerarlo como efecto aleatorio; por ejemplo, cuando los GC son pequeños<sup>(3,4,5)</sup>, cuando se dispone de poca información para evaluar a los animales<sup>(2,3)</sup> o cuando no existe asociación entre los GC y los sementales<sup>(3,4)</sup>. En la práctica la mejor decisión depende de parámetros desconocidos de la población específica y de la estructura de los datos<sup>(4)</sup>.

En México, a partir de 2003 se realizan evaluaciones genéticas nacionales de bovinos Suizo Europeo<sup>(6)</sup> y para el caso de peso al destete (PD) se ha considerado al GC como efecto fijo y con un tamaño mínimo de tres registros. La población referida tiene una alta proporción de GC pequeños, por lo que se requiere evaluar diferentes alternativas para definir los GC. El objetivo de este estudio fue comparar el efecto de diferente tamaño de GC (3, 7 ó 10 registros) y su inclusión en los análisis como efecto fijo o aleatorio, en la evaluación genética del peso al destete de bovinos Suizo Europeo en México.

## MATERIALES Y MÉTODOS

La información analizada forma parte de la base de datos de la Asociación Mexicana de Criadores

management and environmental conditions of animals. Both, a higher accuracy of the expected progeny differences and an increased genetic improvement would be expected with a better definition of CG<sup>(1)</sup>.

Considering CG either as fixed or random has implications on the genetic evaluation of animals. When CG is considered fixed the results of the genetic evaluations are invariant, and biases in the genetic comparisons are reduced due to the association between CG and sires<sup>(2)</sup>. On the other hand, if CG is considered random, the prediction error variance is reduced due to a larger amount of data used to predict the animal breeding value<sup>(3,4)</sup>. Nowadays there is no consensus in the published literature about the best way to consider this effect. In general, in genetic evaluations of beef cattle CG is considered as a fixed effect. However, some studies have shown that in some conditions considering CG as a random effect would be a better alternative; for instance, when the CG size is small<sup>(3,4,5)</sup>, when the information available for the genetic evaluation of animals is reduced<sup>(2,3)</sup>, or when there is no association between CG and sires<sup>(3,4)</sup>. In practice, however, the best decision of analysis will depend on unknown parameters of the specific population and the data structure<sup>(4)</sup>.

In México, national genetic evaluations of Braunvieh cattle have been performed every year starting in 2003<sup>(6)</sup>. In the genetic evaluation of weaning weight (WW) CG has been considered as a fixed effect, and with a minimum CG size of three records. The data structure of the population analyzed has a high proportion of CG with few records, thus the best alternative to define CG is needed. The objective of the study was to compare the effect of different CG sizes (3, 7 or 10 records), and its inclusion as a fixed or random effect on the genetic evaluation of Braunvieh cattle in México.

## MATERIALS AND METHODS

Information analyzed is part of the Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro data base. Performance data of calves born from 1995 to 2002 in 33 herds of 12 States of Mexico

COMPARACIÓN DE DEFINICIONES DE GRUPOS CONTEMPORÁNEOS

de Ganado Suizo de Registro. Los registros de comportamiento provienen de animales nacidos de 1995 a 2002 en 33 ranchos de los criadores, ubicados en 12 estados de la República Mexicana. Los sistemas de producción variaron entre ranchos; la alimentación de las vacas fue principalmente con base en pastoreo de praderas mejoradas y sales minerales a libre acceso. Las condiciones de crianza más frecuentes de los becerros hasta el destete fueron amamantamiento con y sin ordeño. Información adicional sobre el manejo del ganado fue publicada por Ruíz-Flores *et al*<sup>(7)</sup>.

La variable estudiada fue peso al destete ajustado a 240 días (PD). Las estrategias para definir los grupos contemporáneos consideraron tres tamaños mínimos (3, 7 ó 10 registros) y su inclusión en el modelo como efecto fijo o aleatorio, quedando las seis alternativas siguientes: M3F (tres registros y fijo); M3A (tres registros y aleatorio); M7F (siete registros y fijo); M7A (siete registros y aleatorio); M10F (10 registros y fijo); y M10A (10 registros y aleatorio).

La evaluación genética para peso al destete se realizó de acuerdo con cada una de las seis alternativas planteadas. El número total de GC formados en la base de datos considerando las seis alternativas varió entre 109 y 215. En el Cuadro 1 se presenta la estructura de los datos utilizados de acuerdo con el tamaño mínimo de GC considerado.

Las seis alternativas de GC se compararon utilizando los criterios siguientes:

were included. The production systems varied among herds; cow feeding was based on grazing of improved pastures, plus mineral salts *ad libitum*. Common types of preweaning calf rearing were suckling of their dams with or without milking. Additional information on cattle management was published by Ruíz-Flores *et al*<sup>(7)</sup>.

The trait analyzed was weaning weight adjusted to 240 d (WW). The strategies to define contemporary groups considered three minimum sizes (3, 7 or 10 records) and their inclusion in the model as fixed or random effect, resulting in six alternatives: M3F (three records and fixed); M3A (three records and random); M7F (seven records and fixed); M7A (seven records and random); M10F (10 records and fixed); and M10A (10 records and random).

