



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
PROGRAMA DE MAESTRÍA Y DOCTORADO EN CIENCIAS DE LA
PRODUCCIÓN Y DE LA SALUD ANIMAL
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA
GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL**

**EVALUACIÓN GENÉTICA PARA LA CARACTERÍSTICA VELOCIDAD EN
CABALLOS DE CARRERAS PURA SANGRE A TRAVÉS DE REGRESIÓN
ALEATORIA**

TESIS
QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:
MAESTRO EN CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN Y DE LA SALUD ANIMAL

PRESENTA:
ALMA DELIA SERVÍN TOME

TUTOR PRINCIPAL:
Biol. MSc. Ph.D. CARLOS GUSTAVO VÁSQUEZ PELÁEZ, FACULTAD DE
MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA

COMITÉ TUTORAL:
M.V.Z. MSc. Ph.D. JOSÉ MANUEL BERRUECOS VILLALOBOS, FACULTAD DE
MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA
M.V.Z. MSc. Ph.D. FELIPE RUÍZ LÓPEZ, PROGRAMA DE MAESTRÍA Y
DOCTORADO EN CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN Y DE LA SALUD ANIMAL

MÉXICO, D.F., JULIO 2015.



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

DEDICATORIA

A mis padres Zoila y José Antonio, a mis hermanos Jacqueline y José Antonio y a mi amado esposo Orlando, por todo su apoyo y por ser la fuente de mi felicidad.

AGRADECIMIENTOS

A mi tutor el Biol. MSc. Ph.D. Carlos Gustavo Vásquez Peláez y a los integrantes de mi comité tutorial, el M.V.Z. MSc. Ph.D. José Manuel Berruecos Villalobos y el M.V.Z. MSc. Ph.D. Felipe Ruíz López por su apoyo y tiempo dedicado a mi tesis.

A los integrantes de mi jurado por sus observaciones y recomendaciones, el MVZ. Dr. Miguel Ángel Carmona Medero, el M.V.Z. MSc. Ph.D. Sergio Iván Román Ponce, la MVZ.MSc. PhD. DACVIM María Masrí Daba y la MVZ. MSc. Alejandra Caballero Zamora.

Al Dr. Guzmán Clark por proporcionarme los datos utilizados en mi tesis.

RESUMEN

Un programa de mejora genética es un proceso lógico y ordenado donde se define la característica a evaluar y su medición considerando aquellos efectos ambientales y genéticos que la modifican. En caballos pura sangre, una característica de importancia es la velocidad, la cual puede ser medida en diferentes distancias. El objetivo del presente estudio, fue realizar la primera evaluación genética para velocidad de los caballos de carreras pura sangre del Hipódromo de las Américas en diferentes distancias (1006, 1106, 1207, 1307, 1408 y 1609 metros). Se utilizaron 2075 registros de carreras de 303 caballos. Se utilizó un Modelo de Regresión Aleatoria (MRA), donde se incluyeron como efectos fijos al sexo (hembra, macho y castrado), edad (2 a 10 años) y número de jockey con un polinomio de Legendre de grado 5 y como efectos aleatorios al efecto genético aditivo y ambiente permanente con un polinomio de Legendre de grado 1. Se encontró un efecto significativo de sexo y edad. Los machos fueron significativamente más rápidos que las hembras. Para la edad se encontró diferencia entre los caballos de 3 años respecto a 4, 5 y 6 años, presentando las velocidades más bajas. Se obtuvieron los valores genéticos aditivos de los caballos para cada distancia, utilizando un modelo animal de acuerdo a la metodología de MRA. Las heredabilidad fue de: 0.18 ± 0.06 , 0.57 ± 0.09 , 0.61 ± 0.07 , 0.42 ± 0.06 , 0.37 ± 0.08 y 0.32 ± 0.05 , con repetibilidad de: 0.24 ± 0.06 , 0.66 ± 0.04 , 0.71 ± 0.04 , 0.56 ± 0.06 , 0.54 ± 0.09 y 0.51 ± 0.06 para las distancias de: 1006, 1106, 1207, 1308, 1408 y 1609m, respectivamente. Se determinaron valores de correlación genética mayores a 0.90. El MRA proporciona mayor información para la selección de caballos al estimar el valor genético aditivo en cada distancia, en lugar de tener uno sólo.

Palabras clave: velocidad, modelo de regresión aleatoria, pura sangre, parámetros genéticos.

ABSTRACT

Breeding program is a logical and ordered process where is defined the trait to assess and measure considering environment and genetic effects that modify it. In thoroughbred horses, an important trait is the speed, which can be measured at different distances. Objective of this study was to conduct the first genetic evaluation to speed of thoroughbred racehorses from Hipódromo de las Americas at different distances. Was used 2075 registers of races of 303 horses. Was used random regression model (RRM), where was including sex (female, male and castrated), age (2 to 10 years) and number of jockeys with Legendre polynomial of grade 5 as fixed effects and as random effects additive genetic effect and permanent environment effect with a Legendre polynomial of grade 1. Effect for sex and age were found significant. Males were faster than females significantly. By age was found difference among horses of 3 years to respect to which 4, 5 and 6 years, with lower speed. Additives genetic values of horse to every distance were obtained using an animal model according to RRM methodology. Heritabilities were 0.18 ± 0.06 , 0.57 ± 0.09 , 0.61 ± 0.07 , 0.42 ± 0.06 , 0.37 ± 0.08 y 0.32 ± 0.05 , with repeatabilities of 0.24 ± 0.06 , 0.66 ± 0.04 , 0.71 ± 0.04 , 0.56 ± 0.06 , 0.54 ± 0.09 y 0.51 ± 0.06 for 1006, 1106, 1207, 1308, 1408 and 1609 m, respectively. Genetic correlation values were greater than 0.90. The RRM provides additional information for the selection of horses to estimate the breeding value at each distance, instead of having one.

Key words: speed, random regression model, Thoroughbreds, genetic parameters.

ÍNDICE DE CONTENIDO

I.	INTRODUCCIÓN.....	1
II.	REVISIÓN DE LITERATURA.....	4
	2.1 Modelo Animal.....	5
	2.2 Mejor Predictor Lineal Insesgado (BLUP).....	5
	2.4 Componentes de varianza.....	7
	2.6 <i>Índice de Constancia o Repetibilidad</i>	9
	2.8 Estudio Longitudinal.....	11
	2.9 Modelo de Regresión Aleatoria (MRA).....	12
	2.9.1 <i>Estructura de un Modelo de Regresión Aleatoria</i>	13
	2.9.2 <i>Modelo de análisis</i>	15
	2.9.3 <i>Ventajas y Desventajas de los MRA</i>	16
	Ventajas.....	16
	Desventajas de los MRA.....	17
III.	JUSTIFICACIÓN.....	18
IV.	HIPÓTESIS.....	19
V.	OBJETIVOS.....	20
	5.1 <i>Objetivo General</i>	20
	5.2 <i>Objetivos Específicos</i>	20
VI.	MATERIAL Y MÉTODOS.....	21
	6.1 <i>Origen y descripción de los datos</i>	21
	6.2 <i>Identificación de factores ambientales significativos</i>	22
	6.3 <i>Modelo de análisis</i>	23
	Se evaluaron diversos MRA con diferentes ordenes de polinomio de Legendre que iban de 0 a 5 para cada uno de los efectos fijos (sexo, edad y número de jockey) y aleatorios (caballo y ambiente permanente).....	23
VII.	RESULTADOS.....	26
	7.1 <i>Efectos fijos</i>	26
	7.2 <i>Parámetros genéticos por distancia</i>	27
VIII.	DISCUSIÓN.....	29
IX.	CONCLUSIÓN.....	35
X.	REFERENCIAS.....	36
XI.	CUADROS Y FIGURAS.....	44
	Cuadro 6.1.1 Número de observaciones, mínimo, máximo, medias y errores estándar de velocidad para cada distancia.....	44
	Cuadro 6.1.2. Número de observaciones para cada nivel de las variables sexo, edad y condición de pista.....	45
	Cuadro 7.1.1 Medias de la característica velocidad para los tres sexos en cada distancia.....	46
	Cuadro 7.1.2 Medias y errores estándar de la característica velocidad para cada edad.....	47

Figura 7.1.1 Representación del comportamiento de la característica velocidad a través de las distancias de los tres sexos (machos, hembras y castrados).....	49
Figura 7.2.1 Valores de heredabilidad y repetibilidad en las diferentes distancias en caballos de carreras pura sangre.....	50
Figura 7.2.2 Varianzas genéticas, varianza de ambiente permanente y varianza fenotípica a través de las diferentes distancias.....	51
Figura 7.2.3 Curva predicha de velocidad individual en caballos pura sangre desde la distancia 1000 a 1600 metros.....	52
Figura 7.2.4 Matriz de correlaciones genéticas a través de las diferentes distancias.....	53

I. INTRODUCCIÓN

Los caballos de carreras generalmente compiten en una o más distancias. Este tipo de datos muestran un carácter longitudinal, sin embargo, la mayoría de los estudios sólo representan un punto en la trayectoria en la vida competitiva de un caballo (Fitzhugh, 1976). La forma más adecuada de evaluar el mérito genético de un caballo es en función de los resultados de todas las trayectorias de la competencia, en lugar de evaluar algunos puntos trasversales (Menéndez-Buxadera y Mota, 2008).

La velocidad (distancia/tiempo) es una medida cuantitativa que refleja el rendimiento de los caballos, la cual, es la suma de efectos genéticos y ambientales (Ricard, 1998; Arnason, 2001; Ekiz y Kocak, 2005).

La evaluación genética es una forma de predecir el valor genético aditivo a partir de las observaciones del propio animal y sus parientes (Bertrand y Wiggans, 1998). En caballos, se ha llevado a cabo de acuerdo a la edad y distancia de la carrera. Hay diferentes genes que afectan a las características, dependiendo de la edad del animal, ya que cambia la fisiología y, en consecuencia, el rendimiento de trotones; por esto la estimación de los valores genéticos aditivos (VG) de acuerdo a la edad parece ser un enfoque alternativo. Esta alternativa podría proporcionar mayor información a los criadores, para elegir a los caballos como futuros sementales (Bugislaus *et al.*, 2006).

En caballos pura sangre y trotones españoles la característica velocidad, puede ser considerada como una característica diferente por el efecto de los genes y las condiciones ambientales que actúan juntos en el rendimiento en cada carrera a diferentes distancias. Este hecho puede dar algunas ventajas

importantes en la selección de un tipo específico de carrera (distancia corta, media o larga) o de otra forma, para el buen desempeño de los caballos en todas las distancias (Mota, 2006; Gómez *et al.*, 2010).

