SELECCIÓN DE MODELOS Y ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA MEDIDAS ZOOMÉTRICAS DE CABALLOS PURA RAZA ESPAÑOLA EN MÉXICO

SELECTION OF MODELS AND ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS FOR ZOOMETRIC MEASURES OF PURA RAZA ESPAÑOLA HORSES IN MEXICO

Joel **Domínguez-Viveros**[1*], Felipe A. **Rodríguez-Almeida**[1], Nicolás **Callejas-Juárez**[1], Nelson **Aguilar-Palma**[1], Juan Á. **Ortega-Gutiérrez**[1]

[1]Facultad de Zootecnia y Ecología, Universidad Autónoma de Chihuahua. Periférico Francisco R. Almada Km 1. Chihuahua, Chihuahua. C.P. 31453. (jodominguez@uach.mx), (joeldguezviveros@yahoo.com.mx).

RESUMEN

El prototipo del caballo Pura Raza Española depende de las disciplinas ecuestres y establecen los objetivos de selección de la raza; los criterios de selección se desarrollan a partir de medidas zoométricas (MZ), las que están sujetas a efectos genéticos múltiples, directos y maternos. El objetivo de este estudio fue evaluar la magnitud de los efectos genéticos maternos, con base en las (co)varianzas, si son iguales o diferentes de cero. La base de datos usada correspondió a 1806 equinos nacidos de 2004 a 2013, con datos de ocho MZ (media en cm ± de): perímetro torácico (PT; 189.3±8.9), perímetro de rodilla (PR; 32.3±1.8), perímetro de caña (PC; 20.4±1.3), longitud de escápulo isquial (LEI; 160.7±5.9), anchura de pecho (AP; 43.1±3.0), altura del hueco subesternal (AHS; 83.1±5.1), altura de pecho (ALP; 73.2±4.3) y altura a la cruz (AC; 157.8±4.3). Los análisis se realizaron con un modelo mixto que incluyó los efectos fijos de grupos contemporáneos (rancho, año, época y sexo) y la covariable edad del individuo; como aleatorios, los efectos genéticos directos (D) y maternos (M), más la covarianza entre ellos (C). Al alternar los efectos genéticos maternos se compararon los modelos: D, DM y DMC. La selección de modelos fue con la prueba de proporciones de verosimilitud. El pedigrí lo conformaron 7498 animales. Las heredabilidades directas (h^2) y maternas (m^2) y correlaciones genéticas (r_g) se estimaron. El análisis se realizó con el software MTDFREML. Los efectos genéticos maternos en ALP y PC fueron estadísticamente no diferentes de cero ($p>0.05$); en las otras MZ, el modelo DMC presentó el ajuste mejor. Las h^2 oscilaron entre 0.09 (ALP) y 0.65 (AC) y su promedio fue 0.40. Las m^2 fluctuaron entre 0.17 (AHS) y 0.23 (AC), con 0.19 en promedio.

*Autor responsable ❖ Author for correspondence.
Recibido: febrero, 2018. Aprobado: agosto, 2018.
Publicado como NOTA CIENTÍFICA en Agrociencia 53: 833-840. 2019.

ABSTRACT

The prototype of Pura Raza Española horse depends on the equestrian disciplines and establishes the breeding selection objectives; the selection criteria are developed from zoometric measures (ZM), which are subject to multiple direct and maternal genetic effects. The objective of this study was to evaluate the magnitude of the maternal genetic effects, based on the (co)variances, if they are equal to or different from zero. Our database included information of 1806 equines born from 2004 to 2013, with data of eight ZM (mean in cm ± SD): thoracic perimeter (TP; 189.3±8.9), knee perimeter (KP; 32.3±1.8), cannon perimeter (CP; 20.4±1.3), scapular-ischial length (SIL; 160.7±5.9), chest width (CW; 43.1±3.0), height of the substernal space (HSS; 83.1±5.1), chest height (CH; 73.2±4.3), and withers height (WH; 157.8±4.3). We conducted the analysis with a mixed model that included the fixed effects of contemporary groups (ranch, year, time, and sex) and the age covariable of the individual; as random, the direct (D) and maternal (M) genetic effects, plus the covariance between them, (C). By alternating maternal genetic effects, we compared the models: D, DM, and DMC. We selected the models using the likelihood-ratio test. The pedigree was made up of 7498 animals. We estimated the direct (h^2) and maternal (m^2) heritabilities, as well as the genetic correlations (r_g). For the analysis, we used the software MTDFREML. The maternal genetic effects in CH and CP were statistically not different from zero ($p>0.05$); in the other ZM, the DMC model was the most fit. The h^2 oscillated between 0.09 (CH) and 0.65 (WH), with an average of 0.40. The m^2 fluctuated between 0.17 (HSS) and 0.23 (WH), with an average of 0.19. All the r_g were negative, between −0.37 (WH) and −0.99 (HSS), which must be considered in the genetic improvement of the ZM.