For each of the six alternatives, a genetic evaluation for weaning weight was carried out. The number of CG formed in the data base considering the six alternatives varied from 109 to 215. The structure of the data utilized according to the minimum size of CG is shown in Table 1.

The criteria to compare the six CG alternatives were:

1) *Descriptive statistics of breeding values and their accuracies.* Average, minimum and maximum of predicted breeding values and their accuracies obtained for each of the alternatives were compared using the MEANS and FREQ procedures of SAS<sup>(8)</sup>.

Cuadro 1. Estructura de los datos para el análisis de las diferentes estrategias de tamaño mínimo de grupos contemporáneos en el peso al destete de bovinos Suizo Europeo

Table 1. Data structure for the analysis of different strategies of minimum size of contemporary groups (CG) for weaning weight (WW) in Braunvieh cattle

	Strategy		
	M3	M7	M10
No. of animals in the pedigree	10,299	10,277	10,199
No. of animals with performance records	2,801	2,526	2,123
No. of CG	215	160	109
WW±standard deviation, kg	243.2±51.5	241.2±50.3	239.5±50.3

M3, M7 and M10 = CG of at least 3, 7 and 10, respectively.

1) *Estadísticos descriptivos de los valores genéticos y exactitudes.* Se compararon los promedios, los mínimos y máximos de los valores genéticos predichos, y sus exactitudes obtenidos para cada alternativa, utilizando los procedimientos MEANS y FREQ del programa SAS<sup>(8)</sup>.

2) *Componentes de (co)varianza, y parámetros genéticos y ambientales.* Se comparó la magnitud de los estimadores de los componentes de (co)varianza, y de los parámetros genéticos y ambientales obtenidos para cada alternativa de análisis, utilizando el programa MTDFREML<sup>(9)</sup>.

3) *Cambios en valores genéticos y exactitudes.* Se compararon las correlaciones simples entre los valores genéticos, y entre las exactitudes de las diferentes combinaciones pareadas de alternativas de tamaño mínimo de GC, utilizando el procedimiento CORR del programa SAS<sup>(8)</sup>.

Los GC incluyeron los efectos de año (1995 a 2002) y época de nacimiento (seca y de lluvias), condición de crianza (con y sin ordeña de la vaca), rancho de origen (n=33), y sexo de la cría. Las épocas de nacimiento se formaron considerando la distribución de precipitación y la temperatura mensual promedio durante los años de estudio en la estación climatológica más cercana a cada rancho<sup>(10)</sup>. La conectividad genética entre los GC se determinó utilizando el paquete computacional Milc.for<sup>(11)</sup>.

Para la evaluación genética, los modelos utilizados incluyeron los efectos aleatorios: genético directo y materno, su covarianza, y el ambiente permanente; además, se consideraron los efectos lineal y cuadrático de la covariable de edad de la vaca al parto. Los modelos estadísticos utilizados con el efecto de GC fijo o aleatorio se describen en las ecuaciones (1) y (2), respectivamente:

$$y = Xb + Za + Mm + Wpe + e \dots\dots\dots (1)$$

$$y = Xb + Qgc + Za + Mm + Wpe + e \dots\dots\dots (2)$$

Donde, *y* es el vector de registros de peso al destete; *b* es el vector de efectos fijos, incluyendo los grupos contemporáneos (ecuación 1), y las

2) *(Co)variance components, and genetic and environmental parameters.* The size of the (co)variance components, and of the genetic and environmental parameters were compared for each analysis alternative, using the MTDFREML program<sup>(9)</sup>.

3) *Changes in breeding values and their accuracies.* Pearson correlation between breeding values, and between accuracies of the various paired combinations of minimum CG size alternatives were compared using the CORR procedure of SAS<sup>(8)</sup>.

Contemporary groups included the effects of year (1995 to 2002) and calving season (dry and rainy), rearing condition (with and without cow milking), herd (n=33), and sex of the calf. Calving seasons were defined considering the data on distribution of rainfall and monthly temperatures over the years, recorded in the meteorological stations closest to each herd<sup>(10)</sup>. The Milc.for program was used to determine connectivity among contemporary groups<sup>(11)</sup>.

Models to perform the genetic evaluations included the direct, maternal, their covariance, and permanent environmental random effects; plus the linear and quadratic effects of cow age at calving as a covariate. The statistical models considering CG either as fixed or random are described in equations (1) and (2), respectively:

$$y = Xb + Za + Mm + Wpe + e \dots\dots\dots (1)$$

$$y = Xb + Qgc + Za + Mm + Wpe + e \dots\dots\dots (2)$$

where, *y* is the vector of weaning weight records; *b* is the vector of fixed effects, including contemporary groups (equation 1), and the linear and quadratic effects of cow age at calving as a covariate (equations 1 and 2); *cg* is the vector of random contemporary group effects; *a* is the vector of direct breeding values; *m* is the vector of maternal breeding values; *pe* is the vector of random permanent environmental effects; *e* is the vector of residual random effects; and X, Q, Z, M and W are incidence matrices that associate *y* to their corresponding vectors.