Un modelo utilizado para el análisis de este tipo de datos longitudinales es el **Modelo Regresión Aleatoria (MRA)**. Se han llevado a cabo diversos estudios con MRA en características relacionadas con el rendimiento de los caballos de carreras utilizando este modelo a diferentes edades y distancias: En caballos de carreras pura sangre, entre las características que han sido evaluadas se encuentran: tiempo de carreras en segundos (s) en distancias de 1000 a 1600 metros (m), la raíz cuadrada de la posición de llegada y montos de premios ganados. Los efectos fijos considerados en estos estudios han sido: sexo, momento de la carrera (día o noche), condición de pista, RAT (calculado como el peso del caballo entre el peso llevado por el caballo), edad, temporada del año de carrera, entrenador y como efectos aleatorios: caballo, número de caballos con registros repetidos, jockey y número de jinetes. La estimación de heredabilidad osciló de 0.086 a 0.22 y la estimación de repetibilidad fue entre 0.29 y 0.30 (Bugislaus *et al.*, 2004; Menéndez-Buxadera y Mota, 2008; Bugislaus, 2010).

En caballos trotones también se han hecho evaluaciones genéticas con MRA. La característica evaluada ha sido, tiempo de carrera por kilómetro (velocidad) en diferentes edades y en dos grupos de edades (caballo jóvenes y adultos) en diferentes distancias (1600 a 2700 m), como efectos fijos se encuentran: sexo, condición de pista, distancia, jockey, combinación de hipódromo-fecha de carrera, tipo de inicio (autostart o hándicap, el primero, es un inicio móvil que consta de dos brazos articulados unidos a un vehículo móvil y cuando se abren los brazos, la carrera comienza; en el hándicap, se da una ventaja inicial a los caballos con peores resultados en carreras anteriores, para igualar las posibilidades de ganar.). Como efectos aleatorios: animal, efecto de

ambiente permanente individual y jockey. La estimación de heredabilidad fue de 0.01 a 0.34 (Bugislaus, 2006; Gómez 2010).

Existen diferentes factores ambientales que han sido comunes en la mayoría de estos estudios como son: tipo de pista, carrera, año, jinete, peso del jinete, etcétera. Antes de llevar a cabo predicciones genéticas es necesario remover tanto como sea posible la varianza de efectos no genéticos, por esta razón, es necesario utilizar grupos contemporáneos en el que se comparen los caballos (Oki *et al.*, 1994).

La importancia económica del comercio de sementales y de semen entre los países en las últimas décadas, ha contribuido a un mayor interés entre los criadores para obtener información genética más realista y fiable sobre los animales. Esta información ayuda a maximizar el progreso genético en la población (Gómez *et al.*, 2010). Para optimizar el progreso genético, los criadores necesitan información genética y de las condiciones ambientales en las que los animales van a competir para poder realizar predicciones más confiables y seguras sobre el potencial genético de sus animales. Por ello, el objetivo del presente estudio fue hacer una evaluación genética para la característica velocidad a diferentes distancias, en caballos de carreras pura sangre del Hipódromo de las Américas, con el fin de contribuir a la elaboración de los programas de selección.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

El Mejoramiento Genético Animal (MGA) consiste en aplicar principios biológicos, económicos y matemáticos para encontrar estrategias que ayuden a aprovechar la variación genética de una población y maximizar su mérito genético (Montaldo y Barría, 1998). El MGA involucra procesos de evaluación genética, la cual, es una forma de predecir el valor genético aditivo a partir de las observaciones del propio animal y sus parientes (Bertrand y Wiggans, 1998).

El valor genético aditivo se define como el valor de un individuo como progenitor. Los progenitores transmiten una muestra al azar de sus genes a su descendencia, por tanto, representa la parte de valor genotípico que puede ser transmitido de los progenitores a la progenie. El verdadero valor genético aditivo no puede medirse directamente, sin embargo, se puede predecir por lo que son llamados valores genéticos predichos (VG) (Bourdon, 1997).

El valor genético aditivo no es una medida de lo bueno que es un animal en sí mismo, sino un indicador del efecto que tendrán sus genes en la población (Erling y Birgitta, 2006).

Estos VG son calculados con una metodología que se conoce como BLUP (por sus siglas en inglés, best linear unbiased prediction) (Montaldo y Barría, 1998). La disponibilidad de una mayor cantidad de registros permite lograr mayor precisión en la predicción de dichos valores (Ravangolo *et al.*, 2002).

El primer paso es determinar si la(s) característica(s) considerada(s) tiene(n) una base genética (Gianola, 2002), y para ello, se requiere de estimadores confiables de los parámetros genéticos de la población, como son: la heredabilidad, la repetibilidad y las correlaciones genéticas (Guerra *et al.*, 1992).

Para estimar dichos parámetros genéticos a partir de varianzas y covarianzas se han desarrollado métodos como el REML (máxima verosimilitud restringida) (Montaldo y Barría, 1998).

2.1 Modelo Animal

Un modelo animal incluye efectos fijos y aleatorios, es decir, es un modelo mixto para predecir el valor genético aditivo de todos los animales incluidos en el pedigrí, con o sin registros en el contexto del mejor predictor lineal insesgado BLUP (Henderson, 1973). El valor de cría de aquellos animales que no cuentan con registros se predice a partir del BLUP de parientes con registros (Henderson, 1977).

El modelo animal asume una población grande con apareamiento al azar, un número infinito de loci cada uno de ellos con un efecto pequeño e igual en la característica de interés y todas las relaciones entre los animales son conocidas, dichas relaciones se encuentran en la matriz de relaciones genéticas aditivas [A]. Si los animales tienen más de un registro para la característica de interés, se debe contemplar un efecto de ambiente permanente asociado a cada animal, (Schaeffer, 2010).

2.2 Mejor Predictor Lineal Insesgado (BLUP)

El Mejor Predictor Lineal Insesgado (BLUP) se basa en un modelo mixto, el cual incluye la solución de un conjunto de ecuaciones, obteniéndose estimadores de los efectos fijos (BLUE) y predictores de los efectos aleatorios (BLUP) simultáneamente, por lo general, los valores genéticos aditivos (Falconer y Mackay, 1996). Con este procedimiento, se obtienen predictores insesgado donde

la varianza del error es mínima. La principal ventaja de este método es que permite incluir las relaciones genéticas entre todos los animales a evaluar (Henderson, 1976) y obtener predicciones de los VG para todos los animales incluidos en el pedigrí. Permite comparaciones por mérito genético entre animales que fueron registrados en diferentes períodos, regímenes de manejo, diferentes cantidades de información o de diferentes generaciones (Webb y Bampton 1988; Long *et al.*, 1991; Bampton 1992).

Las ecuaciones BLUP incluyen la inversa de la matriz de relaciones genéticas aditivas [A^{-1}] entre todos los animales de la población evaluada. Los elementos de la matriz de relaciones genéticas se ponderan por un cociente de varianzas, el cual, se relaciona directamente con la heredabilidad de la característica. Las características de heredabilidad alta dan mayor peso a los elementos de la diagonal, que son los correspondientes al comportamiento propio del animal, mientras que, los elementos fuera de la diagonal reciben mayor peso cuando la heredabilidad es baja haciendo mayor énfasis en la información de sus parientes (León, 2006).

2.3 Máxima Verosimilitud Restringida (REML)

El REML (máxima verosimilitud restringida) es un método para estimar parámetros genéticos a partir de varianzas y covarianzas. (Montaldo y Barría, 1998). Fue descrito formalmente por Patterson y Thompson (1971).

El método REML, maximiza la probabilidad de los parámetros después de corregir los efectos fijos. Existen algoritmos para obtener estimaciones REML, los cuales utilizan iteraciones. Es decir, las estimaciones se inician con un determinado conjunto de componentes de varianza, el análisis se detiene cuando encuentra el conjunto con la mayor probabilidad de que los datos para un modelo puedan ser escritos como una función (Van Der Werf, 2003).

Ventajas del REML:

- Contabiliza la pérdida de grados de libertad debida a la corrección por efectos fijos (Van Der Werf, 2003).
- Puede corregir para la selección, ya que hace uso de las ecuaciones del modelo mixto y toma en cuenta las relaciones entre los animales a través de la matriz de relaciones [A], para estimar mejores predictores lineales insesgados (BLUP) (Thompson *et.al.*, 2005)
- Tienen menos varianza, por lo tanto estimadores insesgados (Van Der Werf, 2003).
- Las estimaciones se consideran adecuadas, aún si no hay normalidad en los datos (Meyer, 1990).

2.4 Componentes de varianza

Las estimaciones de varianzas y covarianzas genéticas son esenciales para la predicción de los valores genéticos (BLUP) y para la predicción de la respuesta genética esperada de los programas de selección. En todo programa de evaluación genética se requiere de estimados confiables de los parámetros genéticos de la población (Guerra *et al.*, 1992). En términos estadísticos, se trata de buscar estimadores óptimos de las varianzas y covarianzas, es decir, de mínimo sesgo y mínima varianza (Caraballo, 1997). A partir de ellos, se pueden determinar los parámetros genéticos de la población, como son: la heredabilidad (h^2), la repetibilidad (Re) y las correlaciones genéticas (rg).

2.5 Heredabilidad

La heredabilidad representa la proporción de la varianza fenotípica observada debida a efectos genéticos (Becker, 1984; Falconer, 1989; Falconer y Mackay, 1996; Lynch y Walsh, 1998). Expresa la proporción de la varianza total atribuible a las diferencias de los valores genéticos aditivos. En estudios genéticos tiene una función predictiva, a pesar de que sólo el valor fenotípico en un individuo puede ser directamente medido, la heredabilidad expresa la relación del valor fenotípico como guía del valor genético aditivo, el cuál determina su influencia en la próxima generación (Falconer, 1989; Falconer y Mackay, 1996).

Se pueden considerar dos tipos de heredabilidad: la primera es la heredabilidad en sentido amplio (H^2), que se define como la proporción de la varianza fenotípica debida a todos los efectos genéticos, es decir, a la varianza genética (σ^2_G), la cual, a su vez es la suma de la varianza genética aditiva (σ^2_A), varianza de dominancia (σ^2_D) y varianza de epistasia (σ^2_I), puede expresarse como (Dekkers *et al.*, 2002):

$$H^2 = (\sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I) / \sigma^2_P = \sigma^2_G / \sigma^2_P$$

El segundo tipo es la heredabilidad en sentido estricto (h^2), que es debida a efectos genéticos aditivos y se expresa como (Dekkers *et al.*, 2002):

$$h^2 = \sigma^2_A / \sigma^2_P$$

Dependiendo del parecido entre parientes obtenidos de los registros genealógicos, se utilizan tres métodos para obtener estimaciones de la heredabilidad: análisis de varianzas, análisis de regresión, y por medio de la respuesta a la selección (Falconer y Mackay, 1996; Lynch y Walsh, 1998). En los primeros dos métodos es necesario hacer la subdivisión de la población en estructura de familias de hermanos completos o medios hermanos, esto permite separar la varianza total de la característica en sus diferentes componentes

causales, y el conocimiento del grado de relación o parentesco entre los miembros de esas familias, permite definir qué tanto de la variación total observada para el carácter se debe a variación genética. La precisión de los estimados de heredabilidad se puede valorar por el cálculo de los errores estándar. (Falconer y Mackay, 1996).

La heredabilidad puede variar entre un valor probabilístico de 0 a 1, cercano a cero indica un alto efecto ambiental sobre la característica, mientras que cercano a 1, un alto efecto genético. El valor es único para esa característica y para cada población estudiada, además, sólo es válida para el ambiente en donde se ha determinado (Falconer y Mackay, 1996) y a menudo, se supone que se mantiene constante en el tiempo (Dekkers, *et al.*, 2002), sin embargo, ello sólo se da en poblaciones panmíticas.

