



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA CHAPINGO

DEPARTAMENTO DE ENSEÑANZA, INVESTIGACIÓN Y SERVICIO EN ZOOTECNIA

POSGRADO EN PRODUCCIÓN ANIMAL

INCLUSIÓN DEL COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD EN LOS MODELOS PARA LA EVALUACIÓN GENÉTICA DE BOVINOS

TESIS

Que como requisito parcial
para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS EN INNOVACIÓN GANADERA

Presenta:

CARLOS ALBERTO GARCÍA MUNGUÍA

Bajo la supervisión de: AGUSTÍN RUÍZ FLORES, Ph.D.



Febrero de 2010

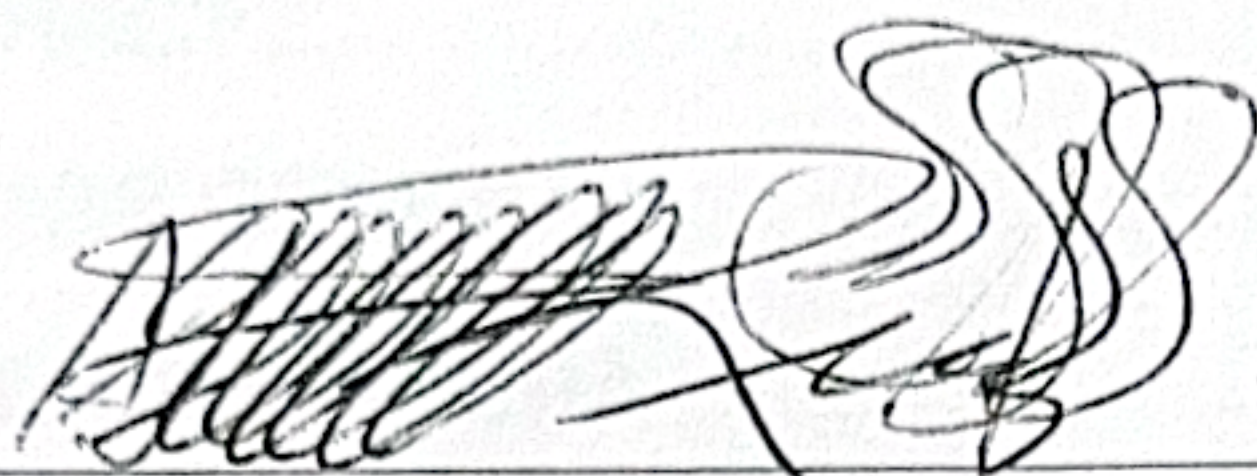
Chapingo, Estado de México

INCLUSIÓN DEL COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD EN LOS MODELOS PARA LA EVALUACIÓN GENÉTICA DE BOVINOS

Tesis realizada por **CARLOS ALBERTO GARCÍA MUNGUÍA**, bajo la supervisión del Comité Asesor indicado, aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

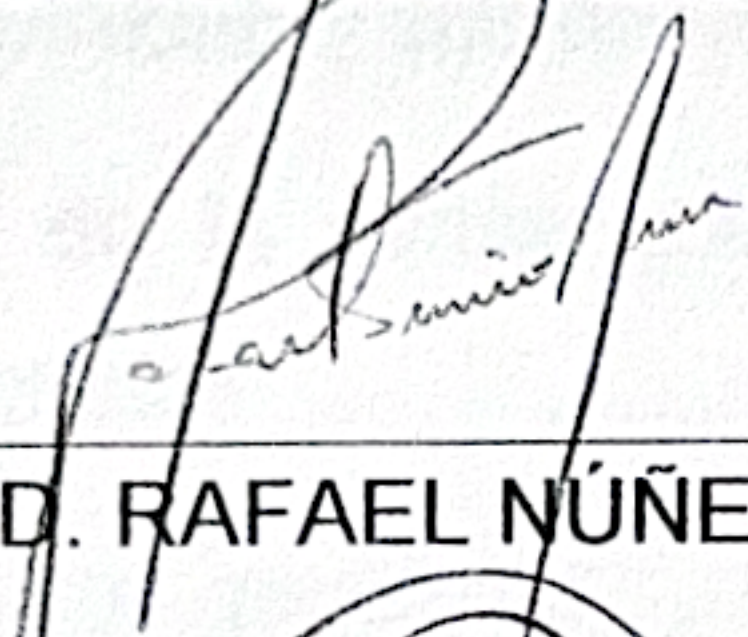
MAESTRO EN CIENCIAS EN INNOVACIÓN GANADERA

DIRECTOR:



Ph.D. AGUSTÍN RUÍZ FLORES

ASESOR:



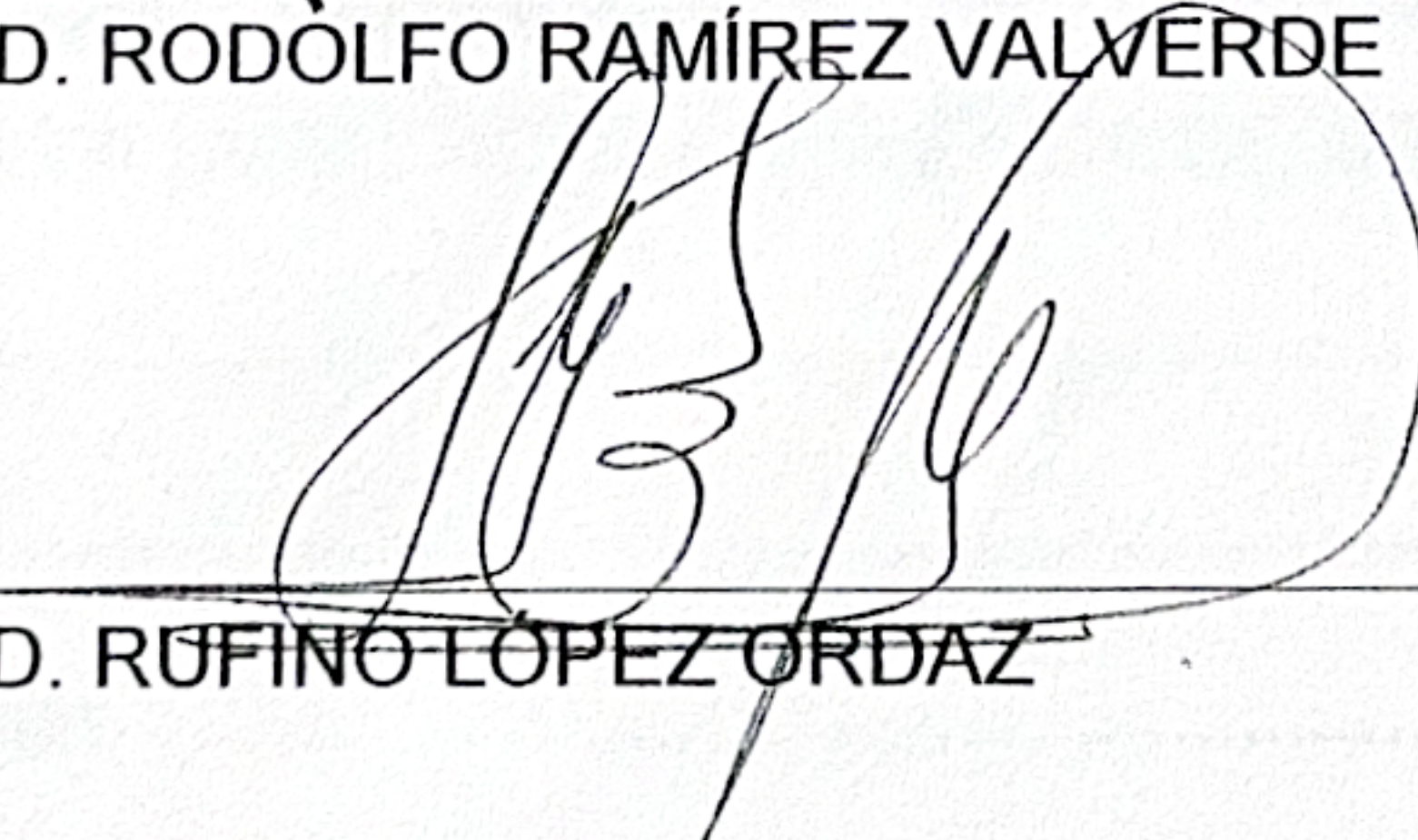
Ph.D. RAFAEL NÚÑEZ DOMÍNGUEZ

ASESOR:



Ph.D. RODOLFO RAMÍREZ VALVERDE

ASESOR:



Ph.D. RUFINO LÓPEZ ORDAZ

CONTENIDO

LISTA DE CUADROS	v
DEDICATORIAS	viii
AGRADECIMIENTOS	ix
DATOS BIOGRÁFICOS	x
RESUMEN GENERAL	xi
GENERAL ABSTRACT	xii
1. INTRODUCCIÓN GENERAL	1
2. REVISIÓN DE LITERATURA	3
2.1 Consanguinidad y sus efectos	3
2.2 Inclusión de la consanguinidad en los modelos para la evaluación genética de animales	12
2.3 Evaluaciones genéticas	14
2.4 Literatura citada	23
3. INCLUSIÓN DEL COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD EN LOS MODELOS PARA LA EVALUACIÓN GENÉTICA DE BOVINOS LECHEROS. 27	
3.1 Resumen	27
3.2 Abstract.....	28
3.3 Introducción	29
3.4 Materiales y métodos.....	30
3.5 Resultados y discusión	34
3.6 Conclusiones	45
3.7 Literatura citada	45

4. INCLUSIÓN DEL COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD EN LOS MODELOS PARA LA EVALUACIÓN GENÉTICA DE BOVINOS PARA CARNE

47

4.1	Resumen	47
4.2	Abstract.....	48
4.3	Introducción	49
4.4	Materiales y métodos.....	50
4.5	Resultados y discusión	54
4.6	Conclusiones	65
4.7	Literatura citada	65

LISTA DE CUADROS

Cuadro 1. Estimadores de los coeficientes de regresión lineal (kg/1% F) de peso al nacimiento sobre consanguinidad del animal (Fc) o de la madre (Fm) en diferentes genotipos de bovinos.	6
Cuadro 2. Estimadores de los coeficientes de regresión lineal (kg/1% F) de peso al destete (PD) sobre consanguinidad del animal (Fc) o de la madre (Fm) en diferentes genotipos de bovinos.	7
Cuadro 3. Estimadores de los coeficientes de regresión lineal (kg/1% F) de peso al año sobre consanguinidad del animal (Fc) o de la madre (Fm) en diferentes razas de bovinos.	8
Cuadro 4. Estimadores de los coeficientes de regresión lineal (kg/1% F) de peso a los 18 meses sobre consanguinidad del animal (Fc) en diferentes genotipos de bovinos.	9
Cuadro 5. Estimadores de los coeficientes de regresión lineal (d/1% Fc) para edad al primer parto sobre consanguinidad del animal (Fc) en diferentes razas de bovinos.	10
Cuadro 6. Estimadores de los coeficientes de regresión lineal (d/1% Fc) para intervalo entre partos sobre consanguinidad del animal (Fc) en diferentes razas de bovinos.	11
Cuadro 7. Disminución en la producción de leche por lactancia asociada a un incremento porcentual en el coeficiente de consanguinidad del animal en bovinos Holstein.....	11
Cuadro 8. Estadísticos descriptivos de los datos utilizados en los análisis.	31

Cuadro 9. Número y porcentaje de bovinos por nivel de consanguinidad (F) en las poblaciones bovinas mexicanas Jersey y Suizo Americano de registro, respecto a la población total y a los animales consanguíneos.....	36
Cuadro 10 Estimadores de los coeficientes de regresión lineal para las variables ^z estudiadas sobre el coeficiente de consanguinidad del animal (kg/1% F) en bovinos Jersey y Suizo Americano de registro.....	37
Cuadro 11. Estimadores de la correlación producto-momento de Pearson y de rango de Spearman entre los valores genéticos predichos (r_{vg}) y entre las exactitudes (r_{ex}) para las poblaciones completas, con los modelos con y sin el coeficiente de consanguinidad.....	38
Cuadro 12. Porcentajes de coincidencia entre los 100 sementales con los valores genéticos predichos más altos obtenidos con los modelos con y sin el coeficiente de consanguinidad en bovinos Jersey y Suizo Americano.	40
Cuadro 13. Estimadores de los coeficientes de regresión de los valores genéticos predichos y exactitudes obtenidos con el modelo que no incluyó el coeficiente de consanguinidad (1) sobre los del modelo que lo incluyó (2).	40
Cuadro 14. Estimadores de los componentes de varianza de efectos genéticos directos (u), ambiente permanente (pe), residual (e), fenotípica (p), y proporción de la varianza de ambiente permanente entre la varianza fenotípica (pe/p) y heredabilidades (h^2) para características de producción en bovinos Jersey y Suizo Americano de registro.	42
Cuadro 15. Rango de los valores genéticos predichos para las variables ^z evaluadas considerando la población completa y sólo los padres consanguíneos ($F>0$) en bovinos Jersey y Suizo Americano de registro.	44
Cuadro 16. Estadísticos descriptivos de los datos utilizados en los análisis. ...	51
Cuadro 17. Número y porcentajes de animales por nivel de consanguinidad (F) en las poblaciones bovinas mexicanas Tropicarne, Angus y Suizo Europeo de registro, respecto a la población total y a los animales consanguíneos.....	55