covariables lineal y cuadrática de edad de la vaca (ecuaciones 1 y 2);  $gc$  es el vector de efectos aleatorios de grupos contemporáneos;  $a$  es el vector de efectos genéticos aditivos directos;  $m$  es el vector de efectos genéticos aditivos maternos;  $pe$  es el vector de efectos aleatorios de ambiente permanente;  $e$  es el vector de efectos aleatorios residuales; y  $X$ ,  $Q$ ,  $Z$ ,  $M$  y  $W$  son matrices de incidencia que asocian los vectores correspondientes con  $y$ .

$$E[y] = Xb, \text{ y } E[gc] = E[a] = E[m] = E[pe] = E[e] = 0, \text{ y}$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_V\sigma_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix} \dots (1)$$

y

$$\text{Var} \begin{bmatrix} cg \\ a \\ m \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I_G\sigma_{cg}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ 0 & A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_V\sigma_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix} \dots (2)$$

donde,  $G$  es el número de GC,  $V$  es el número de vacas,  $N$  es el número de animales con registro,  $A$  es la matriz de relaciones genéticas aditivas entre los animales;  $I$  es una matriz identidad de orden apropiado;  $\sigma_{gc}^2$ ,  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{pe}^2$ , y  $\sigma_e^2$  son las varianzas de grupo contemporáneo, aditiva directa, aditiva materna, de ambiente permanente, y residual, respectivamente, y  $\sigma_{am}$  es la covarianza entre efectos genéticos aditivos directos y maternos. Las heredabilidades directa ( $h_a^2$ ) y materna ( $h_m^2$ ) se estimaron como  $\sigma_a^2/\sigma_f^2$ ,  $\sigma_m^2/\sigma_f^2$ , respectivamente; donde  $\sigma_f^2$  es la suma de  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_{pe}^2$ , y  $\sigma_e^2$  para (1), mientras que para (2) incluyó además la  $\sigma_{cg}^2$ . Asimismo, se calcularon las proporciones de las varianzas  $\sigma_{pe}^2$ , y  $\sigma_{gc}^2$ , con respecto a la  $\sigma_f^2$  ( $pe^2$  y  $gc^2$ , respectivamente). Los análisis se realizaron con el programa de máxima verosimilitud

$E[y]=Xb$ , and  $E[gc]=E[a]=E[m]=E[pe]=E[e]=0$ , and

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_V\sigma_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix} \dots (1)$$

and

$$\text{Var} \begin{bmatrix} cg \\ a \\ m \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I_G\sigma_{cg}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ 0 & A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_V\sigma_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix} \dots (2)$$

where,  $G$  is the number of CG,  $V$  is the number of cows,  $N$  is the number of animals with records,  $A$  is the additive genetic relationship matrix among the animals;  $I$  is an identity matrix of appropriate order;  $\sigma_{cg}^2$ ,  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{pe}^2$ , and  $\sigma_e^2$  are variances of contemporary groups, direct additive, maternal additive, permanent environmental, and residual effects, respectively, and  $\sigma_{am}$  is the covariance between direct and maternal additive genetic effects. Direct ( $h_a^2$ ) and maternal ( $h_m^2$ ) heritabilities were estimated as  $\sigma_a^2/\sigma_f^2$ , and  $\sigma_m^2/\sigma_f^2$ , respectively; where  $\sigma_f^2$  is the sum of  $\sigma_a^2$ ,  $\sigma_m^2$ ,  $\sigma_{am}$ ,  $\sigma_{pe}^2$ , and  $\sigma_e^2$  for (1), whereas (2) also included the  $\sigma_{cg}^2$ . The ratios of  $\sigma_{pe}^2$ , and  $\sigma_{cg}^2$ , over the  $\sigma_f^2$  ( $pe^2$  and  $cg^2$ , respectively) were also calculated. The analyses were performed using the MTDFREML program<sup>(9)</sup>.

## RESULTS AND DISCUSSION

### *Descriptive statistics of breeding values and their accuracies*

The means of direct ( $BV_a$ ) and maternal ( $BV_m$ ) breeding values had small differences among the alternatives studied (Table 2); however, the variability of the  $BV_a$  was higher when CG was considered as a random instead of fixed effect

restringida, sin el uso de derivadas y multivariado MTDFREML<sup>(9)</sup>.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### *Estadísticos descriptivos de valores genéticos y exactitudes*

Los promedios de valores genéticos directos ( $VG_a$ ) y maternos ( $VG_m$ ), difirieron poco entre las alternativas estudiadas (Cuadro 2); sin embargo, la variabilidad para  $VG_a$  fue mayor cuando el GC se consideró como efecto aleatorio en lugar de fijo (promedios de desviación estándar por medio de tamaño mínimo de GC de 6.0 vs 5.2 kg, respectivamente), sin diferencias para los  $VG_m$ . En un estudio de simulación y considerando una asociación no aleatoria entre sementales y GC, se observó que cuando el GC se consideró fijo, el rango de los valores genéticos predichos disminuyó<sup>(3)</sup>. Considerando las alternativas de tamaño mínimo de registros por GC, se observó que la variabilidad de los  $VG_a$  para tres y siete fue mayor que para 10 (promedios de desviación estándar por medio de GC fijos y aleatorios de 6.1, 6.0 y 4.9 kg, respectivamente); mientras que