Key words: genetic evaluations; genetic parameters; heritability; genetic improvement; equines.

Todas las r_g fueron negativas, entre −0.37 (AC) y −0.99 (AHS), lo que debe considerarse en el mejoramiento genético de las MZ.

Palabras clave: evaluaciones genéticas; parámetros genéticos; heredabilidad; mejoramiento genético; equinos.

INTRODUCCIÓN

En el mejoramiento genético del caballo Pura Raza Española (CPRE), los objetivos de selección dependen de las disciplinas ecuestres en las que se desenvuelve, los criterios de selección que se desarrollan a partir de las variables lineales y las medidas zoométricas (MZ) en el proceso de valoración para ingresar al registro de reproductores del libro genealógico de pureza de raza (SAGARPA, 2009; ANCCE, 2012). La estructura, conformación y tamaño del caballo están en función de las MZ (Varela *et al.,* 2009); la conformación del caballo, con la definición y disposición del cuerpo, define los límites del movimiento, funcionalidad y rendimiento (Sánchez-Guerrero *et al.,* 2016). El desempeño y rendimiento en las disciplinas ecuestres son resultado de una combinación de MZ con caracteres fisiológicos y de comportamiento, que pueden ser heredables (Saastamoinen y Barrey, 2000; Vostry *et al.,* 2011).

Las MZ están asociadas al crecimiento y desarrollo corporal del animal, y están sujetas a efectos genéticos y ambientales múltiples. Respecto a los efectos genéticos, la estructura genética del individuo define los efectos genéticos aditivos directos; y la constitución genética de la madre para producción de leche, precisa los efectos genéticos aditivos maternos (Pool-Anderson *et al.,* 1994; Arnason y Van Vleck, 2000). Willham (1972) planteó y fundamentó el modelo con efectos genéticos directos y maternos e incluyó la posibilidad de una correlación genética entre ambos efectos.

El CPRE inició el proceso de evaluaciones genéticas para MZ con base en la metodología de modelos mixtos y la predicción de valores genéticos, a través del mejor predictor lineal insesgado y máxima verosimilitud (Arnason y Van Vleck, 2000; Saastamoinen y Barrey, 2000). Sin embargo, en las evaluaciones genéticas deben evaluarse los efectos genéticos en los modelos estadísticos. En caso contrario, los efectos genéticos maternos y la posible covarianza con los efectos genéticos directos pueden afectar la estimación de parámetros genéticos, la predicción de valores genéticos y la jerarquización u ordenamiento de los

INTRODUCTION

In the genetic improvement of Pura Raza Española horse (CPRE, acronym in Spanish), the selection objectives depend on the equestrian disciplines in which it performs, the selection criteria developed from linear variables, and the zoometric measures (ZM) in the process of evaluation to enter the breeding registry of the genealogical book of purebred (SAGARPA, 2009; ANCCE, 2012). The structure, conformation, and size of the horse are in function of the ZM (Varela *et al.,* 2009); the horse conformation, with the body definition and disposition, defines the limits of movement, functionality, and performance (Sánchez-Guerrero *et al.,* 2016). The yield and performance in the equestrian disciplines result from the combination of ZM with physiological and behavioral characteristics, that can be inherited (Saastamoinen and Barrey, 2000; Vostry *et al.,* 2011).

The ZMs are related to the body growth and development of the animal and are subject to multiple genetic and environmental effects. Regarding the genetic effects, the individual genetic structure defines the additive direct genetic effects; and the maternal genetic constitution to produce milk, points out the additive maternal genetic effects (Pool-Anderson *et al.,* 1994; Arnason and Van Vleck, 2000). Willham (1972) proposed and set the foundation for the model with direct and maternal genetic effects and included the possibility of a genetic correlation between both effects.