2.6 Índice de Constancia o Repetibilidad

Cuando se tienen varias observaciones sobre el mismo animal, los efectos ambientales (E) se pueden separar en efectos ambientales permanentes (PE) y efectos ambientales temporales (TE). Los efectos PE representan aquellos que influyen de forma permanente el rendimiento de un animal en particular y afectan a todos sus registros de una manera similar y los efectos TE son específicos para un registro determinado en un momento dado (Dekkers, *et al.*, 2002). La varianza fenotípica comprende la varianza genética (aditiva y no aditiva), la varianza ambiental permanente y la varianza ambiental temporal. Para un animal, con varias observaciones se asume una correlación genética entre todos los pares de registros, la igualdad de varianza para todos los registros y correlaciones ambientales iguales entre todos los pares de registros (Mrode, 2005).

De acuerdo con Dekkers, *et al.*, (2002), se puede obtener de tres maneras:

1. La repetibilidad es la fracción de la varianza fenotípica que es debido a los efectos permanentes, considerando como permanente a los efectos genéticos (A + D + I) y los efectos ambientales permanentes (PE). Despejando los componentes de varianza y mediante una correlación intra clase entre animales y repeticiones, se estima el parámetro genético como:

$$Re = (\sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I + \sigma^2_{PE}) / \sigma^2_P$$

$$= (\sigma^2_G + \sigma^2_{PE}) / \sigma^2_P$$

$$= (\sigma^2_A + \sigma^2_{PE}) / \sigma^2_P$$

Al ser el numerador la suma de la varianza genética aditiva y la varianza de ambiente permanente, la repetibilidad es mayor o igual a la heredabilidad.

2. La correlación entre los registros repetidos de un rasgo en el mismo animal es igual a la repetibilidad: $Re = r_{y_1 y_2}$
3. La regresión de un segundo registro en el primer registro de un animal es igual a la repetibilidad: $b = r_{y_1 y_2} \sigma_P / \sigma_P = r_{y_1 y_2} = Re$

2.7 Correlaciones genéticas

Existen tres causas de correlaciones entre características: fenotípicas, genéticas y ambientales. A su vez, la causa de una correlación genética es principalmente la pleiotropía y en otros casos, el ligamiento. **La pleiotropía** es la propiedad de un gen para afectar dos o más características. (Falconer y Mackay, 1996).

La estimación de las correlaciones genéticas es semejante a la estimación de la heredabilidad, partiendo de la similitud entre parientes, pero en este caso se busca descomponer los componentes de covarianza entre dos características,

mediante un análisis de covarianza, el cual se realiza en el mismo contexto que la heredabilidad, esto es, estructurando a la población con un grado de parentesco conocido que permita derivar las varianzas y covarianzas entre y dentro de familias para dos características (Becker, 1984).

En los efectos aleatorios se pueden incluir componentes genéticos, como son los valores genéticos aditivos (Falconer y Mackay, 1996), dominancia y desviaciones epistáticas, así como efectos ambientales permanentes. Todos estos factores contribuyen a las correlaciones entre parientes o entre registros longitudinales de características productivas (formas funcionales lineales).

2.8 Estudio Longitudinal

En un estudio longitudinal la misma característica se mide varias veces en el mismo animal e implica la existencia de medidas repetidas a lo largo de un periodo. Las medidas repetidas sobre el mismo animal están generalmente más relacionadas que dos mediciones en diferentes animales (Van der Werf, 2001). Una característica del estudio longitudinal de medidas repetidas es que tanto la variable de respuesta como el conjunto de covariables son medidas repetidamente a lo largo del tiempo con el propósito de conseguir la curva continua de cambio sobre el tiempo (Arnau–Gras, 2007).

Las mediciones repetidas en los sujetos en el trascurso del tiempo, permite hacer inferencia no sólo a nivel de la población sino también a nivel individual sobre cambios de un proceso en el tiempo considerado (Delgado y Llorca, 2004).

Los modelos lineales mixtos estiman tanto los valores esperados (efectos fijos) como las variancias y covariancias (efectos aleatorios) (Arnau–Gras, 2007). Un procedimiento relativamente nuevo para el estudio de estudios longitudinales

en producción animal dentro del contexto del enfoque mixto, es el *Modelo de Regresión Aleatoria* (Sheaffer, 2004).

2.9 Modelo de Regresión Aleatoria (MRA)

Un modelo utilizado en estudios longitudinales en producción animal, es el Modelo de Regresión Aleatoria (MRA) (Sheaffer, 2004), introducido por Henderson (1982) y Laird y Ware (1982). Este modelo ha permitido describir el comportamiento de una característica a través del tiempo y estimar valores genéticos. Algunas características para las cuales ha sido usado son: producción de leche en días de prueba, crecimiento en ovinos (Lewis y Brotherstone, 2002), curva de crecimiento en ganado bovino (Domínguez *et.al.*, 2011), características de conformación, condición corporal, consumo de alimento, peso y espesor de grasa dorsal en cerdos, velocidad en caballos de carreras, tamaño de camada en cerdos, entre otras posibles aplicaciones, así como interacción entre genotipo y el ambiente. (Schaeffer, 2004)

Una función de covarianza (FC) como función del tiempo, da la covarianza entre registros tomados entre un tiempo t_i y t_j como una función del tiempo; por lo tanto, al tener los coeficientes de regresión aleatoria en un intervalo de tiempo hacen posible la estimación continua del valor genético aditivo para cada animal en cualquier tiempo seleccionado (Meyer, 1998).

En MRA implícitamente se supone una estructura de covarianza entre las observaciones, la cual, es determinada por las covarianzas entre los coeficientes de regresión (Meyer, 1998).

Los coeficientes de regresión aleatoria son promedios en el tiempo o trayectorias de medidas repetidas que pueden modelarse por regresiones polinómicas, generalmente son tratadas como fijas para dar cuenta de las

tendencias generales o tendencias dentro de algunas clases fijas. De igual manera, se pueden ajustar coeficientes de regresión aleatoria para cada individuo, lo que permite ver la variación o trayectoria de cada individuo en el tiempo. (Laird y Ware, 1982; Henderson, 1982; Jamrozik y Schaeffer, 1997).

2.9.1 Estructura de un Modelo de Regresión Aleatoria

Sea y_i , el i -ésimo registro para un animal en el tiempo t_i , determinado por algún efecto fijo F , un conjunto de coeficientes de regresión aleatoria β_m en funciones $\phi_m(t_i)$ de $t_i (m = 0, \dots, k-1)$ y un error de medición ε_i

$$y_i = F + \sum_{m=0}^{k-1} \beta_m \phi_m(t_i) + \varepsilon_i$$

Esto da

$$Cov(y_i, y_j) = \sum_{m=0}^{k-1} \sum_{n=0}^{k-1} \phi_m(t_i) \phi_n(t_j) Cov(\beta_m, \beta_n) + Cov(\varepsilon_i, \varepsilon_j) = \beta(t_i, t_j) + Cov(\varepsilon_i, \varepsilon_j)$$

Donde $\beta(t_i, t_j)$ es la función de covarianza β debido a β evaluado para los tiempos t_i y t_j . Para regresiones sobre polinomios ortogonales de t , β es una FC como se describe por Kirkpatrick *et al.*, (1990), y k es el orden de ajuste polinómico. Para k igual al número de observaciones, la matriz de covarianza entre ellos dado por β es no estructura. (Meyer, 1998)

Los polinomios ortogonales en unidades estandarizadas se han recomendado como covariables por Kirkpatrick *et al.*, (1990). Estos polinomios reducen los errores de redondeo y reducen las correlaciones entre los coeficientes de regresión estimados. Una unidad estandarizada (x), oscila entre -1 a +1, y es derivado como:

$$x = \frac{2(t - t_{\min})}{(t_{\max} - t_{\min})} - 1$$

donde t_{min} es la primera fecha (o el primer tiempo medido) y t_{max} es la fecha más reciente (o el último tiempo medido), representado en los datos. Existen varios tipos de polinomios ortogonales, pero los polinomios de Legendre son los más utilizados (Kirkpatrick *et al.*, 1990). De acuerdo con Spiegel (1971), los primeros cinco polinomios de Legendre para la unidad estandarizada de tiempo (x) son:

$$P(x)^0 = 1$$

$$P(x)^1 = x$$

$$P(x)^2 = \frac{1}{2}(3x^2 - 1)$$

$$P(x)^3 = \frac{1}{2}(5x^3 - 3x)$$

$$P(x)^4 = \frac{1}{8}(35x^4 - 30x^2 + 3)$$

$$P(x)^5 = \frac{1}{8}(63x^5 - 70x^3 + 15x)$$

Los polinomios ortogonales de tiempo, tienen correlaciones más bajas entre los coeficientes y proporcionan estimaciones de las matrices de covarianza que tienden a ser más robustos sobre diferentes conjuntos de datos. La regresión en polinomios ortogonales de tiempo no requiere ninguna hipótesis previa acerca de la forma de la trayectoria a modelar, y la estructura de covarianza resultante, puede ser descrita por un FC propuesto por Kirkpatrick *et al.*, (1990). Por el contrario, FC genética y del medio ambiente pueden ser estimados por REML coeficientes regresión aleatoria apropiado para cada fuente de variación. Un modelo parsimonioso se puede determinar mediante una prueba de razón de verosimilitud (Meyer, 1998).

La varianza residual no se debe asumir que es constante desde t_{min} hasta t_{max} . El efecto residual también se conoce como un efecto del ambiente temporal.

Los cambios en la varianza residual pueden ser predecibles dependiendo de la trayectoria de los datos fenotípicos. Por lo tanto, se espera que la varianza residual aumente en una manera similar a la variación fenotípica. Varianzas residuales pueden ser ajustadas con una función de t, o se supone que tienen una estructura autorregresiva, o se pueden agrupar en intervalos, teniendo igualdad de la varianza dentro de los intervalos (Schaeffer, 2004).

Los supuestos sobre las distribuciones de y así como de otras variables aleatorias no son necesarias para calcular los mejores predictores lineales insesgados (BLUP) (Goldberger, 1962).

2.9.2 Modelo de análisis

En notación matricial:

$$y = Xb + Z\alpha + Z_D\gamma + \varepsilon$$

En donde: y es el vector de observaciones medidas en cada animal, b es el vector de efectos fijos, α el vector de coeficientes de regresión aleatoria genética-aditiva, γ el vector de coeficientes de regresión ambiente permanente, y ε el vector de efectos ambientales temporales. X , Z y Z_D son las correspondientes matrices de diseño de efectos fijos, efectos genéticos aditivos y ambiente permanente (Meyer, 1998).