Cuadro 18 Estimadores de los coeficientes de regresión lineal para las variables ^z de crecimiento estudiadas sobre el coeficiente de consanguinidad del animal (kg/1% F), en bovinos Tropicarne, Angus y Suizo Europeo de registro.....	56
Cuadro 19. Estimadores de la correlación producto-momento de Pearson y de rango de Spearman entre los valores genéticos predichos (r_{vg}) ^z y exactitudes (r_{ex}) ^y para los animales obtenidos con los modelos con y sin el coeficiente de consanguinidad.....	58
Cuadro 20. Porcentajes de coincidencia entre los 100 sementales con los valores genéticos predichos más altos obtenidos con los modelos con y sin el coeficiente de consanguinidad en bovinos Tropicarne, Suizo Europeo y Angus de registro.....	59
Cuadro 21. Estimadores de los coeficientes de regresión de los valores genéticos predichos y exactitudes obtenidos con el modelo que no incluyó el coeficiente de consanguinidad (1) sobre los del modelo que lo incluyó (2).	60
Cuadro 22 Estimadores de los componentes de varianza de efectos genéticos directos (u_g), varianza de efectos genéticos maternos (u_m), covarianza entre efectos genéticos directo y materno (σ_{gm}) ambiente permanente (pe), residual (e), fenotípica (p), y proporción de la varianza de ambiente permanente entre la varianza fenotípica (pe/p) y heredabilidades (h^2), para características de crecimiento en bovinos Tropicarne, Angus y Suizo Europeo de registro.	62
Cuadro 23. Rango de los valores genéticos predichos para las variables ^z estudiadas considerando las poblaciones completas y sólo los padres consanguíneos ($F>0$), en bovinos Tropicarne, Angus y Suizo Europeo de registro.....	64

DEDICATORIAS

A mis padres y a mis hermanos

AGRADECIMIENTOS

A mi Alma Mater, la Universidad Autónoma Chapingo y en especial al Posgrado en Producción Animal del Departamento de Zootecnia por la oportunidad brindada en esta fase de mi vida profesional.

Al Ph.D. Agustín Ruíz Flores, por sus valiosas enseñanzas en la dirección de este proyecto, por su amistad y por sus invaluable consejos, sinceramente, gracias.

A los Ph.D. Rafael Núñez Domínguez, Rodolfo Ramírez Valverde, y Rufino López Ordaz, por la gran cantidad de conocimientos compartidos y por su activa participación en la realización de esta tesis.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el financiamiento otorgado para el desarrollo de mis estudios de posgrado.

Al Consejo Mexiquense de Ciencia y Tecnología (COMECYT) por el financiamiento otorgado para el proceso de tesis de posgrado.

A las Asociaciones Mexicanas de Criadores de Ganado Jersey de Registro, Suizo de Registro, Tropicarne y Angus, por facilitar sus bases de datos genealógicos y productivos para realizar esta tesis.

Al personal administrativo y de apoyo del Posgrado en Producción Animal por brindarnos las facilidades necesarias para concluir esta tesis.

DATOS BIOGRÁFICOS



Datos personales

Nombre:	Carlos Alberto García Munguía
Fecha de nacimiento:	05 de abril de 1985
Lugar de nacimiento:	Huehuetla, Hidalgo.
Cartilla militar:	9669921
CURP:	GAMC850405HHGRNR07
Profesión:	Ingeniero Agrónomo Especialista en Zootecnia
Cédula profesional:	5242683

Desarrollo académico

Bachillerato: 2000-2003	Preparatoria Agrícola Universidad Autónoma Chapingo
Licenciatura: 2004-2007	Ingeniero Agrónomo Especialista en Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo
Maestría: 2008-2009	Maestro en Ciencias en Innovación Ganadera, Posgrado en Producción Animal, Departamento de Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo

RESUMEN GENERAL

INCLUSIÓN DEL COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD EN LOS MODELOS PARA LA EVALUACIÓN GENÉTICA DE BOVINOS

En la evaluación genética de los animales interesa mejorar la exactitud en la predicción de valores genéticos (VG). Una alternativa estudiada es la inclusión de los coeficientes de consanguinidad del animal (F_c) y de la madre (F_m) en los modelos para predecir los VG, y así evaluar el cambio en los estimadores de varianza y parámetros genéticos. Algunos antecedentes de la inclusión de F en los modelos para la evaluación genética fueron revisados; posteriormente en bovinos Jersey (J) fueron analizadas las producciones de grasa y proteína por lactancia, y porcentajes de grasa y proteína en leche; la producción de leche por lactancia fue estudiada en J y Suizo Americano (SA). En bovinos Tropicarne (T), Angus (A) y Suizo Europeo (SE) fue analizada información de los pesos al nacimiento (PN), al destete (PD), al año y a los 18 meses (P18M). Para las razas lecheras el modelo convencional incluyó el efecto fijo de hatos-año-estación, y los aleatorios genético directo, de ambiente permanente y residual; adicionalmente para Suizo Americano fueron incluidas las covariables lineal y cuadrática de edad de la vaca y lineal de grado de pureza. Para las razas productoras de carne el modelo convencional incluyó los efectos fijos de hatos-año-estación-sexo de la cría, y de las covariables lineal y cuadrática de edad de la vaca; adicionalmente, en T se consideraron como covariables lineales la heterosis individual y materna, y en SE el grado de pureza; los efectos aleatorios incluidos fueron genéticos aditivos directo, materno y su covarianza; y de ambiente permanente de la vaca y residual. El modelo alternativo para las características de producción de los bovinos lecheros adicionalmente incluyó la covariable F_c ; y el de las razas para carne además incluyó F_m (excepto para P18M). Varios criterios para comparar los resultados obtenidos con ambos modelos fueron utilizados. La magnitud del efecto de incluir F_c y F_m en el modelo dependió del criterio de comparación usado y de la característica. Los cambios más importantes correspondieron a los VG para PD en Angus, y para porcentaje de proteína en leche en Jersey. Los valores obtenidos para los demás criterios de comparación, sugieren que no es necesaria la inclusión de F_c y F_m en los modelos para la evaluación genética de las características estudiadas en bovinos SE y SA, T, A y J. Sin embargo, se requiere realizar esta evaluación cuando el nivel de F sea superior al actual en estas poblaciones.

Palabras clave: consanguinidad, evaluación genética, exactitud, Suizo americano y europeo, Tropicarne, Angus, Jersey.

Tesis de Maestría en Ciencias en Innovación Ganadera, Universidad Autónoma Chapingo.

Autor: Carlos Alberto García Munguía.

Director de Tesis: Ph.D. Agustín Ruíz Flores.

GENERAL ABSTRACT

INCLUSION OF THE INBREEDING COEFFICIENT INTO THE MODELS FOR GENETIC EVALUATION OF CATTLE

In the genetic evaluation of animals is important to improve the accuracy of the predicted breeding values (BV). An alternative that has been studied to evaluate the change in variance component and genetic parameter estimates, is the inclusion of the individual (F_c) and dam (F_m) inbreeding coefficients into the models for the prediction of BV. Some published literature on this topic was reviewed. Then, the fat and protein yields per lactation, and percentages of fat and protein in milk were analyzed in Jersey; milk yield per lactation was analyzed in both Jersey and Brown Swiss. Afterward, the weights at birth (BW), at weaning (WW), yearling, and at 18 months of age (W18M) in the beef cattle breeds Tropicarne (T), Angus (A), and Braunvieh (B), were analyzed. For the dairy breeds the conventional model included the fixed effects of herd-year-season, and upgrading (linear) and age of the cow at calving (linear and quadratic) as covariables (only for Brown Swiss); the genetic additive, permanent environment, and residual were regarded as random effects. Additionally, the model included upgrading level (linear, only in B) and age of the cow at calving (linear and quadratic) as covariables; meanwhile the models for T included individual and maternal heterosis as linear covariables; also the models for beef breeds included the maternal genetic random effect and its covariance with the genetic direct effect (except for W18M). The alternative models included the covariables F_c and F_m (except for W18M). Several criteria to compare the results from the two models were used. The effect of the inclusion of F into the models depended on the criterion of comparison used and trait. The most notorious changes were for BV of BW in Braunvieh, and for percentage of protein in milk in Jersey. The magnitude for the remaining criteria of comparison, suggest that inclusion of F into the models to predict the BV in Braunvieh, Brown Swiss, Tropicarne, Angus, and Jersey breeds is not necessary. However, it is required to perform this evaluation when F is higher than it is today.

Keywords: inbreeding coefficient, genetic evaluation, accuracy, Braunvieh, Brown Swiss, Tropicarne, Angus, Jersey.

Master of Science Thesis, Universidad Autónoma Chapingo.

Author: Carlos Alberto García Munguía.

Advisor: Ph.D. Agustín Ruíz Flores.

1. INTRODUCCIÓN GENERAL

En las evaluaciones genéticas de los animales interesa mejorar la exactitud en la predicción de los valores genéticos (VG) y con este objetivo se han estudiado varias estrategias. Fioretti *et al.* (2002) estudiaron el efecto de la inclusión del coeficiente de consanguinidad del animal y de la madre en el modelo para la estimación de parámetros genéticos, y la predicción de VG para características productivas y reproductivas en bovinos Piedmontese; estos autores concluyeron que la inclusión del coeficiente de consanguinidad no es necesaria en el modelo para estimar los componentes de varianza y los parámetros genéticos.

En la evaluación genética de una población es importante considerar la consanguinidad de los animales. En este sentido, Casanova *et al.* (1992) estudiaron en bovinos Braunvieh el efecto de incluir el coeficiente de consanguinidad en la predicción de valores genéticos y encontraron que en una población completa, incluyendo animales consanguíneos y no consanguíneos, sólo 0.8% de los VG para producción de leche difirieron más de ± 5.5 kg, mientras que 80.9% difirieron menos de ± 5.5 kg; esto cambió cuando se evaluó un grupo de animales con consanguinidad promedio de los padres mayor de 10%, en este caso el 66.4% de los valores genéticos predichos difirieron más de ± 5.5 kg, y sólo 4.6% difirieron menos de ± 5.5 kg. El promedio de los valores genéticos predichos para producción de leche en la progenie de padres consanguíneos fue ligeramente mayor que el promedio de la población completa. Los resultados anteriores sugieren que la progenie de padres consanguíneos pudiera tener VG sobreestimados con relación a los de la población completa en las evaluaciones genéticas.

En otro estudio, Wiggans *et al.* (1995) determinaron que la inclusión del coeficiente de consanguinidad en la obtención de la inversa de la matriz de

relaciones genéticas aditivas (A^{-1}) tuvo sólo un efecto mínimo en la predicción de los VG. Estos autores encontraron que la inclusión del coeficiente de consanguinidad en el cálculo de A^{-1} , resultó en una representación más exacta de las relaciones entre los animales. El efecto de la consanguinidad en el comportamiento fenotípico, puede ser considerado en las evaluaciones genéticas mediante la regresión de la medición fenotípica sobre el coeficiente de consanguinidad; el cual puede ser incluido rutinariamente en el modelo, o los datos pueden ser ajustados por un coeficiente de regresión estimado separadamente previo a la evaluación (Wiggans *et al.*, 1995).

La consanguinidad también puede influir en la exactitud de las evaluaciones genéticas. Al respecto, Boichard y Lee (1992) observaron menor exactitud cuando se presentaron incrementos en consanguinidad al aplicar el método de Meyer (1989), para aproximar la exactitud de la evaluación con un modelo animal. En el estudio de Wiggans *et al.* (1995) se encontró que la exactitud de la selección mejoraría si para las evaluaciones, los registros fueran ajustados para considerar la depresión endogámica esperada con cada pareja o población de parejas en las evaluaciones.