(means of standard deviations across minimum CG sizes were 6.0 vs 5.2 kg, respectively), without differences for  $BV_m$ . In a simulation study, considering a non random association between sires and CG, Ugarte *et al*<sup>(3)</sup> observed that when CG was considered fixed, the range of predicted breeding values decreased. Considering the alternatives of minimum size of records per CG, it was observed that the variability of the  $BV_a$  for three and seven were higher than for 10 (means of standard deviations across fixed and random CG were 6.1, 6.0 and 4.9 kg, respectively). The variability for the  $BV_m$  with the minimum size of seven records was higher than that of the other two alternatives (means of standard deviations across fixed and random CG were 3.4, 4.2 and 3.1 kg, for minimum sizes of 3, 7 or 10 records per CG, respectively).

For the direct genetic effect, the average accuracy (across sizes of CG) was slightly higher for the analyses that considered the effect of CG as random instead of fixed (0.34 vs 0.32, respectively), while for the maternal genetic effect there were no differences (0.31). Taking into account the minimum size of records per CG, for the direct genetic effect

Cuadro 2. Estadísticos descriptivos de la evaluación genética de peso al destete en ganado Suizo Europeo considerando seis alternativas de definición de grupo contemporáneo (CG), tres tamaños mínimos de registros por CG, y analizados como efecto fijo o aleatorio

Table 2. Descriptive statistics of genetic evaluation for weaning weight in Braunvieh cattle considering six alternatives of contemporary group (CG) definitions (three minimum record size per CG, and treated as fixed or random effect)

	Fixed CG			Random CG		
	M3	M7	M10	M3	M7	M10
Average of $BV_a$	0.75 ± 5.5	0.88 ± 5.7	0.67 ± 4.6	1.49 ± 6.6	1.10 ± 6.2	0.36 ± 5.2
Range of $BV_a$	-26.7 to 62.2	-28.1 to 66.7	-23.7 to 43.1	-36.6 to 67.5	-31.2 to 70.0	-26.8 to 45.6
Average of $BV_m$	-1.5 ± 3.5	-1.9 ± 4.2	-1.4 ± 3.1	-1.4 ± 3.3	-1.7 ± 4.1	-1.3 ± 3.0
Range of $BV_m$	-37.7 to 11.0	-44.0 to 16.2	-28.3 to 11.6	-35.5 to 11.2	-43.8 to 14.0	-27.3 to 11.0
Average of $ACC_a$	0.33 ± 0.2	0.33 ± 0.2	0.29 ± 0.2	0.36 ± 0.2	0.35 ± 0.2	0.31 ± 0.2
Range of $ACC_a$	0.00 to 0.88	0.00 to 0.88	0.00 to 0.85	0.00 to 0.90	0.00 to 0.90	0.00 to 0.87
Average of $ACC_m$	0.31 ± 0.1	0.32 ± 0.1	0.29 ± 0.1	0.31 ± 0.1	0.34 ± 0.1	0.28 ± 0.1
Range of $ACC_m$	0.01 to 0.82	0.01 to 0.85	0.01 to 0.79	0.01 to 0.82	0.01 to 0.85	0.00 to 0.79

BV= breeding value; ACC= accuracy; a= direct; m= maternal.

M3, M7 and M10 = CG of at least 3 7 and 10, respectively.

la variabilidad de los  $VG_m$  fue mayor para el tamaño mínimo de siete, respecto a las otras dos alternativas (promedios de desviación estándar por medio de GC fijos y aleatorios de 3.4, 4.2 y 3.1 kg, para tamaños mínimos de 3, 7 ó 10 registros por GC, respectivamente).

Para el efecto genético directo, el promedio de exactitud (por medio de tamaños de GC) fue ligeramente mayor para los análisis que consideraron el efecto de GC como aleatorio en lugar de fijo (0.34 vs 0.32, respectivamente), mientras que para el efecto genético materno no hubo diferencias (0.31). Tomando en cuenta el tamaño mínimo de registros por GC, para el efecto genético directo las exactitudes fueron mayores con tres y siete que con 10 (0.35, 0.34 y 0.30), y para el materno la exactitud fue mayor con siete (0.31, 0.33 y 0.29, para 3, 7 y 10 registros, respectivamente).

Considerando el criterio de estadísticos descriptivos de los valores genéticos predichos y sus exactitudes en las seis alternativas estudiadas, los resultados sugieren ventajas (mayor variabilidad genética aditiva y exactitud) para la inclusión del efecto de GC como aleatorio y con un mínimo de siete registros por GC.

La ventaja de un mínimo de siete registros por GC podría explicarse por el mejor balance entre la pérdida de información, y la mejora en la estructura y conectividad genética entre los datos, lo que incrementa el número efectivo de progenie a utilizar en los análisis<sup>(3,4)</sup>. Al respecto, se ha observado en bovinos lecheros que el número efectivo de progenie se incrementó cuando el GC se consideró aleatorio<sup>(4)</sup>; sin embargo, la ganancia fue marginal con GC mayores que 4. Una conclusión similar reportaron Ugarte *et al*<sup>(3)</sup> para GC mayores que ocho. De la misma manera, se ha encontrado que existe poca ventaja en el incremento en exactitud con grupos mayores de cinco animales<sup>(12)</sup>.