The CPRE started the genetic evaluation process for ZM based on the mixed model methodology and the prediction of genetic values, using best linear unbiased prediction and maximum likelihood (Arnason and Van Vleck, 2000; Saastamoinen and Barrey, 2000). However, in the genetics evaluations, we must analyze the genetic effects in the statistical models. Otherwise, the maternal genetic effects and the possible covariance with the direct genetic effects can affect the estimation of the genetic parameters, the prediction of the genetic values, and the hierarchy or ordering of the animals by the predicted genetic values (Kruuk, 2004; Bijma, 2006). Based on the later, the objective of this study was to evaluate the magnitude of the maternal genetic effects and their possible inclusion in the statistical models; sustained by the estimation of the magnitude of the genetic variances and covariances.

animales a través de los valores genéticos predichos (Kruuk, 2004; Bijma, 2006). Con base en lo anterior, el objetivo de este estudio fue evaluar la magnitud de los efectos genéticos maternos y su posible inclusión en los modelos estadísticos; esto se sustenta con la estimación de la magnitud de las varianzas y covarianzas genéticas.

MATERIALES Y MÉTODOS

La información se obtuvo de una base de datos proporcionada por la Asociación Nacional de Criadores de Caballos de Pura Raza Española. La base de datos contenía información de 1806 equinos nacidos de 2004 a 2013, con información de ocho MZ: perímetro torácico (PT), perímetro de rodilla (PR), perímetro de caña (PC), longitud escápulo isquial (LEI), anchura de pecho (AP), altura del hueco sub esternal (AHS), altura de pecho (ALP) y altura a la cruz (AC). Las mediciones (Figura 1) las hicieron jueces e instrumentos de medición certificados para evaluar la raza internacional de equinos. Para evaluar los efectos maternos, en análisis univariados, se evaluaron tres modelos a partir del siguiente modelo mixto:

$$y = Xb + Za + Wm + e$$

MATERIALS AND METHODS

The information came from a database provided by the Asociación Nacional de Criadores de Caballos de Pura Raza Española [National Association of Purebred Spanish Horse Breeders]. The database contained information on 1806 equines born from 2004 to 2013, with information of eight ZM: thoracic perimeter (TP), knee perimeter (KP), cannon perimeter (CP), scapular-ischial length (SIL), chest width (CW), height of the sub-sternal space (HSS), chest height (CH), and withers height (WH). The animals were measured (Figure 1) by judges and measuring instruments certified to evaluate the international breed of equines. To evaluate the maternal effects, in univariate analysis, we assessed three models from the following mixed model:

$$y = Xb + Za + Wm + e$$

where: y is the vector of records; b is the vector of fixed effects, that included as classes the contemporary groups defined by the combination of ranch, year and time of birth, and sex, plus the covariable of age of the individual in linear and quadratic function; a is the vector of random genetic direct effects; m is the vector of random maternal genetic effects; e is the vector of residual

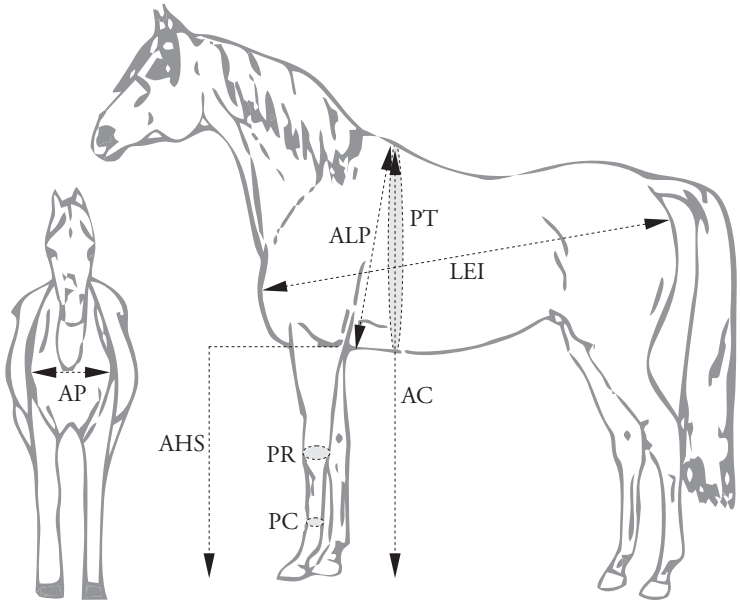

Figura 1. Representación de variables zoométricas. PT: perímetro torácico, PR: perímetro de rodilla, PC: perímetro de caña, LEI: longitud escápulo isquial, AP: anchura de pecho, AHS: altura del hueco sub esternal, ALP: altura de pecho y AC: altura a la cruz (Gómez *et al.*, 2008; Sánchez *et al.*, 2013).