En el Capítulo 2 se presenta una revisión de literatura, en ésta se describe de manera general el efecto que tiene la consanguinidad en el comportamiento productivo y reproductivo de los animales; así como algunos antecedentes de la inclusión de F en los modelos para evaluaciones genéticas. En el Capítulo 3 se presenta un estudio que tuvo como objetivo evaluar el efecto de la inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos para la evaluación genética de las producciones de leche, grasa y proteína por lactancia y los porcentajes de grasa y proteína en la leche de bovinos Jersey, y la producción de leche por lactancia en Suizo Americano. En el Capítulo 4 se muestra un estudio donde se evaluó el efecto de la inclusión de los coeficientes de consanguinidad del individuo y de la madre en los modelos para la evaluación genética de los pesos al nacimiento, al destete, al año y a los 18 meses en bovinos Tropicarne y pesos al nacimiento, al destete y al año para Suizo Europeo y Angus.

2. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1 Consanguinidad y sus efectos

El coeficiente de consanguinidad (F) representa la probabilidad de que dos alelos en un locus de un individuo sean idénticos por descendencia; su valor varía entre cero y uno, o entre cero y 100 por ciento (Legates y Warwick, 1990). El coeficiente de consanguinidad (F) también se define como la mitad del coeficiente de parentesco entre los progenitores de un animal, si éstos no son consanguíneos. Por ejemplo, la consanguinidad de la prole del apareamiento de medios hermanos será 12.5%, ya que el parentesco de medios hermanos no consanguíneos es 25% (Caraviello *et al.*, 2004).

La consanguinidad es el resultado del apareamiento entre individuos emparentados (Falconer y Mackay, 1996); un efecto importante de la consanguinidad es la reducción en el comportamiento fenotípico de características productivas y reproductivas, a esto se le conoce como depresión endogámica. Por tanto, el incremento de consanguinidad debe ser mínimo en cada generación (Falconer y Mackay, 1996).

La consanguinidad también se asocia con la aparición de características indeseables; dichas características se manifiestan en homocigosis recesiva y los progenitores de los animales afectados deben desecharse del hato, con el fin de disminuir la frecuencia alélica en la población para esa característica indeseable (Fernández, 2005).

La falta de identificación de los animales en el hato, la ausencia de registros de parentescos o genealógicos, la selección de sementales para remplazo de la misma unidad de producción, el uso de sementales por tiempo prolongado, y la compra de sementales y vientres de remplazo en un mismo lugar, son factores que favorecen la presentación de consanguinidad. La presencia e incremento

de la consanguinidad ocurre más comúnmente en poblaciones pequeñas, cerradas genéticamente o con el uso intensivo de pocos sementales mediante inseminación artificial (Florio, 2005).

La consanguinidad también puede tener usos benéficos (Florio, 2005); los beneficios incluyen: a) la fijación de caracteres deseables, este principio ha permitido el desarrollo de razas nuevas; y b) para probar que un padre no es portador de genes letales u otras anormalidades genéticas. Afortunadamente, con las herramientas de genética molecular la eliminación de los animales portadores de genes para estas características es más fácil y rápida, ya que se puede determinar el genotipo con relativa facilidad y a edades tempranas. El incremento en el nivel de consanguinidad en una población, también puede estar asociado al uso de tecnologías reproductivas tales como la inseminación artificial y la transferencia de embriones; por tanto, los empadres deberán planearse cuidadosamente.

Efectos genotípicos

Los principales efectos genotípicos de consanguinidad en una población son el aumento en la homocigosis y una consecuente disminución en la heterocigosis (Falconer y Mackay, 1996; Weigel, 2001). La consanguinidad reduce la varianza genética y también la posibilidad de aprovechar la heterosis (Legates y Warwick, 1990). El efecto contrario a la depresión endogámica es el vigor híbrido o heterosis, definido como la diferencia entre los promedios de los animales cruzados y los puros; cuando se cruzan líneas consanguíneas, la progenie presenta un incremento en heterosis, la cual se asocia con un aumento en el comportamiento para las características influenciadas por consanguinidad (Falconer y Mackay, 1996).

Efectos fenotípicos

Los efectos de la consanguinidad en el comportamiento productivo y reproductivo del ganado bovino se conocen desde hace mucho tiempo. En la literatura está documentado ampliamente que los animales consanguíneos

muestran una reducción fenotípica en crecimiento pre y posdestete, características reproductivas, producción de leche y rendimiento de los componentes sólidos de la leche.

Características de crecimiento

El crecimiento suele medirse como el aumento de peso vivo por unidad de tiempo. En bovinos productores de carne la consanguinidad influye negativamente en características de crecimiento (Burrow, 1993). En general, el efecto de consanguinidad del animal sobre su propio comportamiento es variable, dependiendo del nivel de consanguinidad que tenga.

Peso al nacimiento

Burrow (1993) estimó que el aumento en 1.0% del coeficiente de consanguinidad del animal se asoció con una reducción de 0.06 kg en el peso al nacimiento (PN). La consanguinidad de la madre también puede ejercer efectos negativos en esta característica; por ejemplo, Pariacote *et al.* (1998) encontraron que a cada 1.0% de aumento en consanguinidad de la madre, se asoció una reducción en el PN de la cría de 0.05 kg en bovinos Hereford.

En el Cuadro 1 puede observarse que algunos autores han encontrado que los coeficientes de consanguinidad de la cría (F_c) y de la madre (F_m) influyen en el PN de manera variable. En otros estudios, Ávila (1993), Burrow (1993) y Pariacote *et al.* (1998) fue observado que el F_c no influyó el PN significativamente; también se observó una reducción de 0.04 a 0.08 kg por cada 1.0% de incremento en el coeficiente de consanguinidad. El efecto de F_m tampoco fue importante para PN en los estudios de MacNeil *et al.* (1992), Ruíz (1992) y Snelling *et al.* (1996). Ferreira *et al.* (1999) y Pariacote *et al.* (1998), estimaron una reducción en PN de 0.05 kg por cada unidad porcentual de incremento en F_m .

Cuadro 1. Estimadores de los coeficientes de regresión lineal (kg/1% F) de peso al nacimiento sobre consanguinidad del animal (Fc) o de la madre (Fm) en diferentes genotipos de bovinos.

Raza	Fc	Fm	Autor(es)
Indubrasil	0.18±0.09 ^{N.S.}	----	Ávila (1993)
AX ^z y AXBX ^y	-0.04±0.04 ^{N.S.}	----	Burrow (1993)
Hereford	-0.04±0.02*	-0.05±0.02*	Ferreira <i>et al.</i> (1999)
Hereford	-0.04±0.02*	-0.01±0.02 ^{N.S.}	MacNeil <i>et al.</i> (1992)
Tropicarne	-0.00±0.01*	0.01±0.01 ^{N.S.}	Mendoza (2002)
Hereford	-0.06±0.01 ^{N.S.}	-0.05±0.01*	Pariacote <i>et al.</i> (1998)
Romosinuano	-0.06±0.03*	-0.01±0.05 ^{N.S.}	Ruíz (1992)
Hereford	-0.08±0.01**	-0.02±0.01*	Snelling <i>et al.</i> (1996)

^zAX: 25% Hereford, 25% Shorthorn y 50% Afrikánder; ^yAXBX: 25% Hereford, 25% Brahman, 25% Shorthorn y 25% Africander.

*($p < 0.05$); **($p < 0.01$); ^{N.S.} No significativo.

Peso al destete

El peso al destete (PD) depende del potencial genético para crecimiento de la cría y de la cantidad de leche que recibe de su madre, y de la disponibilidad de recursos alimenticios al nacimiento (Martínez *et al.*, 1998). Burrow (1993) encontró que por cada 1.0% de incremento en el coeficiente de consanguinidad del animal el PD disminuyó 0.44 kg. Paralelamente al estudiar el efecto de consanguinidad en el PD de bovinos Romosinuano en Costa Rica, Ruíz (1992) estimó una reducción de 0.78 kg por cada 1% de incremento en Fc.

Algunos autores han observado que la consanguinidad de la madre (Fm) y del animal (Fc), influyen negativamente el PD; por cada 1% de aumento de Fc, el PD disminuyó entre 0.01±0.12 y 0.78±0.16 kg, y para Fm entre 0.01 y 0.56±0.08 kg (Cuadro 2).

Cuadro 2. Estimadores de los coeficientes de regresión lineal (kg/1% F) de peso al destete (PD) sobre consanguinidad del animal (Fc) o de la madre (Fm) en diferentes genotipos de bovinos.

Raza	Fc	Fm	Autor(es)
Gelbvieh	-0.18*	-0.02*	Duangjinda <i>et al.</i> (2001)
Charolais	-0.13*	-0.02*	Duangjinda <i>et al.</i> (2001)
Indubrasil	0.24±0.67 ^{N.S.}	-----	Ávila (1993)
AX ^z y AXBX ^y	-0.72±0.17**	-----	Burrow (1993)
Hereford	-0.20**	-0.01*	Duangjinda <i>et al.</i> (2001)
Hereford	-0.37±0.10*	-0.12±0.10*	Ferreira <i>et al.</i> (1999)
Tropicarne	-0.01±0.12 ^{N.S.}	0.07±0.14 ^{N.S.}	Mendoza (2002)
Hereford	-0.44±0.07 ^{N.S.}	-0.56±0.08*	Pariacote <i>et al.</i> (1998)
Romosinuano	-0.78±0.16**	-0.46±0.29 ^{N.S.}	Ruíz (1992)
Tropicarne	-0.27±0.38	0.15±0.45	Ruíz-Flores <i>et al.</i> (2006)
Suizo Europeo	-0.11±0.15	0.09±0.16	Ruíz-Flores <i>et al.</i> (2006)
Hereford	-0.49±0.07*	-0.38±0.08*	Snelling <i>et al.</i> (1996)

^zAX: 25% Hereford, 25% Shorthorn y 50% Afrikánder; ^yAXBX: 25% Hereford, 25% Brahman, 25% Shorthorn y 25% Africander.

*($p < 0.05$); **($p < 0.01$); ^{NS} No significativo.

En algunos estudios no han sido observados los efectos negativos de Fc o Fm en el PD. Pariacote *et al.* (1998) encontraron que el Fc no influyó significativamente en el PD de bovinos Hereford, así como en Indubrasil en otros ambientes (Ávila, 1993); y Fm y Fc en Tropicarne (Mendoza, 2002), al igual que el efecto de Fm en bovinos Rumosinuano que reportó Ruíz (1992). Similarmente, Ruíz-Flores *et al.* (2006) no encontraron efectos significativos de Fc o Fm para PD en bovinos Tropicarne y Suizo Europeo. En las razas Gelbvieh y Charolais de Estados Unidos de America y Hereford de Canadá, se estimaron promedios de consanguinidad de 0.13, 0.16 y 0.10%; en este estudio se observó que la consanguinidad del animal y de la madre influyeron negativamente en el PD, y se redujeron 0.18, 0.13 y 0.20 kg por unidad porcentual de aumento en el coeficiente de consanguinidad del animal (Duangjinda *et al.*, 2001).

Peso al año

El peso al año (PA) depende del peso al nacimiento, de la ganancia de peso al destete, y de la habilidad propia del becerro y no de la madre, así como del efecto ambiental proporcionado hasta el destete por parte de la madre. Cuando la habilidad materna no es adecuada, la cría puede presentar un crecimiento compensatorio posdestete, y si el efecto materno es excesivo la ganancia posdestete se reducirá (Domínguez, 2002). En la revisión realizada por Burrow (1993) se encontró que en promedio, por cada 1% de aumento en consanguinidad el peso al año disminuyó en 0.69 ± 0.12 kg.

En el Cuadro 3 se muestran resultados de investigación de los efectos de Fc y Fm en PA. También fueron reportados efectos positivos de Fc en los estudios de Ruíz-Flores *et al.* (2006) y Mendoza (2002), así como de Fm (Mendoza, 2002); en los otros estudios los estimadores del coeficiente de regresión de PA sobre Fc o Fm fueron negativos. Esto se puede deber a que para dicha característica, se reduce la dependencia de la madre, y la productividad de los becerros depende más de su propio potencial para crecimiento.

Cuadro 3. Estimadores de los coeficientes de regresión lineal (kg/1% F) de peso al año sobre consanguinidad del animal (Fc) o de la madre (Fm) en diferentes razas de bovinos.