2.9.3 Ventajas y Desventajas de los MRA

Ventajas

- En los MRA pueden ser utilizados en el análisis tanto animales que cuentan con muchos datos registrados y animales que pueden tener sólo unos cuantos (datos perdidos) (Schaeffer, 2004).
- Una interacción genotipo por ambiente implica que los animales se encuentran en diferentes entornos. Los MRA son útiles cuando los ambientes abarcan una gama de diferentes condiciones y no sólo unas pocas categorías (Schaeffer, 2004).
- Los MRA permiten el cálculo de varianzas y covarianzas en todos los tiempos medidos pudiendo hacer una predicción de heredabilidades y correlaciones de las características en cualquier punto a lo largo de una trayectoria, es decir, a cualquier momento (Meyer, 1998).
- En modelos de regresión aleatoria, se estima un coeficiente de regresión diferente para cada animal. Por lo tanto, cada animal tiene su propia pendiente, la cual se estima como un BLUP, dependiendo de la varianza de las pendientes, el valor de cría se deriva de la varianza de los valores de cría (Van der Werf, 2001), estas regresiones son ajustadas como una desviación de la curva promedio fija en la población (Meyer, 2000) y es posible predecir valores genéticos para cada punto de la curva (Albuquerque y Meyer, 2001; Nobre *et al.*, 2003 citado por Schaeffer, 2004).
- Los MRA definen mejor los efectos aleatorios, ya que usan directamente los datos e información de cada animal, sin transformaciones o ajustes arbitrarios y supuestos sobre la forma de la trayectoria o la estructura de varianzas y covarianzas (Meyer, 1998).
- Los MRA dan estimaciones de los valores genéticos menos insesgados (Schaeffer, 2004) con respecto al modelo de repetibilidad (Menéndez-Buxadera y Mota, 2008).

- En comparación con el enfoque de modelo multivariado, los modelos de regresión aleatoria resultan en estimaciones más suaves y menos sesgadas de varianzas y covarianzas (Kirckpatrick *et al.*, 1990) y se necesitan menos parámetros para describir los mismos datos en comparación con los modelos multivariados (Bugislaus *et al.*, 2006). Una ventaja adicional es la posibilidad de calcular (co) las diferencias entre o a cualquier distancia.

Desventajas de los MRA

- Un problema con todos los análisis MRA es elegir el intervalo de tiempo apropiado o edades para el estudio.
- Los modelos de regresión aleatoria ajustados con grados altos de polinomios necesitan una computadora con una mayor capacidad de memoria, lo que limita el número de observaciones a analizar. (Bugislaus *et al.*, 2006)

III. JUSTIFICACIÓN

La cría de caballos pura sangre para competencias reglamentadas ha generado una importante industria en México. Sin embargo, existe poca información sobre la estimación de factores ambientales y parámetros genéticos sobre la característica velocidad y por lo tanto no existe estimación de valores genéticos para dichos caballos en la República Mexicana. El conocimiento de los efectos genéticos, ambientales y la estimación de los valores genéticos permitirían a los criadores establecer un programa de mejoramiento genético.

IV. HIPÓTESIS

Los caballos de carreras de la raza pura sangre del Hipódromo de las Américas tienen un rendimiento diferentes en cada una de las seis distancias analizadas.

V. OBJETIVOS

5.1 Objetivo General

El objetivo del presente estudio es realizar una evaluación genética para la característica velocidad en caballos pura sangre a través de un modelo de regresión aleatoria.

5.2 Objetivos Específicos

1. Identificación de factores ambientales para la característica de velocidad en caballos pura sangre.
2. Estimación de parámetros genéticos (heredabilidad, repetibilidad y correlaciones genéticas) en función de los componentes de varianza, para la característica de velocidad en caballos pura sangre.
3. Estimación de valores genéticos aditivos de los caballos pura sangre que han corrido en el Hipódromo de las Américas.

VI. MATERIAL Y MÉTODOS

6.1 Origen y descripción de los datos

Los datos utilizados en el presente estudio, fueron obtenidos a través de los programas oficiales de carreras del año 2009 del Hipódromo de las Américas de la Ciudad de México, ubicado en Av. Industria Militar s/n, Col. Residencial Militar.

La unidad de estudio fue el caballo y la característica analizada: velocidad, calculada como distancia (m) / tiempo (s).

Se analizaron 2075 observaciones de 303 caballos de la raza pura sangre que corrieron en los años de 2007 a 2009. El pedigrí contenía 735 caballos de una generación.

En cada carrera se registró la siguiente información, para cada caballo: sexo (hembra, macho y macho castrado), edad (2 a 10 años), año de nacimiento (1999 a 2007), nombre del jockey (52 diferentes), peso del Jockey (49 a 59.5 kg), número de jockeys por caballo (1 a 7), cuadra (87 diferentes), entrenador (40 diferentes), distancia (1006, 1106, 1207, 1307, 1408 y 1609 metros (m)), tiempo del caballo en segundos, condición de la pista (rápida (ft), buena (gd), lodosa (my), encharcada (sy), lenta(sl)), época del año (primavera, verano, otoño e invierno), año de carrera (2007 a 2009) y velocidad (calculada como distancias(m) / tiempo(s)).

En el cuadro 6.1.1 del anexo, se muestra para cada una de las seis distancias analizadas: el número de observaciones, la velocidad mínima, máxima y la media con su error estándar. Como se observa en la distancias 1006, 1408 y 1609 se encuentra el menor número de observaciones.

En el cuadro 6.1.2 del anexo, se muestra el número de observaciones en cada nivel de los siguientes efectos: sexo, edad y condición de pista. Para el

efecto sexo, se observa un mayor número de machos. En el caso de edad, con el menor número de observaciones se encuentran las edades de 2, 8, 9 y 10 años y para condición de pista el 96.28% de los registros fueron en condición de pista rápida.

6.2. Identificación de factores ambientales significativos

Para la identificación de factores ambientales significativos, los cuales fueron incluidos en el modelo de regresión aleatoria para la evaluación genética, se probaron diferentes modelos mixtos de repetibilidad. Se consideraron efectos significativos aquellos cuyos valores de **P** fueron ≤ 0.05 .

Los efectos ambientales que fueron considerados fijos son: sexo, edad, año de nacimiento, número de jockeys por caballos, condición de pista, época del año, distancia y año de carrera. Como efectos aleatorios se consideraron: caballo, ambiente permanente, cuadra, entrenador, jockey y peso del jockey.

En una primera etapa, se probó cada efecto fijo por separado en diversos modelos, en todos, se incluyó al caballo y al ambiente permanente como efectos aleatorios. En esta primera etapa, los efectos de entrenador, cuadra, año de nacimiento y año de carrera, se eliminaron de los siguientes modelos por no ser significativos.

Posteriormente, se probaron diferentes modelos, de igual manera, en cada uno se incluyó al animal y al ambiente permanente, pero en estos se fueron incluyendo combinaciones entre efectos fijos y aleatorios.

El efecto ambiental peso del jockey se incluyó como covariable y efecto fijo, resultando no significativo al incluirlo como efecto fijo, tampoco fueron significativos la condición de pista y el jockey.

La época del año fue un efecto ambiental estadísticamente significativo, sin embargo, al incluirlo en el Modelo de Regresión Aleatoria (MRA) el ajuste fue mejor cuando no era considerado.

Por lo tanto, para la evaluación genética con MRA los efectos ambientales fijos que se incluyeron fueron; sexo, edad y número de jockey por caballo.

6.3 Modelo de análisis

Se evaluaron diversos MRA con diferentes ordenes de polinomio de Legendre que iban de 0 a 5 para cada uno de los efectos fijos (sexo, edad y número de jockey) y aleatorios (caballo y ambiente permanente).

La bondad de ajuste de los modelos se evaluó utilizando el valor de información de Akaike (AIC) (Akaike, 1973). $AIC = -\log(\text{maximum likelihood}) + 2(\text{number of model parameters})$. En el modelo que mejor se ajustó, se obtuvo un AIC de 215.527.

Por lo tanto, para la evaluación genética de la característica velocidad en las seis distancias estudiadas, se utilizó el siguiente Modelo de Regresión Aleatoria (MRA), aplicando el programa ASREML desarrollado por Gilmour *et al.*, (2000):

$$y = Xb + Z\alpha + Z_D\gamma + \varepsilon$$

En donde: y es el vector de observaciones medidas para la característica velocidad (m/s) de un caballo en una distancia obtenida; b es el vector de efectos fijos con X matriz de incidencia incluyendo una ecuación de regresión fija de orden $k=5$ para sexo (3 niveles), edad (9 niveles) y número de jockeys (7 niveles); α y γ son vectores de coeficientes de regresión aleatoria de orden $k=1$ para el efecto genético aditivo y ambiente permanente, respectivamente; ε es el vector de

efectos ambientales temporales; Z y Z_D son las correspondientes matrices de diseño de efectos genéticos aditivos y ambiente permanente. La dimensión de estos efectos aleatorios genéticos aditivos y ambiente permanente son el número de animales y número de animales con medidas repetidas, respectivamente.

Los componentes de varianza necesarios para la estimación de la heredabilidad, repetibilidad y correlación genética de la característica velocidad fueron estimados por máxima verosimilitud restringida en un modelo animal.

Para cada distancia se calculó:

- La heredabilidad: dividiendo la varianza genética aditiva (σ^2_A) entre la varianza fenotípica (σ^2_P).
- La repetibilidad: dividiendo la suma de las varianzas de efectos genéticos aditivos y ambientales permanentes (σ^2_{EP}) entre la varianza fenotípica.
- La correlación genética: dividiendo la covarianza del efecto genético aditivo para la distancia i y j entre la multiplicación de la desviación estándar del efecto genético aditivo de la distancia i por la desviación estándar del efecto genético aditivo j ($r_{AiAj} = (\sigma_{AiAj}) / (\sigma_{Ai} * \sigma_{Aj})$).

La evaluación de los valores genéticos aditivos para caballos de carreras pura sangre fueron estimados utilizando el mejor predictor lineal insesgado (BLUP) en un modelo animal, utilizando las observaciones de cada caballo en la característica velocidad.

La precisión de los valores genéticos aditivos se cálculo de la siguiente manera (Gilmour *et.al.*, 2009):

$$r_{AA} = \sqrt{\left(1 - \frac{s_i^2}{(1 + f_i)\sigma_A^2}\right)}$$

Donde: s_i es el error estándar reportado con el BLUP para el i -ésimo caballos, f_i es el coeficiente de consanguinidad y σ_A^2 es la varianza genética aditiva.

VII. RESULTADOS

7.1 Efectos fijos

Se llevó a cabo una comparación múltiple de medias (Tukey) para los efectos fijos sexo y edad. Se indicaron con diferente literal, aquellas medias significativamente diferentes ($P \leq 0.05$).

Para el efecto sexo se encontró diferencia significativa entre hembras ($15.61^b \pm 0.04$) y machos ($15.70^a \pm 0.03$), presentando estos últimos velocidades más altas. No hubo diferencia entre machos y machos castrados ($15.65^{ab} \pm 0.06$), tampoco entre hembras y castrados.

En el cuadro 7.1.1 se muestra las medias de velocidad en cada condición sexual en las seis distancias analizadas.

En la figura 7.1.1 se observa el comportamiento de la característica velocidad en cada uno de las tres condiciones sexuales a través de todas las distancias. Las diferencias en las velocidades entre machos y hembras se observan mejor a través de las distancias más largas.

Para el efecto edad, en las comparaciones múltiples de medias se encontró sólo diferencia entre los caballos de 3 años con respecto a 4, 5 y 6 años, presentando las velocidades más bajas.