Figure 1. Zoometric variables representation. PT [TP]: thoracic perimeter, PR [KP]: knee perimeter, PC: cannon perimeter, LEI [SIL]: scapular-ischial length, AP [CW]: chest width, AHS [HSS]: height of the sub-sternal space, ALP [CH]: chest height, and AC [WH]: withers height (Gómez *et al.*, 2008; Sánchez *et al.*, 2013).

donde: *y* es el vector de registros; *b* es el vector de efectos fijos, que incluyó como clases los grupos contemporáneos definidos por la combinación de rancho, año y época de nacimiento, y sexo, más la covariable de edad del individuo en función lineal y cuadrática; *a* es el vector de efectos aleatorios genéticos directos; *m* es el vector de efectos aleatorios genéticos maternos; *e* es el vector de efectos aleatorios residuales; *X*, *Z* y *W* son matrices de incidencia que relacionan a las observaciones en *y* con los respectivos efectos.

Las suposiciones del modelo fueron:

$$E[y] = X\beta,\ E[a] = 0, E[m] = 0 \text{ y } E[e] = 0$$

la estructura de varianzas y covarianzas quedó como:

$$Var\begin{bmatrix} a \\ m \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

donde: *A* es la matriz con las relaciones genéticas aditivas (parentesco) entre los animales en el pedigrí; σ_a^2: varianza de efectos genéticos directos; σ_m^2: varianza de efectos genéticos maternos; σ_{am}: covarianza entre efectos genéticos; σ_e^2: varianza residual; *I*: matriz identidad.

El archivo de pedigrí incluyó 7498 ancestros nacidos desde 1977. Con el procedimiento de máxima verosimilitud restringida y libre de derivadas, se estimaron las varianzas y covarianzas, las heredabilidades directas (h^2), maternas (m^2) y las correlaciones genéticas (r_g) entre efectos genéticos directos y maternos; el análisis se realizó con el software MTDFREML (Boldman *et al.,* 1995). Los efectos maternos de ambiente permanente no se consideraron en este estudio, porque el número de crías por yegua madre fue reducido; además, en análisis previos, la varianza de ambiente permanente no fue diferente de cero ($p>0.05$).

Los modelos evaluados fueron DMC: modelo con efectos genéticos directos y maternos, más la covarianza entre éstos; DM: modelo con efectos genéticos directos y maternos, con la covarianza entre efectos genéticos igual a cero; y D: modelo con sólo efectos genéticos directos. La selección del modelo con mejor ajuste fue con la prueba de proporciones de verosimilitud, basada en las diferencias de los valores de la función de máxima verosimilitud ($-2[\log Li - \log Li']$); se distribuye como ji cuadrada con grados de libertad igual a la diferencia en el número de parámetros en Li *vs* Li' (Domínguez-Viveros *et al.,* 2003; Domínguez-Viveros *et al.,* 2009). El cálculo de las probabilidades se obtuvo con el procedimiento CHIQS de SAS (SAS, 2005). La comparación y selección de modelos fue en dos etapas: DMC *vs* DM, con un grado de libertad y la hipótesis $\sigma_{am} = 0$; y D *vs* DM, con un grado de libertad y la hipótesis $\sigma_m^2 = 0$.

random effects; *X*, *Z,* and *W* are incidence matrices that relate the observations in *y* with the corresponding effects.

The model assumptions were:

$$E[y] = X\beta,\ E[a] = 0, E[m] = 0 \text{ y } E[e] = 0$$

the structure of variances and covariances remained as:

$$Var\begin{bmatrix} a \\ m \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

were: *A* is the matrix with the additive genetic relations (parentage) between the animals in the pedigree; σ_a^2: variance of direct genetic effects; σ_m^2: variance of maternal genetic effects; σ_{am}: covariance between genetic effects; σ_e^2: residual variance; *I*: identity matrix.

The pedigree file included 7498 ancestors born from 1977. With the restricted maximum likelihood and derivative-free procedures we estimated the variances and covariances, the direct (h^2) and maternal (m^2) heritabilities, and the genetic correlations (r_g) between the direct and maternal genetic effects; we used the software MTDFREML for the analysis (Boldman *et al.,* 1995). The maternal permanent environment effects were not considered in this study because of the reduced number of offsprings per mother mare; additionally, in a previous analysis, the variance of the permanent environment was not different from zero ($p>0.05$).

The evaluated models were DMC: model with direct and maternal genetic effects, plus the covariance between them; DM: model with direct and maternal genetic effects, with the covariance between genetic effects equal to zero; and D: model with only direct genetic effects. We selected the model with the best fit using the likelihood-ratio test, based on the differences in the values of the maximum likelihood function ($-2[\log Li - \log Li']$); it is distributed as a chi-square with degrees of freedom equal to the difference in the number of parameters in Li *vs* Li' (Domínguez-Viveros *et al.,* 2003; Domínguez-Viveros *et al.,* 2009). We calculated the probabilities using the CHIQS procedure of SAS (SAS, 2005). The comparison and selection of models were in two stages: DMC *vs* DM, with one degree of freedom and the hypothesis $\sigma_{am} = 0$; and D *vs* DM, with one degree of freedom and the hypothesis $\sigma_m^2 = 0$.