Raza	Fc	Fm	Autor(es)
Tropicarne	0.06 ± 0.16		Ruiz-Flores <i>et al.</i> (2006)
Suizo Europeo	-0.21 ± 0.18		Ruiz-Flores <i>et al.</i> (2006)
Hereford	$-0.51 \pm 0.12^*$	$-0.00 \pm 0.13^{N.S.}$	Ferreira <i>et al.</i> (1999)
Piedmontese	-0.69^*	-0.21^*	Fioretti <i>et al.</i> (2002)
Tropicarne	$0.08 \pm 0.13^{N.S.}$	$0.30 \pm 0.15^*$	Mendoza (2002)
Romosinuano	$-1.10 \pm 0.40^{**}$		Ruiz (1992)

*($p < 0.05$); **($p < 0.01$); ^{N.S.} No significativo.

Peso a los 18 meses

McCurley *et al.* (1984) encontraron que por cada 1.0% de aumento en el coeficiente de consanguinidad del animal, se redujo en 2.03 kg el peso a los 18 meses (P18M) en bovinos Angus, 2.26 kg en Hereford y 1.95 kg en Shorthorn. Por su parte, Burrow (1993) observó que por cada 1.0% de aumento en la consanguinidad del animal, el P18M disminuyó 1.30 kg.

En el Cuadro 4, con excepción del estudio de Ruíz-Flores *et al.* (2006), se puede observar que hubo reducciones en el P18M que oscilaron entre -0.63 ± 0.37 y -1.90 ± 0.50 kg, por cada aumento porcentual en Fc.

Cuadro 4. Estimadores de los coeficientes de regresión lineal (kg/1% F) de peso a los 18 meses sobre consanguinidad del animal (Fc) en diferentes genotipos de bovinos.

Raza	Fc	Autor(es)
Indubrasil	$-1.12 \pm 0.57^*$	Ávila (1993)
AX ^z y AXBX ^y	$-1.49 \pm 0.24^{**}$	Burrow (1993)
Tropicarne	$-0.63 \pm 0.37^{N.S.}$	Mendoza (2002)
Romosinuano	$-1.90 \pm 0.50^{**}$	Ruíz (1992)
Tropicarne	0.021 ± 0.197	Ruíz-Flores <i>et al.</i> (2006)

^zAX: 25% Hereford, 25% Shorthorn y 50% Afrikánder; ^yAXBX: 25% Hereford, 25% Brahman, 25% Shorthorn, y 25% Africander.

*($p < 0.05$); **($p < 0.01$); ^{N.S.} No significativo.

Características reproductivas y producción de leche

La reproducción adecuada de los animales es uno de los aspectos más importantes en las explotaciones pecuarias, debido a que permite el crecimiento del hato y la disponibilidad de animales. Las características que sufren la depresión endogámica con más intensidad son las reproductivas, por lo que es importante cuantificar el efecto de la consanguinidad en ellas (Ávila, 1993).

Edad al primer parto

La Fc aumentó la edad al primer parto (EPP) de 0.44 ± 0.18 a 0.76 d por cada 1.0% de incremento en Fc (Cuadro 5), aunque en bovinos Indubrasil y Romosinuano los estimadores no fueron estadísticamente diferentes de cero (Ruíz, 1992; Ávila, 1993). En otro estudio realizado con bovinos Piedmontese, Fioretti *et al.* (2002) encontraron que el incluir la consanguinidad en el modelo para estimar la heredabilidad de edad a la primera inseminación no hubo efecto importante en la EPP, observándose sólo reducciones de 0.124 a 0.116 d.

Cuadro 5. Estimadores de los coeficientes de regresión lineal (d/1% Fc) para edad al primer parto sobre consanguinidad del animal (Fc) en diferentes razas de bovinos.

Raza	Fc	Autor(es)
Indubrasil	$2.14 \pm 14.03^{N.S.}$	Ávila (1993)
Piedmontese	0.76^*	Fioretti <i>et al.</i> (2002)
Romosinuano	$2.0 \pm 2.0^{N.S.}$	Ruíz (1992)
Holstein	$0.44 \pm 0.18^*$	Smith <i>et al.</i> (1998)

*($p < 0.05$); ^{N.S.} No significativo.

Intervalo entre partos

En el Cuadro 6 se muestran algunos efectos importantes del coeficiente de consanguinidad del animal en el intervalo entre partos (IEP), con aumentos de 0.35 ± 0.15 a 0.84 ± 0.57 d por cada 1% de incremento en Fc. Sin embargo, en bovinos Romosinuano e Indubrasil el efecto de Fc no fue importante para IEP (Ruíz, 1992; Ávila, 1993).

Cuadro 6. Estimadores de los coeficientes de regresión lineal (d/1% Fc) para intervalo entre partos sobre consanguinidad del animal (Fc) en diferentes razas de bovinos.

Raza	Fc	Autor(es)
Indubrasil	0.63±6.23 ^{N.S.}	Ávila (1993)
Nelore	0.84±0.57**	Drumond <i>et al.</i> (1990)
Romosinuano	-2.0±1.0 ^{N.S.}	Ruíz (1992)
Holstein	0.35±0.15*	Smith <i>et al.</i> (1998)

*($p < 0.05$); **($p < 0.01$); ^{N.S.} No significativo.

Producción de leche

Como se indicó para características de crecimiento, la consanguinidad también influye negativamente en la producción de leche y sus componentes sólidos, con las consecuentes pérdidas económicas para el productor. Smith *et al.* (1998) estimaron que por cada aumento de 1.0% en la consanguinidad de bovinos hubo un costo adicional de 23.11 dólares por animal en su vida productiva, lo que equivale a 95.5 kg de leche, 3.2 kg de grasa y 2.9 kg de proteína menos por lactancia (Cuadro 7), y 13.1 d menos de vida productiva.

Cuadro 7. Disminución en la producción de leche por lactancia asociada a un incremento porcentual en el coeficiente de consanguinidad del animal en bovinos Holstein.

Característica	Disminución
Producción total de leche, kg	95.49±33.35
Producción total de grasa, kg	3.25±1.21
Producción total de proteína, kg	2.93±1.05

Fuente: Smith *et al.* (1998).

En un estudio con bovinos Jersey, Thompson *et al.* (2000) evaluaron el efecto de la consanguinidad en la producción de leche por lactancia (PL) y encontraron

una reducción de 25.0 kg en PL (ajustada a 305 d) de animales consanguíneos con respecto a los no consanguíneos. En otro estudio con bovinos Holstein, Wiggans *et al.* (1995) encontraron que por cada 1.0% de aumento de consanguinidad del animal se redujeron las producciones de leche, grasa y proteína por lactancia -29.6, -1.08 y -0.97 kg, respectivamente. En otro estudio, Hudson y Van Vleck (1984) consideraron vacas Ayrshire, Guernsey, Holstein, Jersey y Pardo Suizo de primera lactancia y observaron que por cada 1.0% de aumento en consanguinidad, se redujo de 14.8 a 39.5 kg la PL y de 0.78 a 1.36 kg la producción de grasa. Schmidt y Van Vleck (1994) observaron que por cada 1.0% de aumento en el coeficiente de consanguinidad de la vaca hubo una reducción de 22.7 kg en la PL a 305 d.

2.2 Inclusión de la consanguinidad en los modelos para la evaluación genética de animales

La consanguinidad prácticamente se presenta en todas las poblaciones; generalmente su efecto en las evaluaciones genéticas de los animales no es considerado; cuando el coeficiente de consanguinidad es alto y es ignorado en el modelo, pueden ocasionarse sesgos en los valores genéticos predichos (Varona *et al.*, 1998).

El efecto de consanguinidad en el comportamiento fenotípico puede ser considerado en las evaluaciones genéticas mediante la regresión de la medición fenotípica sobre el porcentaje de consanguinidad; el coeficiente de consanguinidad puede ser incluido rutinariamente en el modelo, o los datos pueden ajustarse por un coeficiente de regresión estimado separadamente previo a la evaluación (Wiggans *et al.*, 1995).

En un estudio realizado con bovinos Holstein, Tohidi y Torshizi (2006) estimaron que las diferencias en los valores genéticos promedio para la PL y grasa se incrementaron conforme el coeficiente de consanguinidad aumentó; con un nivel de consanguinidad igual a cero e incluyéndolo en un modelo alternativo, los VG para producción de leche por lactancia aumentaron 3.99 kg, por lo que

estos autores sugieren que el coeficiente de consanguinidad debe considerarse en la predicción de VG.

En la estimación de parámetros genéticos, Ferreira *et al.* (1999) compararon 12 modelos que difirieron en los efectos incluidos. En este estudio se pudo observar que la jerarquización de los VG y los estimadores de heredabilidad fueron similares, independientemente de si los coeficientes de consanguinidad del animal y de la madre fueron incluidos o no en los modelos. En este estudio, las correlaciones simples y de rango entre los VG para todas las características, usando los estimadores del modelo animal completo, incluyendo o no el efecto de consanguinidad fueron cercanas a la unidad (0.997 a 0.998). Lo anterior, sugiere que prácticamente los mismos animales hubieran sido seleccionados si se hubieran utilizado los modelos con o sin el coeficiente de consanguinidad para la evaluación genética.

En un estudio realizado en bovinos Piedmontese, Fioretti *et al.* (2002) utilizaron dos modelos: uno incluyó el efecto del coeficiente de consanguinidad del animal y de la madre como covariables, mientras que el segundo no lo incluyó. Los resultados obtenidos sugirieron que la inclusión de la consanguinidad en el modelo no fue necesaria para la estimación de componentes de varianza, ni tampoco para la predicción de VG. Las diferencias en heredabilidades obtenidas con los modelos alternativos fueron de 0.0 a 0.01; para edad a la primera inseminación, edad al primer parto, peso a los 120 d, y pesos al año en hembras o machos.

En el mismo estudio de Fioretti *et al.* (2002) se menciona que considerando los valores genéticos de todos los animales, se observó que la inclusión de Fc y Fm no causó cambios importantes en la jerarquización de los animales, el cambio más notorio fue para peso al año en machos donde el coeficiente de correlación entre los valores genéticos obtenidos con los modelos alternativos fue 0.985. Los mismos autores también estimaron que el uso de Fc o Fm no tuvo efectos importantes en los estimadores de componentes de varianza y de heredabilidad

para las características estudiadas, aunque si influyó en la jerarquización de los sementales.

Casanova *et al.* (1992) estudiaron en bovinos Braunvieh el efecto de incluir el coeficiente de consanguinidad en los modelos de evaluación genética y encontraron que en una población completa, incluyendo animales consanguíneos y no consanguíneos, sólo 0.8% de los VG para producción de leche difirieron más de ± 5.5 kg, mientras que 80.9% difirieron menos de ± 5.5 kg; esto cambió cuando se evaluó un grupo de animales con consanguinidad promedio de los padres mayor de 10%, en este caso 66.4% de los valores genéticos predichos difirieron más de ± 5.5 kg, y solamente 4.6% difirieron menos de ± 5.5 kg. El promedio de los valores genéticos predichos para PL en la progenie de padres consanguíneos fue ligeramente mayor que el promedio de la población completa de bovinos. Los resultados anteriores sugieren que la progenie de padres consanguíneos tuvo VG sobreestimados con relación a la población completa en las evaluaciones genéticas.

En un estudio realizado en ovinos Elsenburg Dormer en el Sur de África, con promedios para consanguinidad del animal, madre y padre de 16, 24 y 16% respectivamente, al incluir el coeficiente de consanguinidad del animal como covariable en los modelos para estimación de parámetros genéticos, se obtuvieron coeficientes de correlación entre VG obtenidos con ambos modelos para peso al nacimiento y al destete de 0.99, lo que indica que el coeficiente de consanguinidad no causó cambios importantes en la jerarquización de los animales (Van Wyk *et al.*, 2009).

2.3 Evaluaciones genéticas

Una de las formas más apropiadas para la predicción de los VG y sus exactitudes en cada característica evaluada, que permite seleccionar los de mayor potencial genético, es mediante la evaluación genética. La precisión en la predicción de valores genéticos depende de la cantidad y la calidad de los registros (Ravangolo *et al.*, 2002).

Valor genético

En mejoramiento genético animal es necesario tener una estimación precisa de la parte genética transmisible de los animales, con el fin de seleccionar a los futuros reproductores. Dicha parte genética transmisible (valor genético aditivo, VG) es frecuentemente llamada “valor genético” o “valor de cría” (Hanocq *et al.*, 1999). De forma similar, Bourdon (1997) define el VG como el valor de un individuo como progenitor, es decir, el valor de un individuo como “aportador” de genes a la siguiente generación. Los progenitores transmiten una muestra al azar de sus genes a su descendencia. El VG no es igual al valor genotípico, sólo representa la parte de valor genotípico que puede ser transmitido de los progenitores a la progenie. El VG verdadero no puede medirse directamente y no se conoce su valor, sin embargo, se puede predecir. Los VG predichos se obtienen de datos de comportamiento, y se procesan con técnicas estadísticas.