En el cuadro 7.1.2 se muestran las medias y errores estándar de la característica velocidad para cada edad.

7.2 Parámetros genéticos por distancia

En el cuadro 7.2.1 se muestra la heredabilidad y la repetibilidad con sus respectivos errores estándar para cada una de las seis distancias analizadas.

En la figura 7.2.1 se muestra la representación de la trayectoria de la heredabilidad y repetibilidad en cada una de las distancias.

En la figura 7.2.2 se muestra la representación de las varianzas genética aditiva, ambiente permanente y fenotípica para las seis distancias analizadas. Se puede observar que las tres varianzas aumentan conforme aumenta también la distancia.

Como se muestra en la figura 7.2.3 los resultados del modelo de regresión aleatoria proporcionan una ecuación para cada caballo, que contiene a_i (m_0 , m_1). Con la transposición de estos elementos y los correspondientes Φ_j (polinomios de Legendre) coeficientes, los valores genéticos de cada caballo en cada distancia pueden predecirse (6 estimaciones para cada caballo).

Una vez obtenidos los valores genéticos aditivos, se creó una base de datos con los valores genéticos de los caballos para cada una de las seis distancias evaluadas, posteriormente, se identificó a los mejores caballos para cada distancia, es decir, los caballos con los valores genéticos más altos. Por ejemplo, se encontró que el caballo Núm. 1916 presentó altos valores genéticos para las distancias 1207 ($r_{AA} = 0.93$) a 1609 m ($r_{AA} = 0.58$) pero valores genéticos bajos para 1106 ($r_{AA} = 0.99$) y 1006 m ($r_{AA} = 0.92$), resultados similares fueron observados en el caballo Núm. 327. En el caso contrario, el caballo Núm. 8 presentó los valores genéticos más altos para las distancias más cortas, 1006 ($r_{AA} = 0.92$) a 1207 m ($r_{AA} = 0.92$), similar al caballo Núm. 2312.

Como se observa en la figura 7.2.4 las correlaciones genéticas entre las distancias oscilan entre -0.07 a 0.99. Los valores de correlación más altos se obtuvieron entre las distancias más cercanas y valores menores entre distancias más alejadas.

VIII. DISCUSIÓN

La superioridad en la velocidad de los machos con respecto a las hembras observada en el presente estudio, fue similar a lo reportado por Mota *et al.*, (1998; 2005) y por Menéndez-Buxadera y Mota (2008) en caballos pura sangre brasileños, también fue reportado en caballos trotones para características relacionadas con el tiempo de carreras (Ojala y Hellman, 1987; Saastamoinen y Ojala, 1991) y en caballos cuartos de milla (Buttram *et al.*, 1988; Villela *et al.*, 2002). Las diferencias en el tiempo de las carreras entre los sexos suelen reflejar diferentes características fisiológicas entre machos y hembras (Jelinek, 1988).

En el presente estudio se observó un efecto significativo de la edad ($P < 0.05$) sobre la velocidad; puesto que la velocidad de los caballos de 3 años (15.52 ± 0.04) es significativamente menor con respecto a los de 4 años (15.75 ± 0.04), 5 años (15.85 ± 0.05) y 6 años (15.80 ± 0.06) de edad. Resultados similares fueron reportados por Schurink *et al.*, (2009), además, ellos determinaron que la velocidad de los caballos de 6 años en comparación con los de 7, 8, y 9 años tiende a disminuir. Varios estudios demostraron que el tiempo de carrera disminuye y, por lo tanto, la velocidad aumenta con la edad en caballos cuartos de milla (Mota y Abrahão, 2004), pura sangre (Oki *et al.*, 1994; Martin *et al.*, 1996; Ekiz *et al.*, 2005), caballos trotadores (Bugislaus *et al.*, 2006), y caballos árabes (Ekiz y Koçak, 2005). En caballos pura sangre brasileños, los caballos de 4 años fueron significativamente más rápidos para todas las distancias, en especial para las distancias de 1500 m y 1600 m, siendo 0.164 s y 0.220 s superiores, respectivamente. En el caso contrario, los caballos mayores a 5 años fueron inferiores, siendo en la distancia de 1600 m donde mostraron un bajo rendimiento de 0.287 s (Mota *et al.*, 2005).

Existen factores que pueden estar relacionados a la edad del caballo que causan las diferencias de comportamiento: el estado fisiológico del animal (relacionada con el nivel de madurez de los animales, la formación y sus experiencias previas en la pista), la preselección en caballos jóvenes a participar en largas distancias, la interacción con el jinete-caballo y el control más estricto de los caballos jóvenes en las carreras (en comparación con los adultos) para evitar lesiones (Gómez *et al.*, 2010).

Esta influencia de la edad en las estimaciones de los valores de heredabilidad para la velocidad se ha demostrado previamente por otros autores en caballos trotadores por distancia (Katona y Distl, 1989) y el uso de MRA (Bugislaus *et al.* 2006). En las carreras de trotadores, al igual que con los pura sangre, caballos jóvenes suelen comenzar su carrera como piloto de pruebas de velocidad y competir en distancias cortas antes de tomar la decisión de competir con ellos en largas distancias o para que se retiren. Todos los caballos pueden competir en carreras cortas que incluyen no sólo velocistas verdaderos sino también caballos resistentes, que participan principalmente para ganar aptitud para carreras futuras (Bakhtiari y Kashan, 2009).

En el presente estudio con respecto a los componentes de varianza, la varianza genética aditiva osciló entre 0.07 a 0.44, la varianza de ambiente permanente se encontró entre 0.01 y 0.26, y para el caso de la varianza ambiental de 0.04 a 0.68. Como se observa en la figura 7.2.2 a partir de la distancia 1106 m, las tres varianzas tienden a aumentar conforme aumenta la distancia; estos resultados coinciden con el estudio de Menéndez-Buxadera y Mota (2008), donde reportaron un incremento en las varianzas genéticas, fenotípicas y de ambiente permanente conforme la distancia aumenta. Sin embargo, difieren a otros estudios en cuanto a la varianza genética aditiva y ambiente permanente; en caballos brasileños se determinó una varianza genética aditiva de 0.37 en 1000 m y 0.06 en 1600 m y una varianza de ambiente permanente de 0.33 en 1000 m y 0.16 en

1600 m con tendencia a disminuir al aumentar la distancia de carrera, mientras que la variación ambiental prácticamente se duplicó desde 1000 m (0.56) hasta 1600 m (1.09) (Mota *et al.*, 2005). Un comportamiento similar fue reportado por Oki y Sasaki (1995) en caballos pura sangre de Japón para la varianza genética aditiva (media de 0.29 en 1000 m y 0.14 en 1600 m obtenidos para las pistas de arena y césped), pero no para la varianza ambiental permanente que varió poco al aumentar la distancia (media de 0.61 en 1000 m y 0.65 en 1600 m).

En cuanto a las estimaciones de heredabilidad fueron similares a Velie *et al.*, (2006) quienes obtuvieron una heredabilidad alta para la característica: mejor distancia de carrera (0.61 ± 0.03), las heredabilidades estimadas en el presente estudio fueron 0.18 ± 0.06 , 0.57 ± 0.09 , 0.61 ± 0.07 , 0.42 ± 0.06 , 0.37 ± 0.08 y 0.32 ± 0.05 para 1006, 1106, 1207, 1308, 1408 y 1609 m, respectivamente. Como se puede observar a partir de la distancia 1207 m la heredabilidad tiende a disminuir, esta tendencia ha sido reportada por Buttram *et al.*, (1988); Oki y Sasaki (1995); Mota *et al.*, (2005), indicando que la selección basada en el tiempo de carreras se vuelve menos eficaz al aumentar la distancia de carrera ya que en distancias cortas los caballos pueden mostrar mejor su potencial genético. Mota *et al.*, (2005) encontraron: $h^2=0.29 \pm 0.023$ para 1000 m y $h^2=0.05 \pm 0.010$ para 1600 m. Buttram *et al.*, (1988) y Oki y Sasaki, (1995) afirman que cuanto más larga es la distancia de carrera, los factores ambientales influyen más en el rendimiento del caballo. En este sentido, debe haber una distancia relativamente corta (tal vez 1000 m), en la cual un caballo puede correr rápido instintivamente, simplemente como su morfología y fisiología lo hacen posible (Mota *et al.*, 2005).

Las estimaciones de heredabilidad en otros estudios para los tiempos del ganador son muy variadas y van de 0 a 0.49 (Oki *et al.*, 1995; Ekiz *et al.*, 2005; Mota *et al.*, 2005; Mota, 2006; Bakhtiari y Kashan 2009; Thiruvankadan *et al.*, 2009). Menéndez-Buxadera y Mota (2008), obtuvieron una heredabilidad que fue constante en distancias de 1000 a 1200 m ($h^2 = 0.22$ a 0.21), observando una

marcada reducción en 1600 m ($h^2=0.10$). Gómez *et al.*, (2010) en caballos trotones españoles, en estudio de distancias de 1600 a 2700 m comparando un grupo de caballos jóvenes y adultos, obtuvieron una heredabilidad más altas en el grupo de jóvenes en distancias cortas ($h^2 = 0.34$ para 1600 m) disminuyendo en distancias más largas ($h^2 = 0.12$ para 2500 m). En el grupo de caballos adultos la heredabilidad varió de 0.13 en 1.600 m a 0.28 en 2.700 m.

Los índices de constancia o de repetibilidad (Re) estimados en el presente estudio fueron de 0.24 ± 0.06 , 0.66 ± 0.04 , 0.71 ± 0.04 , 0.56 ± 0.06 , 0.54 ± 0.09 y 0.51 ± 0.06 para las distancias de 1006, 1106, 1207, 1308, 1408 y 1609 m, respectivamente. Similares a lo reportado por Oki y Sasaki (1995), las cuales van de 0.50 en 1400 m a 0.70 en 1000 m en el análisis de las distancias de 1000 a 1600 m. Como se puede observar, a partir de la distancia 1207 m la Re tiende a disminuir con el aumento de distancia de carrera. Esto también fue reportado por Mota *et al.*, (2005) (0.63 ± 0.02 en 1000 m y 0.19 ± 0.010 en 1600 m). Por el contrario, las estimaciones de repetibilidad reportadas por Gómez *et.al.*, (2010) fluctúan en valores que van desde 0.31 hasta 0.48 en los animales jóvenes y de 0.34 a 0.47 en los caballos adultos.

Las estimaciones de repetibilidad en otros estudios van de 0 a 0.70 para los tiempos del ganador (Oki *et al.*, 1995; Ekiz *et al.*, 2005; Mota 2006; Bakhtiari y Kashan 2009; Thiruvankadan *et al.*, 2009).

La diferencia entre las estimaciones de repetibilidad y heredabilidad corresponde a la porción de la varianza fenotípica atribuible a los efectos ambientales permanentes. Estos efectos, pueden ser la influencia de la raza, las lesiones y el estado nutricional de los animales durante las fases tempranas de la vida (Mota *et al.*, 1998).