RESULTS AND DISCUSSION

The covariance between the genetic effects for CH and CP and the variance of maternal genetic effects were statistically not different from zero ($p>0.05$), resulting in D as the best fit model. The DMC model

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La covarianza entre efectos genéticos para ALP y PC y la varianza de efectos genéticos maternos fueron estadísticamente no diferentes de cero ($p>0.05$), resultando D como modelo de mejor ajuste. El modelo DMC mostró el mejor ajuste en las otras seis MZ (Cuadro 1). Con base en el modelo seleccionado para cada MZ, h^2 osciló entre 0.09 (ALP) y 0.65 (AC), con valor promedio 0.40. Las m^2 fluctuaron entre 0.17 (AHS) y 0.23 (AC), con promedio 0.19. Todas las r_g fueron negativas en el intervalo de -0.37 (AC) a -0.99 (AHS). En otras poblaciones de CPRE, las mismas MZ de nuestro estudio mostraron h^2 igual o magnitud mayor. Molina *et al.* (1999) publicaron h^2 entre 0.35 (PC) y 0.95 (PR), con promedio 0.59. Gómez *et al.* (2008) obtuvieron h^2 promedio de 0.36 y valores máximos de 0.57 (AC). Sánchez-Guerrero *et al.* (2016) estimaron h^2 que fluctuaron entre 0.39 (LEI) y 0.80 (AC). En otras razas de equinos, Sole *et al.* (2014) analizaron trece MZ en caballo Menorca y obtuvieron h^2 promedio de 0.35 y valores máximos de 0.75 (AC). Bakhtiari y Heshmat (2009) reportaron h^2 en el intervalo de 0.22 (AP) y 0.49 (PT) en diez MZ de caballo Pura Sangre Iraní. Torzynski y Szwaczkowski (1999) y Torzynski *et al.* (2005), reportaron m^2 menor a 0.10, y h^2 de 0.01 a 0.69, así como r_g negativas y menores a -0.5 para AC, PC y AP.

En las evaluaciones genéticas se analiza la información genealógica y de comportamiento productivo en dos fases: estimación de componentes de varianza y parámetros genéticos y predicción de valores genéticos. Los parámetros genéticos, como la heredabilidad y la correlación genética, caracterizan las poblaciones de acuerdo con las influencias genéticas y permiten definir los programas de selección (Domínguez-Viveros *et al.,* 2003; Domínguez-Viveros *et al.,* 2009). Las r_g negativas y cercanas a la unidad implican antagonismo entre la genética para crecimiento y efectos maternos, con implicaciones en el mejoramiento desde esquemas de selección de estos caracteres. Las estimaciones positivas y cercanas a la unidad, indican que desde el punto de vista genético podrían considerarse como la misma característica (Lee, 2002; Bijma, 2006). Las razones por las que estos valores pueden ser extremos son: 1) la estructura de los datos no permite separar ambos efectos en el análisis, 2) diferencias temporales en los ambientes cuando se expresan los efectos directos y los maternos, y 3) reducción en las varianzas de estos

showed the best fit in the other six ZM (Table 1). According to the selected model for each ZM, the h^2 varied between 0.09 (CH) and 0.65 (WH), with an average value of 0.40. The m^2 fluctuated between 0.17 (HSS) and 0.23 (WH), an average of 0.19. All the r_g were negative in the -0.37 (WH) to -0.99 (HSS) range. In other populations of CPRE, the same ZM of our study showed a similar or higher h^2. Molina *et al.* (1999) reported a h^2 between 0.35 (CP) and 0.95 (KP), with an average of 0.59. Gómez *et al.* (2008) obtained an average h^2 of 0.36 and maximum values of (WH). Sánchez-Guerrero *et al.* (2016) estimated a h^2 that varied between 0.39 (SIL) and 0.80 (WH). In different equine breeds, Sole *et al.* (2014) analyzed thirteen ZM in the Menorca horse and obtained an average h^2 of 0.35 and maximum values of 0.75 (WH). Bakhtiari and Heshmat (2009) reported an interval of 0.22 (CW) and 0.49 (TP) for the h^2 in ten ZM of Purebred Iranian horses. Torzynski and Szwaczkowski (1999) and Torzynski *et al.* (2005), reported a m^2 below 0.10, and a h^2 of 0.01 to 0.69, as well as negative and lower than -0.5 r_g for WH, CP, and CW.