Diferencia esperada en la progenie

La diferencia esperada en la progenie (DEP) es el resultado de la evaluación genética y representa la diferencia esperada en el comportamiento productivo promedio de la progenie del animal respecto a otros en la población evaluada. La DEP es igual a la mitad del VG predicho e implica una comparación, así las DEPs permiten jerarquizar los animales evaluados. Generalmente, la comparación es realizada dentro de raza, y para una característica y un tiempo determinados (Northcutt y Buchanan, 2004).

Las DEPs son publicadas en las unidades de medida de la característica y en forma de desviación, por arriba (positivo) o por debajo (negativo) de la media de la población evaluada. Por ejemplo, las DEP para PN, PD y PA, son publicadas en kg, y las características de conformación en unidades. Una DEP de +300 kg para PL, indica que en situaciones de ambiente similar, las hijas de un semental producirán en promedio 300 kg más de leche por lactancia que las hijas de un toro promedio (DEP = 0 kg), si ambos sementales se aparean con hembras de valor genético similar (Ravangolo *et al.*, 2002).

Exactitud

La predicción del VG de un animal tiene asociada un margen de incertidumbre. La exactitud es un valor que varía entre 0 y 1.0, e indica la confiabilidad que se puede tener en la DEP predicha; es la correlación entre el valor genético predicho y el valor genético verdadero (Bourdon, 1997). Una exactitud cercana a cero, significa que la DEP correspondiente fue predicha con poca información, por lo que su valor puede variar en forma considerable en próximas evaluaciones, a medida que se adicione nueva información relacionada con ese animal. La magnitud de la exactitud es una medida del riesgo que se asume al tomar decisiones de selección con base en las DEP; si la exactitud es baja el riesgo es alto (Ravangolo *et al.*, 2002).

Los principales factores que afectan la exactitud incluyen: 1) el número y parentesco de familiares utilizados en la predicción de los VG; 2) la distribución de éstos (principalmente hijos y medios hermanos) en los grupos contemporáneos, es decir, la conectividad genética de los datos (Hanocq y Boichard, 1999); y 3) la heredabilidad de la característica. Además, existen otros factores que influyen en la exactitud, como tamaño y homogeneidad de los grupos contemporáneos y la variación ambiental que pueda influir en individuos de estos grupos (Plasse y Arango, 2002).

Metodologías utilizadas en evaluaciones genéticas

Henderson (1973) describió metodologías que pueden ser utilizadas en la predicción de valores genéticos. Los predictores obtenidos con estos métodos tienen propiedades deseables, como ser insesgados y con varianza mínima del error de predicción. El Mejor Predictor (BP) minimiza la varianza del error de predicción, requiere conocer la distribución de los valores genéticos y de las observaciones fenotípicas. El Mejor Predictor Lineal (BLP) es una forma restringida del BP, que proporciona la mejor predicción lineal. Este método se conoce también como Índice de Selección. Los estimadores de los efectos fijos y de los componentes de (co)varianza pueden ser obtenidos simultáneamente.

El Mejor Predictor Lineal Inssegado (BLUP) se obtiene con un procedimiento estadístico que incluye la solución de un sistema de ecuaciones. Al mismo tiempo se obtienen los estimadores de los efectos fijos y predictores de los efectos aleatorios simultáneamente (Falconer y Mackay, 1996). Con este procedimiento se obtienen predictores inssegados, en los que la varianza del error es mínima (Núñez y Rodríguez, 1995). La principal ventaja del BLUP es que permite incluir todas las relaciones genéticas entre todos los animales a evaluar, aún sin tener registros de producción; con lo que se puede predecir los VG para todos los animales incluidos en el pedigrí (Henderson, 1973).

Las ecuaciones de modelos mixtos utilizadas en BLUP incluyen la inversa de la matriz de relaciones genéticas aditivas entre todos los animales de la población evaluada (A^{-1}). Los elementos de A son ponderados por un cociente de varianzas relacionado directamente con la heredabilidad (h^2) de la característica. En las características con h^2 alta se da mayor peso a los elementos de la diagonal, que corresponden a los registros de comportamiento del animal, mientras que los elementos fuera de la diagonal reciben mayor peso cuando h^2 es baja, haciendo mayor énfasis en la información de sus parientes (León, 2006).

Los modelos para la evaluación genética contienen efectos fijos y aleatorios; esto hace que reciban el nombre de modelos mixtos. Un modelo de *efectos fijos*, se establece cuando los niveles a estudiar de un factor son seleccionados específicamente, debido a que el interés se centra en conocer los efectos en la variable de respuesta para esos niveles particulares (Searle, 1997). En este caso los efectos del factor son constantes desconocidas (Abraira y Pérez, 1996). Los modelos que contienen únicamente efectos fijos son denominados *modelos de efectos fijos (modelo I de Eisenhart)*. En algunas situaciones se tiene interés en un factor con un número elevado de niveles y para realizar el experimento, una muestra de ellos deberá ser seleccionada aleatoriamente de una población teóricamente infinita (Searle, 1997). Los modelos con efectos aleatorios se denominan *modelos de efectos aleatorios (modelo II de*

Eisenhart). En estos modelos el interés radica en estimar la variabilidad existente en la totalidad de los niveles aleatorios de la población, de la cual los incluidos en el modelo son una muestra aleatoria (Abraira y Pérez, 1996).

En sus primeras etapas, las evaluaciones genéticas fueron realizadas a través de un modelo de semental. Actualmente, en la mayoría de las evaluaciones genéticas es utilizado un modelo animal. Los efectos que se incluyen en este modelo, pueden ser divididos en: fijos y aleatorios, y dentro de aleatorios en genéticos y no genéticos. En la evaluación genética de bovinos para carne los efectos más importantes son los siguientes (BIF, 1996):

Efectos fijos

Grupos contemporáneos. Agrupa los animales con registros de comportamiento en unidades con manejo y ambiente similar.

Grupos genéticos. Pueden ser incluidos para considerar la influencia genética de animales fundadores desconocidos, las diferencias de heterosis entre individuos, las diferencias genéticas entre subpoblaciones o para considerar animales importados.

Edad de la cría y de la madre. La mayoría de las características medidas después del nacimiento del becerro están influidas por su edad y la de su madre. Los datos de comportamiento del becerro deberán ser ajustados por su edad, y las características influidas por efectos maternos, por la edad de la madre.

Efectos genéticos aleatorios

Valor genético directo: cada individuo debe tener una predicción de su valor genético con base en toda la información que esté disponible para los análisis.

Valor genético materno. Para características influidas por la habilidad materna, como PD, el efecto genético materno deberá ser incluido para obtener mejores

predicciones del valor genético directo y proporcionar valores genéticos para la habilidad materna.

Correlación entre los valores genéticos. Se define como una medida de la asociación entre los valores genéticos. La importancia de las correlaciones genéticas está en que si dos características se encuentran genéticamente correlacionadas, cuando se seleccione para una de ellas en la otra ocurrirán cambios genéticos.

Efectos no genéticos aleatorios

Ambiente permanente materno. Este efecto puede ser incluido para explicar los factores ambientales permanentes que afectan la expresión de la habilidad materna. Para PD, un efecto ambiental permanente puede ser incluido para explicar la disminución en producción de leche causada por mastitis crónica o un cuarto de la ubre seco.

Interacción genotipo por ambiente. Algunas investigaciones sugieren que la magnitud de algunas interacciones (semental $\times$ grupo contemporáneo (GC), semental $\times$ hato o semental $\times$ región) pueden ser grandes y deberá considerarse su inclusión en el modelo.

Residual. Considera la varianza de efectos no incluidos en el modelo.

Criterios utilizados en la comparación de modelos alternativos para la predicción de valores genéticos

En la determinación de los efectos que se incluirán en el modelo para una evaluación genética, se pueden utilizar varios criterios para esta decisión, entre ellos se encuentran:

Magnitud de los estimadores de parámetros genéticos. Ramírez-Valverde *et al.* (2007) compararon la magnitud de los estimadores de componentes de (co)varianza, de parámetros genéticos y ambientales, cuando hicieron una comparación de la definición de GC considerándolos alternativamente como

efectos fijos o aleatorios. Las varianzas directa y materna fueron mayores cuando el efecto de GC fue considerado aleatorio en lugar de fijo hasta en 20.3%; las varianzas de ambiente permanente fueron similares, y los estimadores de h^2 directa y materna fueron mayores cuando se consideró el efecto de GC como fijo vs aleatorio, 0.27 vs 0.12 y 0.15 vs 0.05, respectivamente, así como un mayor progreso genético considerando el GC como fijo. Estos autores concluyeron que grupo contemporáneo deberá ser considerado como efecto fijo, ya que se obtienen mayores h^2 con diferencias en exactitud y jerarquización en valores genéticos.

Cambios en los valores genéticos. Ramírez-Valverde *et al.* (2008b) realizaron un estudio para evaluar la estabilidad de las evaluaciones genéticas (anterior vs reciente); para ello se comparó la magnitud de los promedios de las DEPs en la validación de resultados, y se observó que en la evaluación reciente los promedios de las DEPs fueron mayores, lo que puede ser explicado por el aumento en la cantidad y una mejor estructura de la información utilizada.

Exactitud de los valores genéticos. La exactitud es la correlación entre el valor genético predicho y el valor genético verdadero. Ramírez-Valverde *et al.* (2008a) compararon seis alternativas para definir GC que incluyeron los efectos de año (1995 a 2002) y época de nacimiento (seca y de lluvias), condición de crianza (con y sin ordeña de la vaca), rancho de origen y sexo de la cría utilizando como criterio el promedio de exactitud de los VG para peso al destete (240 d) de bovinos Suizo Europeo; el promedio de exactitud fue ligeramente mayor para los análisis que consideraron GC como aleatorio en vez de fijo. Al incluir el GC como fijo se espera un mejor balance entre pérdida de información, mejora en la estructura y conectividad genética entre los datos; sin embargo, se encontró que existe poca ventaja en el incremento en exactitud con grupos contemporáneos mayores de cinco animales.

Habilidad de predicción. Shao (1993) menciona que la habilidad de predicción es un criterio importante para la predicción mediante métodos como la validación cruzada, en la cual aleatoriamente una porción de datos es omitida,

el modelo es ajustado a los datos remanentes y se prueba su ajuste en la porción de datos omitidos. Ramírez-Valverde *et al.* (2007) realizaron un estudio en el que hicieron análisis univariado vs multivariado y encontraron ventajas en la habilidad de predicción de los análisis bivariados, esto debido a la menor sensibilidad a la pérdida de información, dado el efecto estabilizador de las variables correlacionadas (Varona *et al.*, 1999).

Estadísticos descriptivos de valores genéticos. Una comparación de los promedios, mínimos y máximos de los VG, las exactitudes, y la varianza del error de predicción obtenidos con los modelos alternativos es realizada. Ramírez-Valverde *et al.* (2008a) realizaron esta comparación en la definición de GC y observaron que los promedios de los valores genéticos directos y maternos difirieron poco en las alternativas estudiadas de GC, pero la variabilidad para valores genéticos directos fue mayor cuando GC fue considerado como efecto aleatorio en lugar de fijo.

Correlaciones entre valores genéticos predichos. Ramírez-Valverde *et al.* (2008a) compararon las correlaciones simples entre los VG, entre sus exactitudes y entre las varianzas de los errores de predicción obtenidos con varias combinaciones de alternativas de tamaño mínimo de GC. El fundamento de este método es que si se obtienen estimadores de correlación altos, los cambios en los VG y sus exactitudes en los modelos alternativos son de pequeña magnitud, lo que implicaría que pudiera utilizarse cualquiera de los modelos en comparación, sin que los resultados cambien mucho.

Porcentajes de coincidencia. Indica la proporción de animales comunes en muestras seleccionadas de los mejores o peores valores genéticos obtenidos con los modelos alternativos. Ramírez-Valverde *et al.* (2008a) encontraron que este porcentaje varió de 73 a 90% para los 100 mejores y de 60 a 84% para los 100 peores animales; sin embargo, cuando las muestras a comparar fueron reducidas, el porcentaje de coincidencia aumentó.

Jerarquización de animales. Se refiere a cambios en la jerarquización de una muestra de animales por sus VG (Ramírez-Valverde *et al.*, 2008a; y Ramírez-Valverde *et al.*, 2008b). Este criterio se relaciona con el porcentaje de coincidencia de tal forma que a mayor porcentaje de coincidencia menor cambio en la jerarquización de animales. En el estudio realizado por Moll y Casanova (1999) se observaron pocos cambios en la jerarquización de los animales cuando el GC se consideró fijo o aleatorio.