Las correlaciones genéticas obtenidas en el presente estudio oscilan entre -0.07 y 0.99, resultados similares fueron obtenidos por Gómez *et al.*, (2010) en caballos trotones españoles, en distancias de 1600 a 2700 m, quienes obtuvieron una correlación genética en caballos jóvenes que varió de 0.17 hasta 0.99 y en adultos de 0.68 a 0.99, pero disminuyeron cuando las diferencias entre las distancias eran mayores a 400 m. Los valores de correlación más altos se obtuvieron entre las distancias t adyacentes y el menor entre las distancias más separadas. Por lo tanto, los efectos de los genes que actúan de la misma manera a diferentes distancias pueden ser considerados altos. Estos resultados fueron similares a los reportados por otros autores (Oki *et al.*, 1997; Mota 2006; Sobczynska 2006; Menéndez-Buxadera y Mota, 2008; Bakhtiari y Kashan, 2009). De acuerdo a estos últimos, estas correlaciones altas y positivas sugieren una base genética que afecta a la característica en todas las distancias.

Entre los factores ambientales considerados en la mayoría de los estudios, son el jockey y el peso del mismo. En el presente estudio, ninguno de estos dos efectos tuvo un efecto significativo sobre la velocidad, esto difiere de otros estudios que afirman que el jockey puede estar influyendo en el rendimiento de los caballos mientras las carreras se hacen más largas, ya que pueden alterar el ritmo de la carrera y así contribuir, aunque sea indirectamente, a las diferencias en los tiempos de carrera. Esta sería una forma en la que el ambiente contribuye mayormente en carreras más largas que las más cortas (Mota *et al.*, 2005; Bugislaus *et al.*, 2006; Sobczynska 2006; Bakhtiari y Kashan, 2009). Velie *et al.*, (2006) también encontraron un efecto significativo en el Jockey para todas las distancias (1000 – 2000 m) para la característica tiempo del ganador.

Algunas investigaciones han demostrado que el peso del Jockey es factor que debe ser considerado en modelo de análisis (Oki *et al.*, 1997; Mota y Abrahao, 2004). Este factor es tomado en cuenta por las asociaciones y la organización de competencias, aplicando restricciones al peso de los Jockeys.

De acuerdo con Gómez *et al.*, (2010) la selección precoz, es decir, basada en distancias cortas, será positiva para el resto de las distancias. Sin embargo, por la diferencia entre los animales seleccionados en las diferentes distancias, la selección tiene que estar basada en la distancia en la que los caballos van a participar. Ellos encontraron animales que muestran un rendimiento estable sobre toda la trayectoria de distancias, y otros animales que son mejores, desde el punto de vista genético, para carreras de corta o de larga distancia. Observaron que los caballos que mostraron, el mejor valor genético a distancias largas (2700 m) o cortas (1600 m), ambos eran inadecuados a las otras distancias, estos resultados coinciden con los del presente estudio. Debido a ello, los referidos investigadores, afirmaron que en la población analizada hay algunas variaciones genéticas en la trayectoria de las distancias y que se deben tener en cuenta para un proceso de selección eficiente en los caballos trotones españoles.

IX. CONCLUSIÓN

Fue posible lograr el objetivo general y los objetivos específicos propuestos en este estudio.

Los resultados muestran que existe variabilidad genética en los caballos de carreras pura sangre del Hipódromo de las Américas, así como una influencia importante de varios factores ambientales en cada carrera y en cada distancia; por esta razón, las estimaciones de repetibilidad y heredabilidad varían en cada distancia. Se puede afirmar que la característica velocidad debe ser considerada como una característica diferente en cada distancia.

Puesto que el Modelo de Regresión Aleatoria (MRA) es capaz de proporcionar los valores genéticos aditivos de los caballos para cada distancia, esto permite la identificación de una mayor proporción de caballos seleccionados como mejoradores en cada una de las distancias de carreras, es decir, se puede identificar aquellos caballos que son mejores para distancias cortas o largas, o bien, que se desempeñan igual en ambas distancias. Por ello, se concluye que un valor genético único podría limitar la selección de los caballos.

La estimación de un valor de alta heredabilidad para la característica velocidad, proporciona evidencia de la variabilidad genética significativa en el rendimiento de los caballos de carreras pura sangre y con ello se puede esperar una respuesta favorable en la selección.

X. REFERENCIAS

1. Akaike H., 1973. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In: B.N. Petrov, F. Csaki (eds), Proceedings of the 2nd International Symposium on Information Theory. Akademiai Kiado, Budapest, Hungary, pp. 267–281.
2. Albuquerque, L.G., Meyer, K., 2001. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. *J. Anim. Sci.* 79, 2776–2789.
3. Arnason Th. 2001. Trends and asymptotic limits for racing speed in standardbred trotters. *Livest. Prod. Sci.*, 72, 135–145.
4. Arnau–Gras, J. 2007. Estudios longitudinales de medidas repetidas. modelos de diseño y de análisis. *Avances en Medición*, 5, 9–26.
5. Bakhtiari J., Kashan N.E.J., 2009. Estimation of genetic parameters of racing performance in Iranian Thoroughbred horses. *Livest. Sci.*, 120, 151–157.
6. Bampton PR, 1992. Best Lineal Unbiased Predictor for pigs-the commercial experience. *Pig News Inf* 13(3):125-129.
7. Becker, W.A. 1984. *Manual of Quantitative Genetics*. Publishery by Academic Enterprises. USA
8. Bertrand, J.K., and Wiggans, G.R. 1998. Validation of data and review of results from genetic evaluation systems for US beef and dairy cattle. *Proc. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.* 27:425–432.
9. Bourdon, R. M. 1997. *Understanding Animal Breeding*. Prentice Hall, Inc. New Jersey, USA. 523 p.
10. Bugislaus A.E., 2010. Genetic analysis of distance-dependent racing performance in German Thoroughbreds. *Archiv Tierzucht* 53, 6, 629-638, ISSN 0003-9438.

11. Bugislaus A.E., Roehe R., Uphaus H., Kalm E., 2004. Development of genetic models for estimation of racing performance in German thoroughbreds. *Arch. Tierz., Dummerstorf* 47, 6, 505-516.
12. Bugislaus A.E., Roehe R., Willms F., Kalm E., 2006. The use of a random regression model to account for change in racing speed of German trotters with increasing age. *J. Anim. Breed. Genet.*, 123, 239–246.
13. Buttram S.T., Wilham R.L., Wilson D.E., Heird T.C., 1988. Genetics of racing performance in the American Quarter horse. I. Description of the data. *J. Anim. Sci.*, 66, 2791–2799.
14. Buxadera M.A. y Mota S.M.D. 2008. Variance component estimations for race performance of thoroughbred horses in Brazil by random regression model. *Livestock Science* 117, 298-307.
15. Caraballo, M.J. 1997. Estima de componentes de varianza. Kn: VII Curso Internacional sobre Mejora Genética Animal. Madrid, pp 38. *CROPSCI.* 46:2685–2691.
16. Dekkers J.C.M, Schaeffer L.R., Kennedy, 2002. Partitioning performance, chapter 4, Notes for fall. *Advanced Animal Breeding*.
17. Delgado R.M. y Llorca D.J. 2004. Estudios longitudinales: concepto y particularidades. *Rev. Esp. Salud Publica.*, vol.78, n.2, pp. 141-148.
18. Domínguez V.J., Rodríguez A.F.A, Núñez D.R., Ortega G.J.A., Ramírez V.R, Santellano E.E., Espinosa V.J.L. 2011. Ajuste de modelos de regresión aleatoria en evaluaciones genéticas de bovinos tropicarne adjustment of random regression models on genetic evaluations of tropicarne cattle. *Agrociencia* 45:325-337.
19. Ekiz B., Kocak O., 2005. Phenotypic and genetic parameter estimates for racing traits of Arabian horses in Turkey. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122, 349–356.
20. Ekiz, B., Kocak O., Yilmaz A. 2005. Phenotypic and genetic parameters for racing trait of Thoroughbred horses in Turkey. *Arch. Tierz. Dummerstorf* 48, 121-129.

21. Erling S., Birgitta M. 2006. Genetic Evaluation, Dept of Animal Breeding and Genetics Swedish University of Agricultural Sciences, Uppsala, Sweden, 06-14.
22. Falconer, D. S. 1989. Introduction to quantitative genetics. 3rd Ed. Longman Sci. and Tech. Harlow, U.K.,
23. Falconer, D.S. y T.F.C. MACKAY 1996. Introduction to quantitative genetics. Logman, England, 464 pp.
24. Fitzhugh, H.A. 1976. Analysis of growth curves and strategies for altering their shape. J. Anim. Sci. 42, 1036-1051.
25. Gianola, D. 2002. Los métodos estadísticos en el mejoramiento genético. pp. 61-90. In Genética Animal: contribuciones en homenaje al Profesor Ing. Agr. Jaime Rovira. Ricardo Cardellino and Roberto Cardellino, Eds. Hemisferio Sur, Montevideo. ISBN 9974-39-433-3
26. Gilmour A.R., Cullis B.R., Welham S.J., Thompson R. 2000. ASREML Reference Manual. NSW Agric. Biom. Bull. NSW Agriculture, Locked Bag. Orange, NSW, 2800, Australia.
27. Gilmour A.R., Gogel B.J., Cullis B.R., Thompson R. 2009. ASREML User Guide, Release 3.0, VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK.
28. Goldberger, A.S., 1962. Best linear unbiased prediction in the generalized linear regression model. J. Am. Stat. Assoc. 57, 369– 377.
29. Gómez M.D., Menendez-Buxadera A., Valera M. y Molina A., 2010. Estimation of genetic parameters for racing speed at different distances in young and adult Spanish Trotter horses using the random regression model. J. Anim. Breed. Genet. ISSN 0931-2668.
30. Guerra, D., Diéguez, F.J., Santana, I., Gerardo, L. y Trujillo, G. 1992. Parámetros genéticos y fenotípicos de una raza sintética paterna de cerdos. Revista Cubana de Ciencia Agrícola, 26:11-16.
31. Henderson Jr., C.R. 1982. Analysis of covariance in the mixed model: higher level, nonhomogeneous, and random regressions. Biometrics 38, 623– 640.

32. Henderson, C. R. 1976. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. *Biometrics* 32:69.
33. Henderson, C. R. 1977. Best linear unbiased prediction of breeding values not in the model for records. *Journal of Dairy Science*. Vol. 60 No. 5; p.783.
34. Henderson, C. R. 1973. Maximum likelihood estimation of variance components. Unpublished manuscript, Department of Animal Science, Cornell University, Ithaca, N.Y., 14850.
35. Jamrozik J, Schaeffer LR. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first lactation Holsteins. *J Dairy Sci*. 80(4):762-70.
36. Jelinek J., 1988. Differences in the manifested racing performance of the English Thoroughbred: evaluation of horses of different sexes and years of birth by parametric and nonparametric test. *Sci. Agricult. Boheaca*, 2, 131–138.
37. Katona O., Distl O., 1989. Sire evaluation in German trotter (standardbred) population. In: B. Langlois, (Ed), *State of Breeding Evaluation in Trotters*. EAAP Publ. No 42. Wageningen Pers, Wageningen, pp. 55–61.
38. Kirkpatrick, M., Lofsvold, D., Bulmer, M., 1990. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. *Genetics*. 124, 979–993.
39. Laird, N.M., Ware, J.H., 1982. Random effects models for longitudinal data. *Biometrics* 38, 963–974.
40. León, E., 2006. El blup en el mejoramiento genético del cerdo. reseña bibliográfica. Instituto de Investigaciones Porcinas Gaveta Postal #1, Punta Brava, La Habana, CUBA.
41. Lewis R.M. and Brotherstone S., 2002. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques, *Animal Science*, 74:63-70.
42. Long T, RK Johnson and JW Keele, 1991. Effects of selection of data on estimates of breeding values by three methods for litter size, backfat and average daily gain in swine. *J Anim Sci* 69(7):2789-2794.