#### *Componentes de (co)varianza, y parámetros genéticos y ambientales*

Los estimadores de los parámetros genéticos y de componentes de (co)varianza se muestran en el

the accuracies were higher for three and seven than for 10 (0.35, 0.34 and 0.30), the corresponding accuracy for the maternal effect was higher for seven than for the other alternatives (0.31, 0.33 and 0.29, for 3, 7 and 10 records, respectively).

Considering the criterion of descriptive statistics of the predicted breeding values and their corresponding accuracy for the six alternatives studied, the results suggest advantages (higher additive genetic variability and accuracy) when CG was considered as a random effect with at least seven records per CG.

The advantage of a minimum of seven records per CG could be explained due to a better balance between loss of information, and data structure improvement and the genetic connectivity among herds, resulting in an increased number of effective progeny used in the analyses<sup>(3,4)</sup>. On this regard, Visscher and Goddard<sup>(4)</sup> observed in dairy cattle that the effective number of progeny increased when the CG was considered random; however, the gain was marginal with a CG higher than four records. A similar conclusion was reported by Ugarte *et al*<sup>(3)</sup> for CG higher than eight records. Similarly, others found a marginal advantage in the increase of accuracy with CG higher than five records<sup>(12)</sup>.

#### *(Co)variance components, and genetic and environmental parameters*

Estimates of genetic parameters and (co)variance components are shown in Table 3. Direct genetic variances were higher (20.3 %) when CG was treated as random instead of fixed effect (means across minimum size of CG were 311.2 vs 258.7 kg<sup>2</sup>), while the maternal variances were similar (134.4 and 139.5 kg<sup>2</sup>). Also, residual variances were lower (3.8 %) in the analyses where CG was considered random instead of fixed effect (means across minimum size of CG were 582.5 vs 604.7 kg<sup>2</sup>). Similar results were obtained for dairy cattle<sup>(13)</sup>.

Estimates of  $s_{am}$  ranged from -122.3 to -173.9 kg<sup>2</sup> when CG was considered fixed, and from -126.2 to -189.6 kg<sup>2</sup> when it was treated as a random

Cuadro 3. Las varianzas genéticas directas fueron mayores (20.3 %) cuando el efecto de GC se consideró aleatorio en lugar de fijo (promedio a través de tamaño mínimo de GC de 311.1 vs 258.7 kg<sup>2</sup>), mientras que las varianzas maternas fueron similares (134.4 y 139.5 kg<sup>2</sup>). Así mismo, las varianzas residuales fueron menores (3.8 %) en los análisis donde GC se consideró aleatorio en lugar de fijo (promedio a través de tamaño mínimo de GC de 582.5 vs 604.7 kg<sup>2</sup>), resultado similar a lo observado en bovinos lecheros<sup>(13)</sup>.

Los estimadores de  $s_{am}$  variaron de -122.3 a -173.9 kg<sup>2</sup>, cuando el GC se consideró fijo, y de -126.2 a -189.6 kg<sup>2</sup> cuando se consideró aleatorio. Los estimadores para la correlación entre efectos genéticos directos y maternos variaron de  $-0.73 \pm 0.20$  a  $-0.78 \pm 0.14$ , y de  $-0.72 \pm 0.10$  a  $-0.79 \pm 0.13$  cuando el GC se consideró fijo o

effect. Estimates for the correlation between direct and maternal genetic effects varied from  $-0.73 \pm 0.20$  to  $-0.78 \pm 0.14$ , and from  $-0.72 \pm 0.10$  to  $-0.79 \pm 0.13$  when CG was considered fixed or random, respectively. This result suggests a possible antagonism between direct and maternal genetic effects, similar to those found in several studies with beef cattle<sup>(14,15,16)</sup>. This implies that if the breeder carries out selection for calf growth without considering the maternal effects, it could decrease the milk production of future dams and reduce the weaning weight of their progeny.

The estimates of permanent environmental variances considering CG as fixed or random were similar within CG sizes. It was observed a trend to decrease those variances as the minimum size increased; however,  $pe^2$  was higher for all sizes of CG, when it was considered fixed than when it was fitted as

Cuadro 3. (Co)varianzas, y parámetros genéticos y ambientales estimados de la evaluación genética de peso al destete en ganado Suizo Europeo considerando seis alternativas de definición de grupo contemporáneo (CG), tres tamaños mínimos de registros por CG, analizados como efecto fijo o aleatorio

Table 3. (Co)variances, and genetic and environmental parameter estimates from the genetic evaluation of weaning weight in Braunvieh cattle considering six alternatives of contemporary group (CG) definitions (three minimum record size per CG, and treated as fixed or random effect)