Regresión de las DEP actuales sobre las anteriores. Los estimadores de los coeficientes de regresión lineal de los valores genéticos y sus exactitudes obtenidos con un modelo sobre los obtenidos con otro modelo alternativo, deberían ser cercanos a la unidad cuando la inclusión de un efecto no influya de manera importante. En un estudio realizado por Ramírez-Valverde *et al.* (2008b) para estudiar la estabilidad de evaluaciones genéticas consecutivas en bovinos para carne, para este criterio consideraron el coeficiente de regresión de las DEPs de animales presentes en ambas evaluaciones y encontraron una relativa inestabilidad para algunas características estudiadas.

Regresión de las diferencias en tendencias genéticas. Este criterio fue utilizado en bovinos lecheros mediante la regresión de las diferencias en tendencias genéticas de evaluaciones genéticas consecutivas sobre el año de nacimiento (Boichard *et al.*, 1992). En un estudio realizado por Ramírez-Valverde *et al.* (2008b) se encontró que los coeficientes de regresión de las diferencias en tendencias genéticas de evaluaciones genéticas consecutivas sobre año de nacimiento fueron diferentes de cero para PD en bovinos Tropicarne y Suizo Europeo.

Comparación del logaritmo de verosimilitud. Consiste en la diferencia del valor de la función de máxima verosimilitud del modelo completo y el sub-modelo, $-2[\log L_i - \log L_i']$. Estas diferencias se distribuyen como ji cuadrada, con grados de libertad equivalentes a la diferencia en el número de parámetros en los modelos comparados (Domínguez, 2002; Gallegos, 2009).

2.4 Literatura citada

- Abraira, V., y A. Pérez. 1996. Métodos Multivariantes en Bioestadística. Centro de Estudios Ramón Areces. <http://www.monografias.com/trabajos7>. Consultada el 2 de noviembre de 2007.
- Ávila M., G. A. 1993. Niveles y efectos de consanguinidad sobre características de crecimiento y reproductivas en ganado Indubrasil y Pardo Suizo bajo un ambiente tropical. Tesis Profesional. Universidad Autónoma Chapingo, México. 80 p.
- BIF (Beef Improvement Federation). 1996. Guidelines for Uniform Beef Improvement Program. 7th ed. Beef Improvement Federation. Colby, KS. 161 p.
- Boichard, D., and A. J. Lee. 1992. Approximate accuracy of genetic evaluation under a single trait animal model. *Journal of Dairy Science* 75: 868-876.
- Bourdon, R. M. 1997. Understanding Animal Breeding. Prentice Hall, New Jersey, USA. 523 p.
- Burrow, H. M. 1993. The effects of inbreeding in beef cattle. *Animal Breeding Abstracts* 61: 737-751.
- Caraviello, D. Z., K. A. Weigel, and D. Gianola. 2004. Analysis of the relationship between type traits, inbreeding, and functional survival in Jersey cattle using a weibull proportional hazard model. *Journal of Dairy Science* 86: 2984-2989.
- Casanova, L., C. Hagger, and N. Kuenzi. 1992. Inbreeding in Swiss Braunvieh and its influence on breeding values predicted from a repeatability animal model. *Journal of Dairy Science* 75: 1119-1126.
- Domínguez V., J. 2002. Evaluación genética de características de crecimiento en ganado bovino Tropicarne. Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma Chapingo, México. 137 p.
- Drumond, A. M., C. G. Fonseca, J. C. C. Pereira, e H. N. Oliveira. 1990. Efeito da endogamia sobre a idade ao primeiro parto e o intervalo entre partos em uma população de elite da raça Nelore. *Revista Brasileira de Medicina Veterinária y Zootecnia* 42: 103-119.
- Duangjinda, M., J. K. Bertrand, I. Misztal, and T. Druet. 2001. Estimation of additive and nonadditive genetic variances in Hereford, Gelbvieh, and Charolais by method R. *Journal of Animal Science* 79: 2997-3001.
- Falconer, D. S., y T. F. C. Mackay. 1996. Introducción a la Genética Cuantitativa. Trad. 4^a ed. en inglés. Acribia, España. 469 p.
- Fernández, A. M. 2005. Consanguinidad en bovinos, lo que se necesita saber. <http://producción-animal.com.ar>. Consultada el 21 de marzo de 2008.

- Ferreira, G. B., M. D. MacNeil, and L. D. Van Vleck. 1999. Variance components and breeding values for growth traits from different statistical models. *Journal of Animal Science* 77: 2641-2650.
- Fioretti, M., A. Rosati, C. Pieramati, and L. D. Van Vleck. 2002. Effect of including inbreeding coefficients for animal and dam on estimates of genetic parameters and prediction of breeding values for reproductive and growth traits of Piedmontese cattle. *Livestock Production Science* 74: 137-145.
- Florio, J. 2005. Consanguinidad en la ganadería bovina. <http://www.aupa.ula.ue/>. Consultada el 21 de mayo de 2007.
- Gallegos R., R. 2009. Correlación genética entre efectos directo y materno del peso al destete de poblaciones bovinas mexicanas. Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma Chapingo, México. 72 p.
- Hanocq, E. D., and D. Boichard. 1999. Connectedness in the French Holstein cattle population. *Genetics Selection Evolution* 31: 163-176.
- Hanocq, E. D., L. Tiphine, et B. Bibè. 1999. Le point sur la notion de connexion en génétique animale. *INRA Productions Animales* 12: 101-111.
- Henderson, C. R. 1973. Sire evaluation and genetic trends. *Journal of Animal Science* 1973: 10-41.
- Hudson, G. F. S., and L. D. Van Vleck. 1984. Inbreeding of artificially bred dairy cattle in the northeastern United States. *Journal of Dairy Science* 67: 161-170.
- Legates, J. E., y E. J. Warwick. 1990. Cría y Mejora del Ganado. 8ª ed. McGraw-Hill, México. 344 p.
- León, E. 2006. El BLUP en el Mejoramiento Genético del Cerdo: reseña bibliográfica. <http://www.sian.info.ve/porcinos/publicaciones/rccpn/Rev41/EDUARD.htm>. Consultada el 15 de abril de 2008.
- MacNeil, M. D., J. J. Urick, S. Newman, and B. W. Knapp. 1992. Selection for post-weaning growth in inbred Hereford cattle: the fort Keogh, Montana Line 1 example. *Journal of Animal Science* 70: 723-733.
- Martínez G., G., J. Petrocinio, y P. Herrera D. 1998. Factores que afectan el peso al destete en un rebaño de bovinos de carne. *Revista de la Facultad de Agronomía* 15: 266-277.
- McCurley, J. R., W. T. Butts., and K. P. Bovard 1984. Growth patterns of Angus, Hereford and Shorthorn cattle. I. Comparison of inbred and noninbred lines, changes in patterns over time and effects of level of inbreeding and reproductive performance. *Journal of Animal Science* 59: 1194-1204.
- Mendoza D., M. 2002. Niveles y efectos de consanguinidad en características productivas de la raza bovina Tropicarne. Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma Chapingo, México. 39 p.

- Meyer, K. 1989. Approximate accuracy of genetic evaluation under an animal model. *Livestock Production Science* 21: 87-95.
- Moll, J., and L. Casanova. 1999. Genetic evaluation of linear type traits for Swiss Braunvieh. *Interbull Bulletin* 22: 132-135.
- Northcutt, L. S., and D. S. Buchanan. 2004. Expected progeny difference: part I, background on breeding value estimation. <http://osufacts.okstate.edu/docushare/dsweb/Get/Document-1976/ANSI-3159.pdf>. Consultada el 29 de febrero de 2008.
- Núñez D., R., y F. A. Rodríguez A. 1995. Modelos que se usan actualmente en evaluaciones genéticas nacionales. *In*: Memorias del Curso Intensivo "Introducción a la Metodología de los Modelos Mixtos. Aplicaciones al Mejoramiento Animal". 31 de julio al 11 de agosto. Facultad de Zootecnia, Universidad Autónoma de Chihuahua, México. 209 p.
- Pariacote, F., L. D. Van Vleck, and M. D. MacNeil. 1998. Effects of inbreeding and heterozygosity on preweaning traits in a closed population of Herefords under selection. *Journal of Animal Science* 76: 1303-1310.
- Plasse, D., y J. Arango. 2002. Más sobre las pruebas genéticas de toros. *Venezuela Bovina* 53: 60. <http://www.pzca.com.ve/vb/contenidovb.html>. Consultada el 31 de marzo de 2008.
- Ramírez-Valverde, R., O. C. Hernández-Alvarez, R. Núñez-Domínguez, A. Ruíz-Flores, y J. G. García-Muñiz. 2007. Análisis univariado vs multivariado en la evaluación genética de variables de crecimiento en dos razas bovinas. *Agrociencia* 41: 271-282.
- Ramírez-Valverde, R., R. Núñez-Domínguez, A. Ruíz-Flores, J. G. García-Muñiz, y F. Magaña-Valencia. 2008a. Comparación de definición de grupos contemporáneos en la evaluación genética de bovinos Suizo Europeo. *Técnica Pecuaria en México* 46: 359-370.
- Ramírez-Valverde, R., R. Núñez-Domínguez, A. Ruíz-Flores, J. G. García-Muñiz, J. Domínguez-Viveros, y H. Hernández-Ramos. 2008b. Estabilidad de las evaluaciones genéticas en poblaciones mexicanas de bovinos para carne. *Técnica Pecuaria en México* 46: 13-24.
- Ravangolo, O., G. Rovere, I. Aguilar, D. Gimeno, y D. La Buonora. 2002. Evaluación genética nacional raza Holando. Montevideo: Asociación Rural de Uruguay. <http://www.inia.org.uy/publicaciones/documentos/lb/pol/2002/Eval2002.pdf>. Consultada el 24 de noviembre de 2008.
- Ruiz F., A. 1992. Determinación de niveles críticos y efectos de consanguinidad sobre características productivas, reproductivas y de crecimiento en ganado Criollo Lechero Centroamericano y Romosinuano bajo condiciones de trópico húmedo. Tesis Magister Scientiae. Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza, Costa Rica. 172 p.
- Ruiz-Flores, A., R. Núñez-Domínguez, R. Ramírez-Valverde, J. Domínguez-Viveros, M. Mendoza-Domínguez, y E. Martínez-Cuevas. 2006. Niveles y

- efectos de la consanguinidad en variables de crecimiento y reproductivas en bovinos Tropicarne y Suizo Europeo. *Agrociencia* 40: 289-301.
- Searle, S. R. 1997. *Linear Models*. John Wiley & Sons, New York, USA. 532 p.
- Shao, J. 1993. Linear model selection by cross-validation. *Journal of the American Statistics Association* 88: 486-494.
- Smith, L. A., B. G. Cassell, and R. E. Pearson. 1998. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. *Journal of Dairy Science* 81: 2729-2737.
- Snelling, W. M., M. D. MacNeil, D. D. Kress, D. C. Anderson, and M. W. Tess. 1996. Factors influencing genetic evaluations of linebred Hereford cattle in diverse environments. *Journal of Animal Science* 74: 1499-1510.
- Thompson, J. R., R. W. Everett, and C. W. Wolfe. 2000. Effects of inbreeding on production and survival in Jersey. *Journal of Dairy Science* 83: 2131-2138.
- Tohidi, R., and R. V. Torshizi. 2006. Effect of inbreeding on breeding values for milk and fat yields in Iran Holstein. *In: Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. 13-18 August. Belo Horizonte, Brazil. pp: s/n.
- Van Wyk, J. B., M. D. Fair, and S. W. P. Cloete. 2009. Case Study: the effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. *Livestock Science* 120: 218-224.
- Varona, L., I. Misztal, and J. K. Bertrand. 1999. Threshold-linear versus linear-linear analysis of birth weight and calving ease using an animal model: comparison of models. *Journal of Animal Science* 77: 2003-2007.
- Varona, L., I. Misztal, J. K. Bertrand, and T. J. Lawlor. 1998. Effect of full sibs on additive breeding values under the dominance model for stature in United States Holsteins. *Journal of Dairy Science* 81: 1126-1135.
- Weigel, K. A. 2001. Controlling inbreeding in modern breeding programs. *Journal of Dairy Science* 84: 177-184.
- Wiggans, G. R., P. M. VanRaden, and J. Zuurbier. 1995. Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. *Journal of Dairy Science* 78: 1584-1590.