43. Lynch, M. y Walsh B. 1998. Genetics and Analysis of Quantitative Traits. Sinauer Associates, Sunderland M.A. USA. 980 p
44. Martin G.S., Strand E., Kearney M.T., 1996. Use of statistical models to evaluate racing performance in Thoroughbreds. J. Amer. Vet. Med. Assoc., 209, 1900–1906.
45. Menendez-Buxadera A.M., Mota M.D.S., 2008. Variance component estimations for race performance of Thoroughbred horses in Brazil by random regression model. Livest. Sci., 117, 298–307.
46. Meyer, K. 2000. Random regressions to model phenotypic variation in monthly weights of Australian beef cows. Livest. Prod. Sci. 65:19–38.
47. Meyer, K. 1998. Modeling repeated records: covariance functions and random regression models to analyse animal breeding data. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. 25:517-520.
48. Meyer, K., 1990. Present status of knowledge about statistical procedures and algorithms to estimate variance and covariance components. 4th World Congress on Genet. Applied to Livest. Prod. Edinburgh. p 403.
49. Montaldo V.H.H y Barría P.N. Mejoramiento Genético de Animales (1998). Ciencia al Día, No. 2, Vol 1.
50. Mota , M.D.S., Abrahão A.R. y Oliveira H.N., 2005. Genetic and environmental parameters for racing time at different distances in Brazilian Thoroughbreds. J. Anim. Breed. Genet. ISSN 0931-2668.
51. Mota M.D.S., Oliveira H.N., Silva R.G., 1998. Genetic and environmental factors that affect the best time of Thoroughbred horses in Brazil. J. Anim. Breed. Genet., 115:123–129.
52. Mota, M.D.S., 2006. Genetic correlations between performance at different racing distances in Thoroughbreds. Livest. Prod. Sci. 104, 227–232.
53. Mota, M.D.S., Abrahão, A.R., 2004. Environment factors affecting time in Quarter horse races. Arch. Zootec. 53, 95–98.
54. Mrode, R.A., 2005. Linear models for the prediction of animal breeding values. 2 ed.

55. Nobre, P. R. C., I. Misztal, S. Tsuruta, J. K. Bertrand, L. O. C. Silva, and P. S. Lopes. 2003. Analyses of Growth Curves of Nelore Cattle by Multiple Trait and Random Regression Models. *J. Anim. Sci.* Vol. 81 No. 4, p. 918-926.
56. Ojala M.J., Hellman T., 1987. Effects of year, sex, age and breed on annually summarized race records for trotters in Finland. *Acta Agric. Scand.*, 37, 463–468.
57. Oki H., Sasaki Y., 1995. Estimation of Genetic Trend in Racing Time of Thoroughbred Horses in Japan. Equine Research Institute, Setagaya-Ku, Tokyo, 154.
58. Oki, H., Sasaki, Y., William, R.L., 1995. Genetic parameters estimation for racing time by restricted maximum likelihood in Thoroughbred horses of Japan. *J. Anim. Breed. Genet.* 112, 146–150.
59. Oki H., Sasaki Y., Wilham R.L. 1994. Genetic of racing performance in the Japanese Thoroughbred Horses: II. Environmental variation of racing time on turf and dirt tracks and the influence of sex, age, and weight carried on racing time. *J. Anim. Breed. Genet.*, 111, 128–137.
60. Oki, H., Sasaki, Y., William, R.L., 1997. Estimation of genetic correlations between racing time recorded at different racing distances by restricted maximum likelihood in Thoroughbred race horses. *J. Anim. Breed. Genet.* 114, 185–189.
61. Patterson, H.D. y Thompson, R. 1971. Recovery of inter-block information when block size are unequal. *Biometrika*, 58:545-554.
62. Ravangolo, O., G. Rovere, I. Aguilar, D. Gimeno, y D. La Buonora. 2002. Evaluación Genética Nacional Raza Holando. Boletín Técnico. Instituto Nacional para el Mejoramiento Lechero. Facultad de Agronomía. Instituto Nacional de Investigaciones. Montevideo, Uruguay. 59 p.
63. Ricard, A., 1998. Developments in the genetic evaluation of performance trait in Horse. 6° Worl Congress of Genetic, Australia, 4 pag.

64. Saastamoinen M.T., Ojala M.J., 1991. Estimates of genetic and phenotypic parameters for racing performance in young trotters. *J. Agric. Sci. Finland*, 41, 427–436.
65. Schaeffer L.R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. *Livestock Production Science* 86, 35-45.
66. Schaeffer L.R. 2010. *Animal Models. Notes of teaching course*, Guelph, Canada.
67. Schurink A., Theunissen M.C.J., Ducro B.J., Bijma P., M. van Grevenhof E. 2009. Identification of environmental factors affecting the speed of purebred Arabian racehorses in The Netherlands. *Livestock Science* 125, 97–100
68. Sobczynska M. 2006. Genetic correlations between racing performance at different racing distances in Thoroughbred and Arab horses. *Czech J. Anim. Sci.*, 51, 523-528.
69. Spiegel, M.R. 1971. *Finite differences and difference equations*, Schaum's.
- Thiruvankadan A.K., Kandasamy N., Panneerselvam S. 2009. Inheritance of racing performance of trotter horses: an overview. *Livest. Sci.*, 124, 163–181.
70. Thompson R., Brotherstone S., y White I.M.S., 2005. Estimation of quantitative genetic parameters. *Phil. Trans. R. Soc. B*, 360, 1469-1477.
71. Van der Werf. J., 2003, *Models and Methods for Genetic Analysis*. Armidale Animal Breeding Summer Course. Part 2.
72. Van der Werf. J. 2001. *Random regression in animal breeding*. Jaboticabal, SP Brazil.
73. Velie B. D., Hamilton N. A. and Wade C. M., 2006. Heritability of racing performance in the Australian Thoroughbred racing population. *Animal genetics, Immunogenetics, Molecular Genetics and Functional Genomics*, 10.1111/age 12234.
74. Villeta L.C.V., Mota M.D.S., Oliveira H.N. 2002. Genetic parameters of racing performance traits of Quarter horses in Brazil. *J. Anim. Breed.*

75. Webb AJ and PR Bampton, 1988. Impact of the new statistical technology on pig improvement. In Anim. Breed. Oppor. An Occasional Publication of the British Society of Animal Production jointly with the British Poultry Breeders Roundtable 12:111-128.
76. Wiggans, G. R., and N. Gengler. 2002. Evaluation and Methods. In: Genetic Selection. Ency. Dairy Sci. Fox, P., and Fuquay, J. (ed.). Elsevier Science Ltd. Academic Press. London United Kingdom. 2: 1207-1212.

XI. CUADROS Y FIGURAS

Cuadro 6.1.1 Número de observaciones, mínimo, máximo, medias y errores estándar de velocidad para cada distancia.

Distancia m	Número de observaciones	Mínimo m/s	Máximo m/s	Media±E.E
1006	96	11.69	17.28	15.75±0.07
1106	411	13.01	17.84	15.76±0.02
1207	792	12.73	17.74	15.73±0.02
1308	499	12.43	18.94	15.75±0.02
1408	155	14.67	20.7	15.55±0.04
1609	122	14.37	21.74	15.52±0.11

Cuadro 6.1.2. Número de observaciones para cada nivel de las variables sexo, edad y condición de pista

Variable	Número de observaciones
Sexo	
Macho	189
Hembras	92
Castrados	22
Edad	
2	5
3	141
4	70
5	43
6	25
7	9
8	8
9	1
10	1
Condición de pista	
Rápida	1993
Buena	24
Lodosa	44
Encharcada	1
Lenta	13

Cuadro 7.1.1 Medias de la característica velocidad para los tres sexos en cada distancia.

Distancia	Machos	Hembras	Castrados
1006	15.9	16.15	15.99
1106	15.94	15.91	15.89
1207	15.86	15.83	15.78
1308	15.75	15.74	15.65
1408	15.69	15.55	15.52
1609	15.09	14.79	14.79

Cuadro 7.1.2 Medias y errores estándar de la característica velocidad para cada edad

Edad	Medias \pmError estándar
9	15.46 ^{ab} \pm 0.28
10	15.51 ^{ab} \pm 0.27
3	15.52 ^b \pm 0.04
8	15.68 ^{ab} \pm 0.10
7	15.70 ^{ab} \pm 0.10
2	15.71 ^{ab} \pm 0.19
4	15.75 ^a \pm 0.04
6	15.80 ^a \pm 0.06
5	15.85 ^a \pm 0.05

Cuadro 7.2.1 Heredabilidades y Repetibilidades más E.E por distancia

Distancia	Heredabilidad	Repetibilidad
1006	0.18 ± 0.06	0.24 ± 0.06
1106	0.57 ± 0.09	0.66 ± 0.04
1207	0.61 ± 0.07	0.71 ± 0.04
1308	0.42 ± 0.06	0.56 ± 0.06
1408	0.37 ± 0.08	0.54 ± 0.09
1609	0.32 ± 0.05	0.51 ± 0.06

Comportamiento del sexo en las distancias

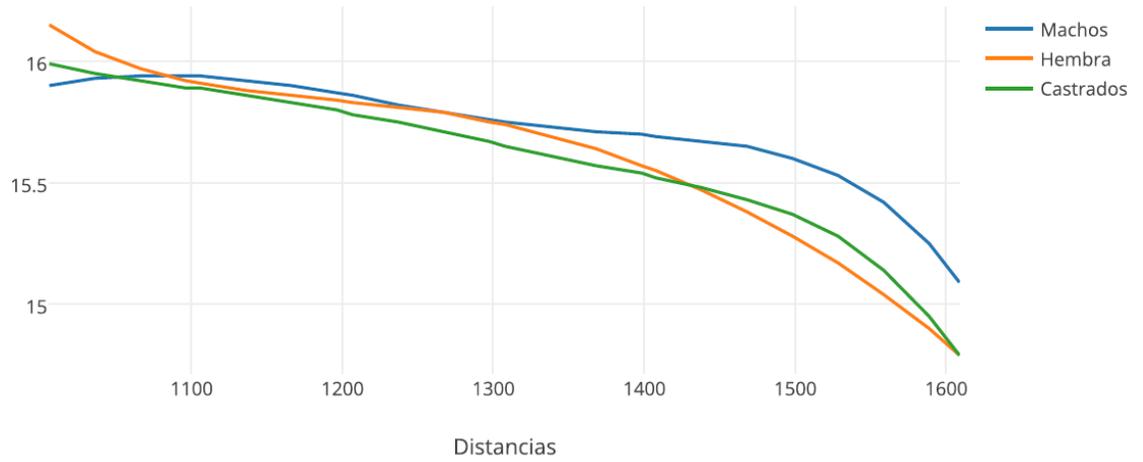


Figura 7.1.1 Representación del comportamiento de la característica velocidad a través de las distancias de los tres sexos (machos, hembras y castrados).