In the genetic evaluations, we analyze the genealogical and productive behavior information in two stages: estimation of the variance components and genetic parameters, and prediction of genetic values. The genetic parameters, heritability, and genetic correlation characterize the populations according to the genetic influences and allow to define the selection (Domínguez-Viveros *et al.,* 2003; Domínguez-Viveros *et al.,* 2009). The negative and close to the unity r_g imply antagonism between genetics for growth and maternal effects, with implications in the improvement of these characters based on selection schemes. The positive and close to the unit estimates indicate that from the genetic point of view they could be considered as the same characteristic (Lee, 2002; Bijma, 2006). The reasons for which these values can be extreme are: 1) the structure of the data does not allow to separate both effects in the analysis, 2) temporal differences in the environments at the time of expression of the direct and maternal effects, and 3) reduction in the variances of these effects due to the selection (Kirkpatrick and Lande, 1989; Verrier *et al.,* 1994; Robinson, 1996).

During the development of genetic evaluations, it is important to evaluate the possible implications of several genetic or environmental factors and their

Cuadro 1. Resultados en los valores de máxima verosimilitud (−2 log L) y parámetros genéticos[†] para medidas zoométricas[¶] a través de los modelos[§] analizados.

Table 1. Results in the values of maximum likelihood (−2 log L) and genetic parameters[†] for zoometric measure[¶] through the analyzed models[§].

[¶]Ítem	[§]Modelos	−2 log L	[†]h^2	[†]m^2	[†]r_g
AC	D	5875.74	0.68		
[Þ]157.8±4.3	DM	5867.07	0.53	0.14	
	DMC*	5862.14	0.65	0.23	−0.37
LEI	D	6681.77	0.57		
[Þ]160.7±5.9	DM	6679.81	0.51	0.07	
	DMC*	6674.11	0.64	0.17	−0.48
AP	D	4891.84	0.28		
[Þ]43.1±3.0	DM	4889.08	0.20	0.08	
	DMC*	4882.05	0.34	0.19	−0.66
AHS	D	4811.36	0.14		
[Þ]83.1±5.1	DM	4811.35	0.14	0.01	
	DMC*	4806.56	0.29	0.17	−0.99
ALP	D*	4372.93	0.09		
[Þ]73.2±4.3	DM	4372.91	0.09	0.01	
	DMC	4372.68	0.43	0.13	−0.99
PT	D	7943.74	0.45		
[Þ]189.3±8.9	DM	7942.67	0.41	0.05	
	DMC*	7930.53	0.61	0.20	−0.69
PR	D	2862.84	0.32		
[Þ]32.3±1.8	DM	2861.77	0.27	0.04	
	DMC*	2853.94	0.42	0.18	−0.68
PC	D*	2347.37	0.15		
[Þ]20.4±1.3	DM	2345.23	0.10	0.05	
	DMC	2344.00	0.14	0.11	−0.52

[¶]PT: perímetro torácico, PR: perímetro de rodilla, PC: perímetro de caña, LEI: longitud escápulo isquial, AP: anchura de pecho, AHS: altura del hueco sub esternal, ALP: altura de pecho y AC: altura a la cruz. [Þ]: valor promedio en centímetros ± desviación estándar. [§]DMC: modelo con efectos genéticos directos y maternos, más la covarianza entre éstos, DM: modelo con efectos genéticos directos y maternos, D: modelo con sólo efectos genéticos directos y * modelo de mejor ajuste. [†]h^2: heredabilidad de efectos genéticos directos, m^2: heredabilidad de efectos genéticos maternos y r_g: correlación genética. ❖ [¶]PT [TP]: thoracic perimeter, PR [KP]: knee perimeter, PC [CP]: cannon perimeter, LEI [SIL]: scapular-ischial length, AP [CW]: chest width, AHS [HSS]: height of the sub-sternal space, ALP [CH]: chest height, and AC [WH]: withers height. [Þ]: average value in centimeters ± standard deviation. [§]DMC: model with direct and maternal effects, plus the covariance between these, DM: model with direct and maternal genetic effects, D: model with only direct genetic effects and * model best fit. [†]h^2: heritability of direct genetic effects, m^2: heritability of maternal genetic effects, and r_g: genetic correlation.

efectos debida a la selección (Kirkpatrick y Lande, 1989; Verrier *et al.,* 1994; Robinson, 1996).