	Fixed CG			Random CG		
	M3	M7	M10	M3	M7	M10
<b>(Co)variances (kg<sup>2</sup>)</b>						
Direct ( $\sigma_a^2$ )	257.2	293.3	225.5	329.8	339.9	263.7
Direct-maternal ( $\sigma_{a-m}$ )	-137.7	-173.9	-122.3	-147.0	-189.6	-126.2
Maternal ( $\sigma_m^2$ )	123.9	170.4	124.3	116.2	169.7	117.2
Permanent environmental ( $\sigma_{pe}^2$ )	149.0	80.8	65.6	145.9	79.2	57.9
Contemporary group ( $\sigma_{cg}^2$ )	-	-	-	1,823.7	1,610.2	1,581.8
Residual ( $\sigma_e^2$ )	537.3	587.5	689.2	502.2	568.6	676.7
Total phenotypic ( $\sigma_t^2$ )	929.1	958.1	982.2	2,771.3	2,578.0	2,571.1
<b>Genetic and environmental parameters</b>						
Direct heritability ( $h_a^2$ )	0.28 ± 0.08	0.31 ± 0.08	0.23 ± 0.08	0.12 ± 0.03	0.13 ± 0.04	0.10 ± 0.03
Maternal heritability ( $h_m^2$ )	0.13 ± 0.06	0.18 ± 0.07	0.13 ± 0.07	0.04 ± 0.02	0.07 ± 0.03	0.05 ± 0.03
Dir-mat genetic Corr. ( $r_{g, a-m}$ )	-0.77 ± 0.15	-0.78 ± 0.14	-0.73 ± 0.20	-0.75 ± 0.14	-0.79 ± 0.13	-0.72 ± 0.19
Ratio $\sigma_{pe}^2 / \sigma_t^2$ ( $pe^2$ )	0.16 ± 0.05	0.08 ± 0.05	0.07 ± 0.06	0.05 ± 0.02	0.03 ± 0.02	0.02 ± 0.02
Ratio $\sigma_{cg}^2 / \sigma_t^2$ ( $cg^2$ )	-	-	-	0.66 ± 0.03	0.62 ± 0.03	0.62 ± 0.04
Ratio $\sigma_e^2 / \sigma_t^2$ ( $e^2$ )	0.58 ± 0.07	0.61 ± 0.07	0.70 ± 0.08	0.18 ± 0.03	0.22 ± 0.03	0.26 ± 0.04

M3, M7 and M10 = CG of at least 3 7 and 10, respectively.



aleatorio, respectivamente. Lo anterior sugiere un posible antagonismo entre efectos genéticos aditivos directos y maternos, situación documentada en varios estudios con bovinos para carne<sup>(14,15,16)</sup>. Esto implica que si el criador realiza selección para crecimiento de los becerros sin considerar los efectos maternos, se pudiera provocar la disminución de la producción de leche en las futuras madres y una reducción en el peso al destete de su progenie.

Las varianzas de ambiente permanente considerando el GC como fijo o aleatorio fueron similares dentro de tamaño de GC, observándose una tendencia a decrecer en la medida que el tamaño mínimo se incrementó; sin embargo, la  $pe^2$  fue mayor, para todos los tamaños de GC, cuando se consideró fijo. Así mismo, para los GC fijos o aleatorios, al aumentar el número mínimo de registros por GC, disminuyó la  $pe^2$ . Chanvijit *et al*<sup>(17)</sup> observaron que cuando utilizaron sólo datos de hatos pequeños, la  $pe^2$  se subestimó a la vez que la  $h^2$  se sobrestimó, lo que pudiera implicar que cuando se usan GC con pocos registros, la estimación de la  $h^2$  pudiera sesgarse, al causarse confusión entre efectos genéticos aditivos y ambientales permanentes.

Los estimadores de  $h^2_a$  y  $h^2_m$  fueron mayores cuando se consideró el efecto de GC como fijo vs aleatorio, 0.27 vs 0.12 y 0.15 vs 0.05, respectivamente, sugiriendo un mayor progreso genético considerando el GC como efecto fijo. Estos resultados son similares a los encontrados en otro estudio<sup>(17)</sup>, donde además de una reducción en el estimador de heredabilidad, observaron un incremento en el error estándar de este estimador cuando se consideró el GC como aleatorio. Así mismo en otro trabajo<sup>(18)</sup> se obtuvo una heredabilidad mayor (0.065 vs 0.035) cuando se consideró GC fijo comparado con aleatorio, para mastitis clínica en vacas Holstein. Para tamaño de la camada al nacimiento en porcinos, Babot *et al*<sup>(19)</sup> no encontraron diferencias en los estimadores de heredabilidad cuando el GC se consideró fijo o aleatorio.

Tanto para el efecto genético directo como materno, los estimadores de heredabilidad más altos se

random. Likewise, for either fixed or random CG,  $pe^2$  decreased as the minimum number of records per CG increased. Using data from small herds, Chanvijit *et al*<sup>(17)</sup> observed that  $pe^2$  was underestimated and  $h^2$  was overestimated. This may imply that  $h^2$  could be biased when CG with few records are used, due to the confounding between additive genetic and permanent environmental effects.