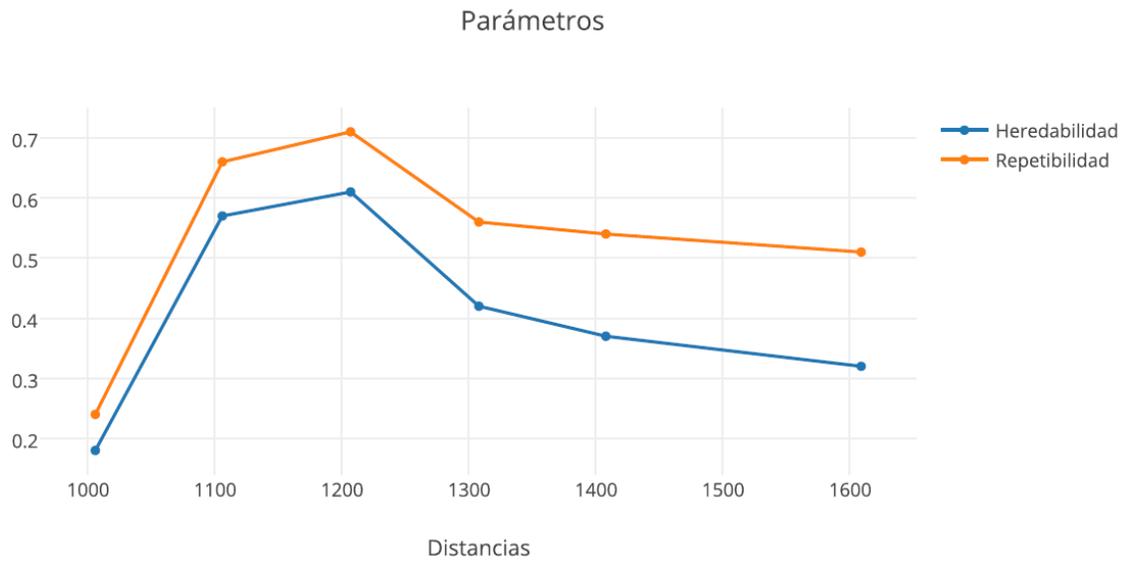


Figura 7.2.1 Valores de heredabilidad y repetibilidad en las diferentes distancias en caballos de carreras pura sangre.

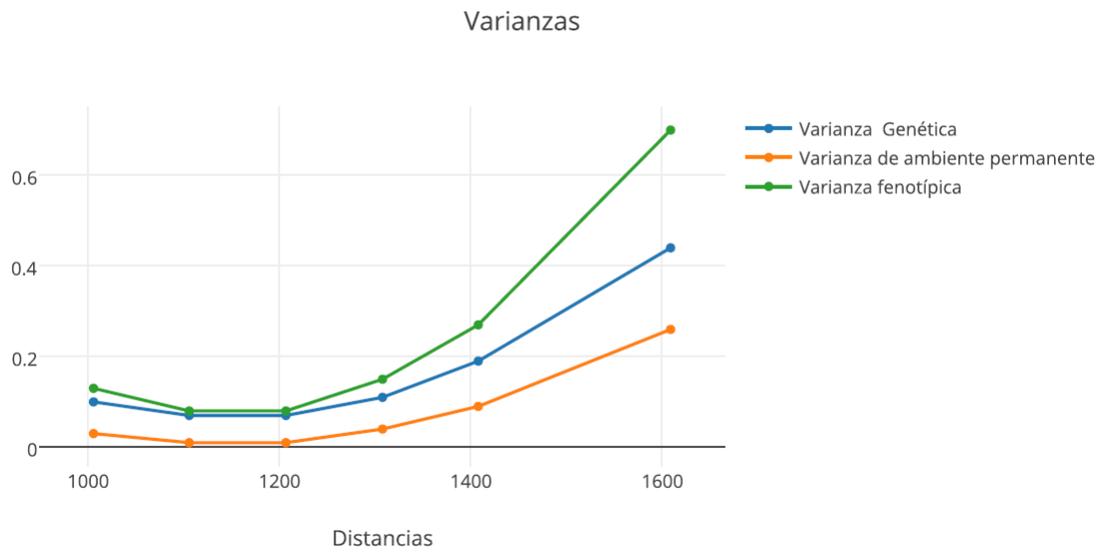


Figura 7.2.2 Varianzas genéticas, varianza de ambiente permanente y varianza fenotípica a través de las diferentes distancias.

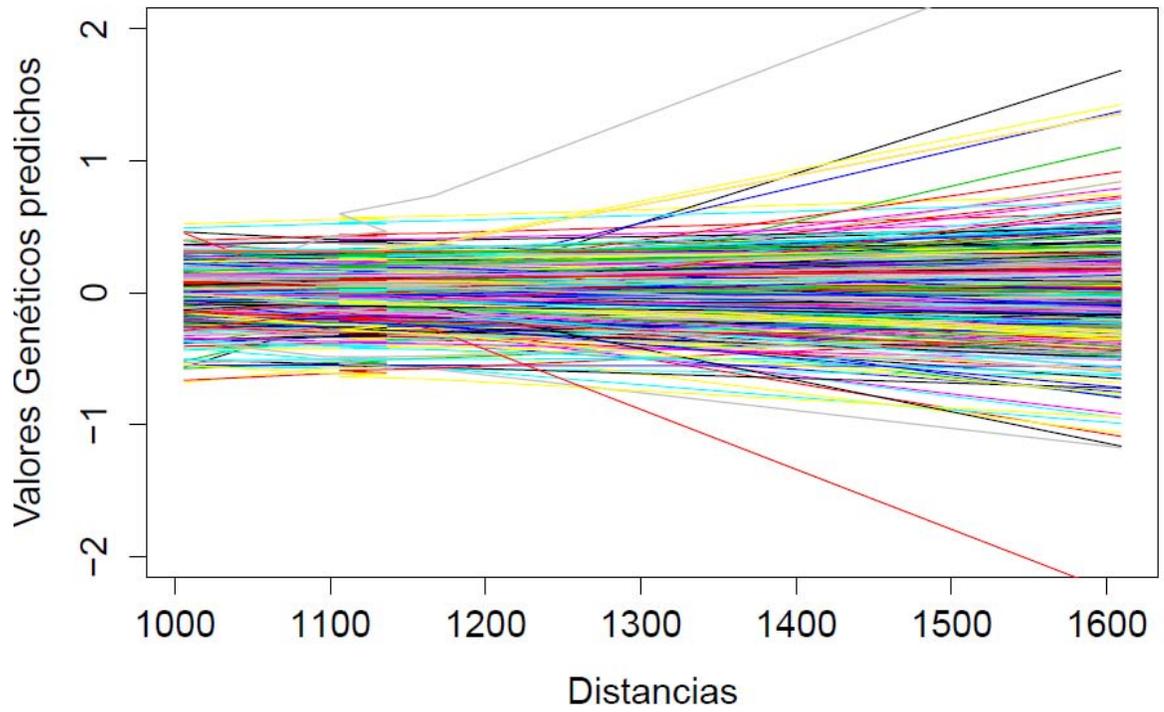


Figura 7.2.3 Curva predicha de velocidad individual en caballos pura sangre desde la distancia 1000 a 1600 metros.

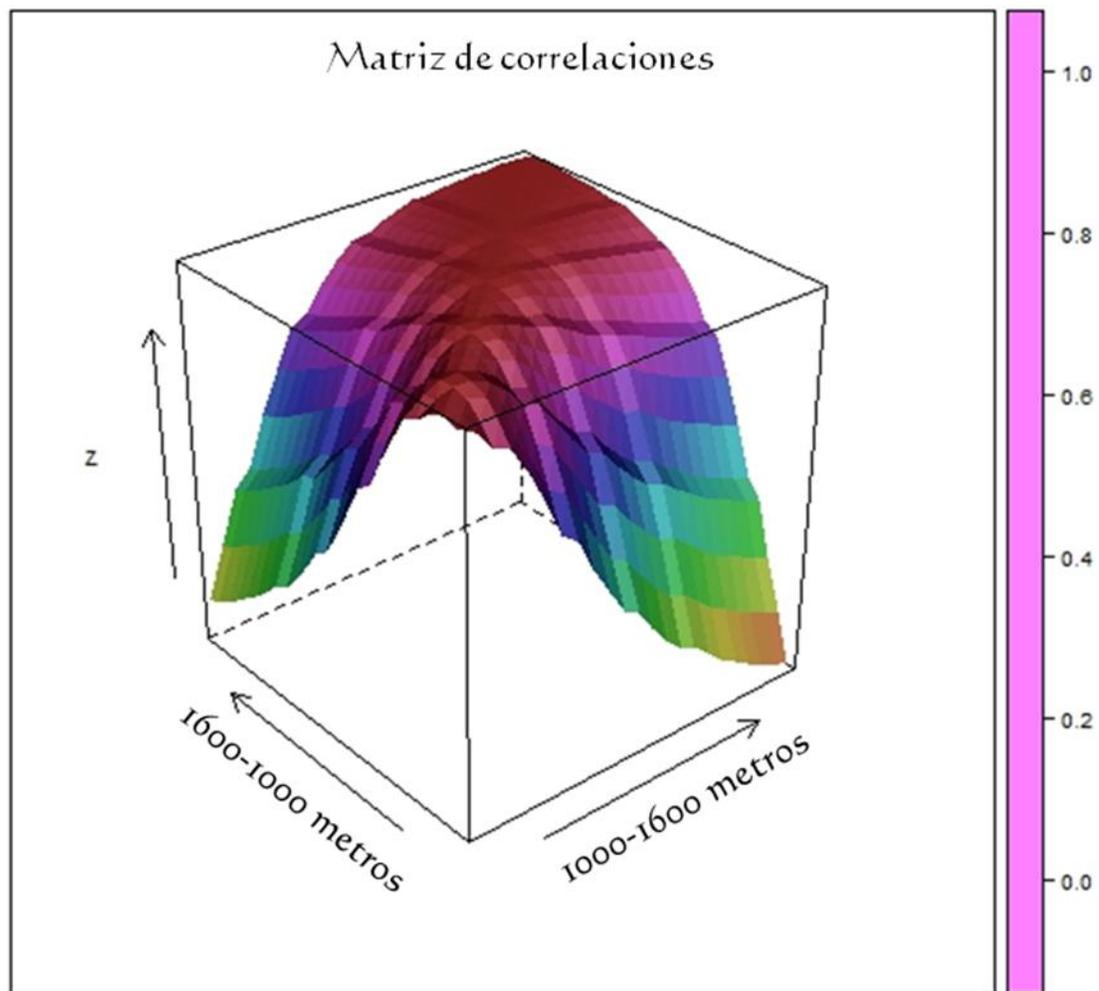


Figura 7.2.4 Matriz de correlaciones genéticas a través de las diferentes distancias.