En el desarrollo de las evaluaciones genéticas, las posibles implicaciones de diversos factores genéticos o ambientales y su interacción se deben evaluar. El CPRE ha evolucionado con un ligero aumento en la talla y los cambios mayores se han observado en la longitud corporal, lo que ha modificado la proporcionalidad corporal de la raza, de medio línea a sub longilínea (Varela *et al.,* 2007). Al respecto, Sánchez-Guerrero *et al.* (2016) reportaron diferencias ($p \leq 0.05$) en MZ a través de tres intervalos de generación y discutieron las causas genéticas y ambientales probables. Con relación a la interacción genotipo×ambiente, Gómez *et al.* (2008) y Gómez *et al.* (2009) señalaron implicaciones en la definición de modelos, estimación de parámetros genéticos y predicción de valores genéticos mediante análisis de la interacción semental con rancho. Las MZ están asociadas al crecimiento y desarrollo corporal de los caballos, lo que involucra heterogeneidad en la estructura de varianzas y covarianzas (genéticas y ambientales), con posibles efectos en la estimación de parámetros genéticos (Kaps *et al.,* 2010).

Las heredabilidades directas y maternas fueron de mediana a alta magnitud; en ambos casos se esperaría una respuesta a la selección con base en esquemas de selección. Las correlaciones genéticas fueron negativas y de alta magnitud, lo que indicó un antagonismo entre la genética para efectos individuales maternos, con posibles implicaciones en el mejoramiento a partir de esquemas de selección.

CONCLUSIONES

En seis, de las ocho variables analizadas, la prueba de proporciones de verosimilitud comprobó la significancia ($p \leq 0.05$) de los efectos genéticos maternos y su inserción en los modelos estadísticos; para estas variables, los esquemas de mejoramiento genético con base en selección deben de considerar los efectos genéticos maternos y su antagonismo con los efectos genéticos directos.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece a la Asociación Nacional de Criadores de Caballos de Pura Raza Española por proporcionar la base de datos analizada; en el marco del convenio de colaboración con la Universidad Autónoma de Chihuahua y el Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios.

The CPRE has evolved with a slight increase in size, more considerable changes are observed in the body length, which has modified the body proportionality of the breed, from medioline to sublongilinea (Varela *et al.,* 2007). About this, Sánchez-Guerrero *et al.* (2016) reported differences ($p \leq 0.05$) in ZM through three generation interval and discussed the probable genetic and environmental causes. Regarding the interaction genotypeenvironment, Gómez *et al.* (2008) and Gómez *et al.* (2009) pointed out implications in the definition of models, the estimation of genetic parameters, and the prediction of genetic values by analysis of the stallion interaction with the ranch. The ZMs are associated to the horse body growth and development, which involves heterogeneity in the variance and covariance structure (genetic and environmental), with possible effects in the estimation of genetic parameters (Kaps *et al.,* 2010).

The magnitude of the direct and maternal heritabilities was from medium to high; in both cases, a response to the selection would be expected based on selection schemes. The genetic correlations were negative and of high magnitude, which indicates and antagonism between the genetics for individual maternal effects, with possible implications in the improvement from selection schemes.

CONCLUSIONS

In six of the eight analyzed variables, the likelihood-ratio test demonstrated the significance ($p \leq 0.05$) of the maternal genetic effects and its insertion in the statistical models; for these variables, the genetic improvement schemes based on selection must consider the maternal genetic effects and their antagonism with the direct genetic effects.

—End of the English version—

LITERATURA CITADA

ANCCE. Asociación Nacional de Criadores de Caballos de Pura Raza Española. 2012. Certificado de aptitud básica para la

reproducción. Libro Genealógico del Caballo de Pura Raza Española. 5 p.

Arnason, T., and L. D. Van Vleck. 2000. Genetic improvement of the horse. *In:* Bowling A. T., and A. Ruvinsky (ed). The Genetic of Horse. CABI Publishing, Cambridge. pp: 473-497.

Bakhtiari, J., and G. Heshmat. 2009. Estimation of genetic parameters of conformation traits in Iranian Thoroughbred horses. Livest. Sci. 123: 116-120.

Bijma, P. 2006. Estimating maternal genetic effects in livestock. J. Anim. Sci. 84: 800-806.

Boldman, K. G., L. A. Kriese, D. L. Van Vleck, C. P. Van Tassell, and S. D. Kachman. 1995. A Manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances (Draft). USDA. ARS. 114 p.

Domínguez-Viveros, J., R. Núñez-Domínguez, R. Ramírez-Valverde, y A. Ruiz-Flores. 2003. Evaluación genética de variables de crecimiento en bovinos Tropicarne. I. Selección de modelos. Agrociencia 37: 323-335.