3. INCLUSIÓN DEL COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD EN LOS MODELOS PARA LA EVALUACIÓN GENÉTICA DE BOVINOS LECHEROS

3.1 Resumen

El objetivo fue evaluar el efecto de incluir el coeficiente de consanguinidad del animal (F) en los modelos para la evaluación genética de bovinos mexicanos Jersey y Suizo Americano de registro. Para Jersey (J) el modelo convencional que incluyó el efecto fijo de hato-año-estación y los aleatorios genético directo y de ambiente permanente, y otro que adicionalmente consideró F, fueron comparados. Para Suizo Americano (SA) los modelos además incluyeron las covariables lineal de grado de pureza, y lineal y cuadrática de edad de la vaca. Las características analizadas en Jersey fueron las producciones de leche (PL), grasa (PG) y proteína (PP) por lactancia, y los porcentajes de grasa (%G) y proteína (%P) en leche; en Suizo Americano sólo fue analizada PL. Los análisis fueron realizados con el programa MTDFREML; los pedigríes incluyeron 21027 animales J y 124733 SA. Varios criterios para comparar los resultados obtenidos con los dos modelos fueron utilizados. La magnitud del efecto de incluir F en el modelo dependió del criterio de comparación usado y de la característica. El cambio más importante correspondió a los valores genéticos (VG) predichos para %P en J; los VG para las demás características fueron similares con los dos modelos en ambas razas. Los porcentajes de coincidencia entre los 100 sementales superiores evaluados con ambos modelos variaron de 90 a 98% para las variables analizadas. Los coeficientes de regresión de los VG y de exactitudes obtenidos con el modelo convencional sobre los del modelo alternativo fluctuaron entre 0.96 y 1.10, y entre 1.00 y 1.01, respectivamente. En J los estimadores de las varianzas genéticas obtenidas con el modelo alternativo fueron ligeramente menores para PL y PG, mayores para PP, y similares para %G y %P; en SA los estimadores fueron parecidos en los dos modelos. Las h^2 no cambiaron de un modelo al otro. La inclusión de F en los modelos para evaluar genéticamente los bovinos Jersey y Suizo Americano de registro en México no fue necesaria. Sin embargo, se requiere realizar nuevamente esta evaluación cuando el promedio de F sea mayor al actual en estas poblaciones.

Palabras clave: coeficiente de consanguinidad, evaluación genética, Jersey, Suizo Americano.

INCLUSION OF THE INBREEDING COEFFICIENT INTO THE MODELS FOR GENETIC EVALUATION OF DAIRY CATTLE

3.2 Abstract

This research aimed to evaluate the effect of the inclusion of the individual inbreeding coefficient (F) into the models to evaluate genetically Jersey (J) and Brown Swiss (BS) Mexican purebred dairy cattle. In J the conventional model that included the fixed effect of herd-year-season, and the random effects genetic additive, permanent environmental, and residual; and an alternative model that additionally included F, were compared. In BS the models also included the linear covariable of upgrading level, and the linear and quadratic covariable of age of cow at calving. The traits analyzed in J were milk (MY), fat (FY) and protein (PY) yields per lactation, and the percentages of fat (%F) and protein (%P) in milk. In BS only MY was analyzed. The analyses were performed using an animal model and the MTDFREML program. The pedigrees for J and BS included 21027 and 124733 animals. Several criteria to compare the results from the two alternative models were used. The effect of the inclusion of F into the model depended on the criterion of comparison and the trait. The most notorious change was for the predicted breeding values (BV) for %P in J; the BV for the other traits remained essentially the same with the two models in both breeds. The percentage of coincidence among the top 100 sires evaluated with the two models ranged from 90 to 98% for the traits analyzed. The regression coefficients of BV and their accuracies from the conventional model on the BV and their accuracies from the alternative model ranged from 0.96 to 1.10, and from 1.00 to 1.01, respectively. The estimates of the genetic variance obtained with the alternative model were slightly lower for MY and FY, higher for PY, and similar for %F and %P in J. In BS the estimates in the two models remained essentially the same. The h^2 estimates did not change from one model to the other for all the traits. The results suggest that the inclusion of F into the models to evaluate genetically Jersey and Brown Swiss purebred Mexican dairy cattle was not necessary. However, it is required to perform this evaluation when the average for F is higher than it is today.

Keywords: inbreeding coefficient, genetic evaluation, Jersey, Brown Swiss.

3.3 Introducción

En las evaluaciones genéticas de los animales interesa mejorar la exactitud en la predicción de los valores genéticos (VG) y con este objetivo se han evaluado varias estrategias. Fioretti *et al.* (2002) estudiaron el efecto de incluir los coeficientes de consanguinidad del animal y de la madre para estimar parámetros genéticos, y predecir los VG de características productivas y reproductivas en bovinos Piedmontese; estos autores encontraron que no fue necesaria la inclusión del coeficiente de consanguinidad en el modelo para estimar los componentes de varianza y los parámetros genéticos.

La consanguinidad también puede influir en la estimación de la varianza del error de predicción (PEV). Al respecto, Boichard y Lee (1992) observaron menor exactitud cuando se presentaron incrementos en consanguinidad al aplicar el método de Meyer (1989), para aproximar la exactitud de la evaluación con un modelo animal. En el estudio de Wiggans *et al.* (1995) se encontró que el 95.6% de los valores genéticos predichos difirieron de -4.0 a 5.0 kg para producción de leche en bovinos Jersey, cuando el coeficiente de consanguinidad fue considerado o no en la inversa de la matriz de relaciones genéticas. Estos autores concluyeron que la inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos estadísticos tuvo poco impacto en la predicción de los valores genéticos para rendimiento, pero que un mayor impacto puede ocurrir con el incremento de consanguinidad.

De acuerdo con Casanova *et al.* (1992), la consanguinidad puede tener un efecto doble en la evaluación genética de una población. Por una parte, puede influir en los supuestos del modelo genético; por ejemplo, la varianza de los valores genéticos de los animales consanguíneos podrá estar sobrestimada por la covarianza entre los valores genéticos de los padres; y por otra, la consanguinidad puede influir adversamente en el comportamiento fenotípico y por tanto muy probablemente en los resultados de la evaluación.

Los efectos de la consanguinidad en el comportamiento productivo de bovinos lecheros están ampliamente documentados en la literatura. Smith *et al.* (1998) reportaron que por cada 10% que aumenta el coeficiente de consanguinidad disminuyeron 370 kg la producción de leche, 12 kg la de grasa, 12 kg la de proteína y hasta 131 días la vida productiva de bovinos Holstein. Similarmente, Wiggans *et al.* (1995) encontraron que con este mismo incremento de consanguinidad se disminuyeron en 296 kg de leche, 10.8 kg grasa y 9.7 kg de proteína por lactancia en bovinos Holstein.

En México la población de bovinos Jersey es relativamente pequeña; Santos (2007) encontró 8009 animales consanguíneos, que representaron 69% de la población total; el porcentaje de F en la población completa fue 1.9 ± 2.6 y en los animales consanguíneos fue 2.7 ± 2.7 . En Suizo Americano, Reséndiz (2009) identificó 25027 animales consanguíneos, que representaron 25% de la población total; el promedio para F fue 1.5 ± 4.5 en la población completa y 5.8 ± 7.5 en los animales consanguíneos.

Las poblaciones de bovinos Jersey (J) y Suizo Americano (SA) mexicanas son evaluadas genéticamente a partir de 2004 (Núñez *et al.*, 2004), y el coeficiente de consanguinidad no es incluido en los modelos utilizados. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de la inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos para la evaluación genética de las producciones por lactancia de leche, grasa y proteína; y porcentajes de grasa y proteína en leche de bovinos Jersey; y producción de leche por lactancia en bovinos Suizo Americano.

3.4 Materiales y métodos

Origen de la información

La información analizada para ganado Jersey, forma parte de la base de datos productivos y genealógicos de la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Jersey de Registro, A. C. Los registros de comportamiento productivo usados fueron colectados de 1998 a 2008 en ranchos de siete estados del país. La

información de Suizo Americano fue proporcionada por la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro, A. C; el ganado Suizo de registro está localizado en 33 ranchos, ubicados en 12 estados de México.

Las variables analizadas para J fueron las producciones por lactancia ajustada a 305 d de leche (PL), grasa (PG) y proteína (PP), y los porcentajes de grasa (%G) y proteína de la leche (%P); para SA sólo se analizó la producción de leche por lactancia ajustada a 210 d (PL). Los pedigríes incluyeron 21027 animales Jersey y 124733 Suizo Americano.

Modelos de análisis

Las características estudiadas en Jersey fueron ajustadas a 305 d y equivalente maduro, y fueron eliminados los registros por arriba o por debajo de tres desviaciones estándar de la media. En Suizo Americano la producción de leche fue ajustada a 210 d. Los grupos contemporáneos fueron formados combinando los efectos de hato, año y estación; la conectividad genética entre hatos fue determinada con el programa AMC (Roso y Schenkel, 2006). En el Cuadro 8 se presentan estadísticos descriptivos de los datos analizados.

Cuadro 8. Estadísticos descriptivos de los datos utilizados en los análisis.

Raza	Variable ^z	Número de Lactancias	Mínimo	Máximo	Media	Desviación estándar
Jersey	PL	5119	2020.0	14880.0	7659.2	2620.0
	PP	4719	60.0	572.0	286.8	97.2
	PG	4994	12.0	723.0	338.3	132.0
	%P	4719	2.0	5.5	3.66	0.5
	%G	4919	2.5	6.6	4.53	0.68
Suizo						
Americano	PL	4626	1560.0	7763.0	3989.9	1100.8

^zPL, PP, PG, %P y %G = producciones (kg) de leche, proteína y grasa por lactancia, y porcentajes de proteína y grasa en leche, respectivamente.

Los análisis estadísticos para estimar varianzas y predecir los valores genéticos y sus exactitudes, fueron realizados utilizando el programa de máxima verosimilitud restringida, sin el uso de derivadas y multivariado (MTDFREML, Boldman *et al.*, 1995).

Los modelos convencional (Modelo 1) y el alternativo (Modelo 2) para evaluar el efecto de la inclusión del coeficiente de consanguinidad del individuo se muestran a continuación:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wpe} + \mathbf{e} \quad \text{Modelo 1}$$

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}_{(F)}\mathbf{b} + \mathbf{Za} + \mathbf{Wpe} + \mathbf{e} \quad \text{Modelo 2}$$

donde, $\mathbf{y}$ es el vector de registros de las variables analizadas; $\mathbf{b}$ es el vector de efectos fijos, que incluyó el efecto de grupo contemporáneo, y para Suizo Americano incluyó además la covariable lineal de grado de pureza, y las covariables lineal y cuadrática de edad de la vaca al parto; $\mathbf{a}$ es el vector de valores genéticos aditivos directos; $\mathbf{pe}$ es el vector de efectos aleatorios de ambiente permanente de la vaca; $\mathbf{e}$ es el vector de efectos aleatorios residuales; y $\mathbf{X}$, $\mathbf{Z}$ y $\mathbf{W}$ son matrices de incidencia que asocian los vectores correspondientes con $\mathbf{y}$; $\mathbf{X}_{(F)}$ es la matriz $\mathbf{X}$ con una columna adicional para el coeficiente de consanguinidad de cada animal. Para estos modelos se supuso:

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

$$\text{Var} \begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{pe} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{A}\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{I}_V\sigma_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{I}_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

donde, $\mathbf{A}$ es la matriz de relaciones genéticas aditivas entre los animales; $\mathbf{I}$ es una matriz identidad; $\mathbf{V}$ es igual al número de vacas; $\mathbf{N}$ es el número de animales con registro, y σ_a^2 , σ_{pe}^2 , y σ_e^2 son las varianzas genética aditiva directa, de ambiente permanente, y residual.

Criterios para la comparación de modelos

Los criterios para decidir si el coeficiente de consanguinidad deberá ser incluido en el modelo para la evaluación genética fueron los siguientes:

Estimación de significancia utilizando los estimadores de regresión y sus errores estándar: para cada variable se obtuvo el cociente del estimador de regresión del valor fenotípico sobre el coeficiente de consanguinidad del individuo, dividido entre su error estándar. Si el valor obtenido es superior a 2.0, se consideró que el efecto de consanguinidad para la característica en estudio es significativo ($\alpha < 0.05$, Telo, 2003).