The estimates of  $h^2_a$  and  $h^2_m$  were higher when CG was considered fixed than when it was random, 0.27 vs 0.12 and 0.15 vs 0.05, respectively. This suggests a higher genetic progress could be achieved if CG is considered fixed. These results are similar to those published by Chanvijit *et al*<sup>(17)</sup>, who found a reduction in the heritability estimates and an increase in the standard error of these estimates when CG was treated as a random effect. Similarly, others<sup>(18)</sup> obtained a larger heritability for clinical mastitis in Holstein cows (0.065 vs 0.035) when CG was treated as fixed instead of random. Babot *et al*<sup>(19)</sup> did not find differences in heritability estimates for litter size at birth in pigs, when the effect of CG was considered either fixed or random.

For both, the direct and maternal genetic effects, the largest heritability estimates were obtained with seven records per CG, regardless of considering CG as fixed or random effect in the analyses. These results suggest that the best alternative for minimum size of records per CG, is higher than the one currently used (three records) in national genetic evaluations of Braunvieh cattle in Mexico.

Even though additive genetic variances were larger and residuals were smaller when CG was included as a random effect, the heritabilities obtained with CG as fixed were substantially larger than when it was fitted as a random effect. This suggests advantages treating CG as a fixed effect with at least seven records per CG.

#### *Changes in breeding values and their accuracies*

In general, the size of the correlation coefficient estimates between direct breeding values and

obtuvieron con siete registros por GC, independientemente si los análisis se realizaron considerando el efecto de GC como fijo o aleatorio. Lo anterior sugiere que la mejor alternativa de tamaño mínimo de registros por GC, está por arriba de la que actualmente se utiliza (3) en las evaluaciones genéticas nacionales de ganado Suizo Europeo en México.

Aun cuando las varianzas genéticas aditivas fueron mayores y las residuales fueron menores cuando GC se incluyó como efecto aleatorio, las heredabilidades al considerar GC fijo fueron sustancialmente mayores que cuando se incluyó como aleatorio. Lo anterior sugiere ventajas al considerar GC como efecto fijo y con un mínimo de 7 registros por GC.

#### *Cambios en valores genéticos y exactitudes*

En general, la magnitud de los estimadores de los coeficientes de correlación entre valores genéticos directos y entre sus exactitudes, para las combinaciones pareadas de alternativas de definición de GC evaluadas fueron de mediana a alta magnitud entre valores genéticos directos (0.84 a 0.97), y altas entre exactitudes (0.96 a 1.00). Las correlaciones entre valores genéticos maternos, y entre sus exactitudes para las combinaciones pareadas de alternativas, fueron similares (0.89 a 0.98 y 0.94 a 1.00, respectivamente). Lo anterior sugiere que existen diferencias marginales en la

between their accuracies, for the paired combinations of alternative definitions of CG evaluated, were from medium to high magnitude between direct breeding values (0.84 to 0.97), and high between accuracies (0.96 to 1.00). Correlations between maternal breeding values, and between their accuracies, for the alternatives of CG evaluated, were similar (0.89 to 0.98 and 0.94 to 1.00, respectively). This suggests that only marginal differences in animal breeding values ranking were observed, depending on the CG alternative used.

Taking into account the advantages of alternatives M7A and M7F, with the first and the second criteria for comparison, respectively, in Table 4 the estimates of correlation coefficients between the predicted breeding values, and between their accuracies obtained for M7A and M7F with the other alternatives are shown. In general, these correlations were high (0.88 to 0.97 and 0.98 to 1.00, for the breeding values and accuracies, respectively). The correlation estimates obtained for M7A with M7F were among the highest.

Given that a possible association between CG and sires is unknown, that the analysis considering CG as fixed is easier, and that the advantage of fitting CG as random instead of fixed is only marginal for the first criterion, it is recommended the use of alternative M7F in the routine genetic evaluation of these animals in Mexico.

Cuadro 4. Coeficientes de correlación de valores genéticos predichos entre la alternativa M7A y M7F con las otras alternativas de definición de grupo contemporáneo (CG) estudiadas

Table 4. Correlation coefficients between breeding values from alternatives M7A and M7F with the other alternatives studied to define the contemporary groups (CG)

	M3F	M7F	M10F	M3A	M10A
M7A: BV	0.93	0.96	0.88	0.96	0.92
ACC (BV)	0.99	1.00	0.98	0.99	0.98
M7F: BV	0.97	-	0.95	0.89	0.88
ACC (BV)	0.99	-	0.98	0.99	0.98

M3F, M7F and M10F= CG as fixed effect, and at least 3, 7 and 10, records per CG, respectively; M3A, M7A and M10A= CG as random effect, and at least 3, 7 and 10 records per CG, respectively.

BV= direct breeding value, ACC = accuracy.

jerarquización de los valores genéticos de los animales, dependiendo de la alternativa utilizada.

Tomando en cuenta las ventajas de la alternativa M7A al considerar el primer criterio y de M7F con el segundo criterio de comparación, en el Cuadro 4 se muestran los estimadores de los coeficientes de correlación entre los valores genéticos predichos y entre las exactitudes, obtenidos para M7A y M7F con las demás alternativas. En general, estas correlaciones fueron altas (0.88 a 0.97 y 0.98 a 1.00, para los valores genéticos y exactitudes, respectivamente). Cabe destacar que entre los estimadores de correlación de mayor magnitud se encuentran los de M7A con M7F.