Domínguez-Viveros, J, F. A. Rodríguez-Almeida, J. A. Ortega-Gutiérrez, y A. Flores-Mariñelarena. 2009. Selección de modelos, parámetros genéticos y tendencias genéticas en las evaluaciones genéticas nacionales de bovinos Brangus y Salers. Agrociencia 43: 101-117.

Gómez, M. D., M. Varela, A. Molina, y F. Goyache. 2008. Efecto semental × ganadería en la estimación de parámetros genéticos en caracteres de tamaño en el caballo Pura Raza Español: resultados preliminares. Inf. Téc. Econ. Agra. 104: 256-261.

Gómez, M. D., F. Goyache, A. Molina, and M. Varela. 2009. Sire × stud interaction for body measurements traits in Spanish Purebred horses. J. Anim. Sci. 87: 2502-2509.

Kaps, M., I. Curik, and M. Baban. 2010. Modeling variance structure of body shape traits in Lipizzan horses. J. Anim. Sci. 88: 2868-2882.

Kirkpatrick, M., and R. Lande. 1989. The evolution of maternal characters. Evolution. 43: 485-503.

Kruuk, L. E. B. 2004. Estimating genetic parameters in natural populations using the animal model. Phil. Trans. R. Soc. Lond. B. 359: 873-890.

Lee, C. 2002. On the negative estimates of direct and maternal genetic correlation – a review. Asian-Australas J. Anim. Sci. 15: 1222-1226.

Molina, A., M. Varela, R. dos Santos, and A. Rodero. 1999. Genetic parameters of morphofunctional traits in Andalusian horse. Livest. Prod. Sci. 60: 295-303.

Pool-Anderson, K., R. H. Raub, and J. A. Warren. 1994. Maternal influences on growth and development of full-sibling foals. J. Anim. Sci. 72: 1661-1666.

Robinson, D. L. 1996. Models which might explain negative correlations between direct and maternal genetic effects. Livest. Prod. Sci. 45: 111-122.

Saastamoinen, M. T., and E. Barrey. 2000. Genetics of conformation, locomotion and physiological traits. *In:* Bowling A. T., and A. Ruvinsky (ed). The genetic of horse. CABI Publishing, Cambridge. pp: 439-472.

SAGARPA. 2009. Reglamento técnico de la Asociación Nacional de Criadores de Caballos de Pura Raza Española. Secretaria de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. 45 p.

Sánchez, M. J., M. D. Gómez, F. Peña, J. García, J. L. Morales, A. Molina, and M. Varela. 2013. Relations between conformation trait and gait characteristics in Pura Raza Español horse. Arch. Tierz. 56: 137-148.

Sánchez-Guerrero, M. J., A. Molina, M. D. Gómez, F. Peña, and M. Varela. 2016. Relationship between morphology and performance: signature of mass-selection in Pura Raza Español horse. Livest. Sci. 185: 148-155.

SAS. 2005. SAS/STAT User's Guide (Release 9.0). Cary, NC, USA. SAS Inst. Inc.

Sole, M., I. Cervantes, J. P. Gutiérrez, M. D. Gómez, and M. Varela. 2014. Estimation of genetic parameters for morphological and functional traits in Menorca horse. Spanish J. Agric. Res. 12: 125-132.

Torzynski, G., A. Wolc, and T. Szwaczkowski. 2005. Maternal effects on the conformation traits in half-bred horses. J. Anim. Feed Sci. 14: 595-605.

Torzynski, G., and T. Szwackowski. 1999. Maternal genetic additive variability of conformation traits in half-bred horses. E. J. Polish Agric. Univ. 2: 1-6.

Varela, M., B. Peña, y M. D. Gómez. 2007. El caballo de pura raza español. *En:* F. Rodero, y S. Rodero (ed). Las razas ganaderas de Andalucía; patrimonio ganadero andaluz, pp: 475-510.

Varela, M., M. D. Gómez, I. Cervantes, y F. Peña. 2009. Morfología y funcionalidad en los équidos. *In:* Sañudo C. (ed). Valoración Morfológica de los Animales Domésticos. Sociedad Española de Zooetnólogos. Madrid, España, pp: 701-728.

Verrier, E., J. J. Colleaud, and J. L. Foulley. 1994. Genetic variability when selection on the animal model BLUP. *In:* Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Guelph, Canada, pp: 139-142.

Vostry, L., Z. Capkova, J. Pribyl, and K. Mach. 2011. Analysis of Czech cold-blooded horses: genetic parameters, breeding value and the influence of inbreeding depression on linear description of conformation and type characters. Czech. J. Anim. Sci. 56: 217-230.

Willham, R. L. 1972. The role of maternal effects in animal breeding: III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. J. Anim. Sci. 35:1288-1293.