Dado que se desconoce la posible asociación entre sementales y los GC, que el análisis de GC como efecto fijo es más simple, y que la ventaja de analizar GC como aleatorio en lugar de fijo es sólo marginal para el primer criterio, se recomienda la utilización de M7F en las evaluaciones genéticas rutinarias de estos animales en México.

## CONCLUSIONES E IMPLICACIONES

Independientemente de la consideración de grupo contemporáneo como efecto fijo o aleatorio, el tamaño mínimo de 7 registros fue la mejor alternativa. La inclusión de grupo contemporáneo como efecto fijo resulta en mayores heredabilidades, con diferencias marginales en exactitud y jerarquización de valores genéticos. En las evaluaciones genéticas nacionales de bovinos Suizo Europeo en México, los grupos contemporáneos deben formarse con un mínimo de 7 registros y analizarse como efectos fijos.

## AGRADECIMIENTOS

Se agradece a la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro por facilitar la información de sus bases de datos genealógicos y productivos para el presente estudio.

## CONCLUSIONS AND IMPLICATIONS

Regardless of considering contemporary group as fixed or random, the size of at least 7 records per contemporary group was the best alternative. Including contemporary group as fixed yielded the highest heritability estimates, with only marginal differences in accuracy and ranking of breeding values. In the national genetic evaluation of Braunvieh Mexican cattle, the contemporary group effect should be considered as fixed and include a least 7 records.

## ACKNOWLEDGEMENTS

We thank the Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro, for allowing the use of their productive and pedigree databases for this study.

*End of english version*

## LITERATURA CITADA

1. Lofgren DL, Stewart TS. Optimal contemporary group structure to maximize genetic progress through genetic evaluation of swine. *J Anim Sci* 1994;2254-2259.
2. Van Vleck LD. Contemporary groups for genetic evaluations. *J Dairy Sci* 1987;70:2456-2464.
3. Ugarte E, Alenda R, Carabaño MJ. Fixed or random contemporary groups in genetic evaluations. *J Dairy Sci* 1992;75:269-278.
4. Visscher PM, Goddard ME. Fixed and random contemporary groups. *J Dairy Sci* 1993;76:1444-1454.
5. Frey M, Hofer A, Künzi N. Comparison of models with a fixed or a random contemporary group effect for genetic evaluation for litter size in pigs. *Livest Prod Sci* 1997;48:135-141.
6. Núñez DR, Ramírez VR, Ruíz FA, Domínguez VJ. Evaluación genética de sementales Suizo Europeo. *Boletín Técnico. Departamento de Zootecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, Méx. 2003.*
7. Ruíz-Flores A, Núñez-Domínguez R, Ramírez-Valverde R, Domínguez-Viveros J, Mendoza-Domínguez M, Cuevas-Martínez E. Niveles y efectos de la consanguinidad en variables de crecimiento y reproductivas en bovinos Tropicarne y Suizo Europeo. *Agrociencia* 2006;40:289-301.
8. SAS. SAS/STAT User's Guide. (Release 8.20). Cary, NC, USA. SAS Inst. Inc. 2001.

9. Boldman KG, Kriese LA, Van Vleck LD, Van Tassell CP, Kachman SD. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances (Draft). USDA-ARS. 1995.
10. SMN (Servicio Meteorológico Nacional). 2004 [en línea]. <http://smn.gob.mx/productos/>. Consultado Ago 2, 2004.
11. Fries LA. Connectability in beef cattle genetic evaluation: the heuristic approach used in Milc.for. *Proc 6<sup>th</sup> World Cong Genet Appl Livest Prod* 1998;27:449-450.
12. 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.
13. Schaeffer LR. Estimates of genetic variances for conformation traits. 1998 [on line]. [www.cdn.ca/committees/archives/may98/lrs01.html](http://www.cdn.ca/committees/archives/may98/lrs01.html). Accessed March 31, 2004.
14. Ferreira GB, MacNeil, Van Vleck LD. Variance components and breeding values for growth traits from different statistical models. *J Anim Sci* 1999;77:2641-2650.
15. Lee C, Pollak EJ. Genetic antagonism between body weight and milk production in beef cattle. *J Anim Sci* 2002;80:316-321.
16. Rosales-Alday J, Elzo MA, Montaña BM, Vega VEM. Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento predestete en la población mexicana de Simmental. *Téc Pecu Méx* 2004;42:171-180.
17. Chanvijit K, Duangjinda M, Pattarajinda V, Reodecha C. Model comparison for genetic evaluation of milk yield in crossbred Holsteins in the tropics. *J Appl Genet* 2005;46(4):387-393.
18. Heringstad B, Klemetsdal G, Ruane J. Short communication: Validation of estimates of genetic trend in the Norwegian cattle population. *J Dairy Sci* 1999;82:2811-2812.
19. Babot D, Noguera JL, Alfonso L, Estany J. Fixed or random contemporary groups in genetic evaluation for litter size in pigs using a single trait repeatability animal model. *J Anim Breed Genet* 2003;120:12-22.