Correlación entre los valores genéticos predichos. Los estimadores de las correlaciones producto-momento de Pearson y de rango de Spearman, entre los valores genéticos predichos y entre las exactitudes obtenidos con los modelos sin y con el coeficiente de consanguinidad, fueron utilizados para determinar el efecto de la inclusión del coeficiente de consanguinidad en la jerarquización de los valores genéticos predichos de los animales considerados en el pedigrí. Estos estimadores se obtuvieron utilizando el programa SAS (SAS, 2002).

Porcentaje de coincidencia entre los valores genéticos predichos de los mejores sementales. Para cuantificar los cambios en la jerarquización de los animales con los mejores valores genéticos predichos, se utilizó el porcentaje de coincidencia para los 100 sementales con mérito genético más alto obtenidos con cada uno de los modelos en comparación.

Regresión de los valores genéticos predichos. Se obtuvieron los estimadores de los coeficientes de regresión lineal de los valores genéticos predichos y sus exactitudes obtenidos con el Modelo 1 sobre los obtenidos con el Modelo 2. Estos estimadores fueron obtenidos con el procedimiento REG de SAS (SAS, 2002).

Estimadores de componentes de varianza y heredabilidad. Para cada característica se compararon los estimadores de las varianzas de los efectos genético aditivo directo, de ambiente permanente y residual, así como las heredabilidades obtenidas con los dos modelos.

Adicionalmente, se obtuvieron los rangos para los valores genéticos predichos para la población completa y considerando sólo los animales consanguíneos. Los efectos de consanguinidad en las variables estudiadas, fueron estimados mediante la regresión lineal de la observación fenotípica correspondiente sobre el coeficiente de consanguinidad del animal.

3.5 Resultados y discusión

En el Cuadro 9 se muestra la distribución por niveles de consanguinidad de los bovinos Jersey y Suizo Americano utilizados en este estudio. Las proporciones de animales consanguíneos fueron 48.6% y 24.4%, para J y SA. Puede observarse que sólo el 2.14% de los animales consanguíneos tuvieron niveles de consanguinidad mayor al 10% en J, y el 15.3% de animales consanguíneos mostró niveles de consanguinidad mayores que 10% en SA. Los promedios del coeficiente de consanguinidad fueron 1.35 ± 2.43 y 1.24 ± 2.23 en la población completa y 2.78 ± 2.86 y 5.07 ± 7.33 en los animales consanguíneos para J y SA, respectivamente, estos promedios se pueden considerar bajos. Fioretti *et al.* (2002) estimaron promedios de consanguinidad en ganado Piedmontese similares a los de este estudio, 1.3 y 5.9% para todos los animales y para los animales consanguíneos.

Los promedios de consanguinidad obtenidos en este estudio son menores a los reportados en bovinos Holstein por Kearney *et al.* (2004), quienes encontraron 96.0% de animales consanguíneos, aunque con promedio para el coeficiente de consanguinidad de 6.25%. En otro estudio con bovinos Holstein, Wiggans *et al.* (1995) encontraron que 92.75% de los animales fueron consanguíneos. Por su parte, Santos (2007) en bovinos Jersey mexicanos de registro obtuvo promedios de consanguinidad de 1.9 ± 2.6 y 2.7 ± 2.7 para la población completa

y para los animales consanguíneos. De manera similar Reséndiz (2009) en bovinos mexicanos Suizo Americano de registro, encontró promedios de consanguinidad de 1.48 ± 4.50 y 5.80 ± 7.50 en la población completa y en los animales consanguíneos.

Efectos de consanguinidad y significancia de la inclusión de F en los modelos

En el Cuadro 10 se muestran los estimadores de los coeficientes de regresión para cada una de las variables estudiadas, sobre el coeficiente de consanguinidad del animal. En general, los efectos de consanguinidad en este estudio se encuentran dentro del rango reportado en la literatura para estas características. En bovinos Jersey hubo una disminución de 12.8 ± 17.09 kg de leche, 0.32 ± 7.01 kg de grasa y un aumento de 0.82 ± 1.19 kg de proteína por lactancia, por cada 1% de aumento en F; de manera similar, en los porcentajes de grasa y proteína también hubo aumentos, aunque de muy baja magnitud. En bovinos Suizo Americano se asoció una reducción de 14.2 ± 38.3 kg de leche por lactancia a un aumento de 1% en F. Los cocientes de los estimadores de regresión para cada una de las características sobre el coeficiente de consanguinidad del animal, dividido entre su error estándar, fueron menores que 2.0 en todos los casos; por tanto, de acuerdo con Telo (2003) estos estimadores no fueron significativos ($P > 0.05$). Estos resultados podrían estar influenciados por los bajos niveles de consanguinidad en estas poblaciones.

Cuadro 9. Número y porcentaje de bovinos por nivel de consanguinidad (F) en las poblaciones bovinas mexicanas Jersey y Suizo Americano de registro, respecto a la población total y a los animales consanguíneos.

Nivel de F	Número		PT ^z		AC ^y	
	Jersey	Suizo Americano	Jersey	Suizo Americano	Jersey	Suizo Americano
0	10806	94312	51.39	75.61		
>0≤2	5129	15983	24.39	12.81	50.18	52.54
>2≤5	3556	6423	16.91	5.15	34.79	21.11
>5≤8	1135	2921	5.40	2.34	11.10	9.60
>8≤10	193	437	0.92	0.35	1.89	1.44
>10≤12	32	79	0.15	0.06	0.31	0.26
>12≤15	126	1513	0.60	1.21	1.23	4.97
>15≤18	16	101	0.08	0.08	0.16	0.33
>18≤20	1	132	0.00	0.11	0.01	0.43
>20≤25	11	2375	0.05	1.90	0.11	7.81
>25≤30	20	383	0.10	0.31	0.20	1.26
>30≤35	0	34	0.00	0.03	0.00	0.11
>35≤40	2	38	0.01	0.03	0.02	0.12
>40≤45	0	2	0.00	0.00	0.00	0.01
Total	21027	124733	100.00	100.00	100.00	100.00

^zPT = porcentaje de animales por nivel de consanguinidad respecto a la población total, ^yAC = porcentaje de animales por nivel de consanguinidad respecto a los animales consanguíneos.

Cuadro 10 Estimadores de los coeficientes de regresión lineal para las variables^z estudiadas sobre el coeficiente de consanguinidad del animal (kg/1% F) en bovinos Jersey y Suizo Americano de registro.

Variable	Jersey	Suizo Americano
PL, kg	-12.8±17.09	-14.2±38.3
PG, kg	-0.32±7.01	
PP, kg	0.82±1.19	
%G	0.003±0.011	
%P	0.046±0.097	

^zPL, PP, PG, %P y %G = producciones (kg) de leche, proteína y grasa por lactancia, y porcentajes de proteína y grasa en leche, respectivamente.

Resultados contrarios a los obtenidos en el presente trabajo fueron encontrados en un estudio realizado en bovinos Holstein, por Smith *et al.* (1998), quienes encontraron que a cada aumento de 1.0% en el coeficiente de consanguinidad del animal se asoció una disminución de 95.49±33.35 kg de leche, 3.25±1.21 kg de grasa y 2.93±1.05 kg de proteína por lactancia. En otro estudio Wiggans *et al.* (1995) observaron en bovinos Holstein reducciones de 29.6 kg de leche, 1.1 kg de grasa y 0.97 kg de proteína por lactancia, asociados a un aumento porcentual de consanguinidad. En bovinos Ayrshire, Guernsey, Holstein, Jersey y Pardo Suizo de primera lactancia, se observó que por cada 1.0% que aumentó consanguinidad, se redujeron de 14.8 a 39.5 kg y de 0.78 a 1.36 kg las producciones de leche y grasa por lactancia (Hudson y Van Vleck, 1984).

Correlación entre los valores genéticos predichos

En el Cuadro 11 se muestran los estimadores de las correlaciones producto-momento de Pearson y de rango de Spearman, entre los valores genéticos predichos (VG) y entre las exactitudes, obtenidos con ambos modelos en las poblaciones estudiadas. En general, los estimadores fueron positivos y cercanos a la unidad, lo que significa que los valores genéticos predichos con ambos modelos fueron similares. Cuando el coeficiente de consanguinidad fue

incluido en el modelo, el cambio más importante fue observado en los VG predichos para porcentaje de proteína y producción de grasa en Jersey (0.94 y 0.96), mientras que para las demás características los estimadores de las correlaciones (>0.99) sugieren que los VG cambiaron muy poco en ambas razas.

Cuadro 11. Estimadores de la correlación producto-momento de Pearson y de rango de Spearman entre los valores genéticos predichos (r_{vg}) y entre las exactitudes (r_{ex}) para las poblaciones completas, con los modelos con y sin el coeficiente de consanguinidad.

Raza	Variable ^z	Correlaciones Spearman		Correlaciones Pearson	
		r_{vg}	r_{ex}	r_{vg}	r_{ex}
Jersey	PL	0.999	0.999	0.999	0.999
	PP	0.993	0.999	0.997	0.999
	PG	0.963	0.999	0.987	0.999
	%P	0.943	0.999	0.972	0.999
	%G	0.999	0.999	0.999	0.999
Suizo Americano	PL	0.998	0.999	0.999	0.999

^zPL, PP, PG, %P y %G = producciones (kg) de leche, proteína y grasa por lactancia, y porcentajes de proteína y grasa en leche, respectivamente.

Los resultados anteriores coinciden con los obtenidos en la investigación de Tohidi y Torshizi (2006) con vacas Holstein. En dicho estudio fueron obtenidos estimadores de los coeficientes de las correlaciones de Pearson y de rango de Spearman superiores a 0.997 entre los valores genéticos predichos para los rendimientos de leche y grasa por lactancia; los resultados de este estudio, sugieren que la inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos no tuvo efectos importantes en la predicción de los valores genéticos. Estos autores atribuyeron este resultado al bajo coeficiente de consanguinidad promedio en la población estudiada (0.18%) y a la alta proporción de animales no consanguíneos (91%); también se observó que las diferencias en los valores genéticos predichos promedio para las producciones de leche y grasa obtenidos con los modelos alternativos incrementaron conforme el coeficiente de consanguinidad aumentó. De manera similar a los resultados obtenidos en el presente estudio, Varona *et al.* (1998) compararon un modelo que consideró los

efectos de manejo, edad, etapa de lactación, ambiente permanente, genético aditivo directo y dominancia parental, y la covariable coeficiente de consanguinidad (F) con dos modelos alternativos de los cuales uno excluyó F y el otro el efecto de dominancia parental y obtuvieron correlaciones entre los valores genéticos predichos superiores a 0.999.

Porcentaje de coincidencia entre los valores genéticos predichos de los mejores sementales

En el Cuadro 12 se presentan los porcentajes de coincidencia entre los 100 sementales superiores evaluados con el modelo convencional y el que incluyó el coeficiente de consanguinidad. Las diferencias obtenidas entre incluir o no F en el modelo para la evaluación genética fueron pequeñas. Los porcentajes de coincidencia para las variables estudiadas variaron de 90 a 98% en ambas razas. Esto implica que se esperarían pocos cambios en la jerarquización de los VG de los animales evaluados en ambas razas al utilizar uno u otro modelo. Los resultados de este estudio son similares a los obtenidos por Sigurdsson y Jonmundsson (1995) en bovinos lecheros Islandeses, estos autores no observaron un efecto importante de la inclusión de consanguinidad en la jerarquización dentro de año de los animales evaluados. Los promedios encontrados dentro de año de nacimiento de las correlaciones de rango en el estudio de estos autores fueron 0.997, 0.998 y 0.996, para la primera, segunda y tercera lactancias, respectivamente.

Cuadro 12. Porcentajes de coincidencia entre los 100 sementales con los valores genéticos predichos más altos obtenidos con los modelos con y sin el coeficiente de consanguinidad en bovinos Jersey y Suizo Americano.

Raza	Variable ^z	% coincidencia
Jersey	PL	98
	PP	93
	PG	91
	%P	90
	%G	98
Suizo Americano	PL	97

^zPL, PP, PG, %P y %G = producciones (kg) de leche, proteína y grasa por lactancia, y los porcentajes de proteína y grasa en leche, respectivamente.

Regresión de los valores genéticos predichos

Los estimadores de los coeficientes de regresión para los valores genéticos predichos y las exactitudes obtenidos con el modelo convencional sobre los obtenidos con el modelo alternativo, variaron entre 0.96 y 1.10 para valores genéticos, y entre 1.00 y 1.01 para exactitudes en la raza Jersey; valores similares fueron observados para bovinos Suizo Americano (Cuadro 13). Estos resultados indican que los valores genéticos obtenidos con un modelo, pueden predecir con un alto nivel de confiabilidad los VG que serían obtenidos con el modelo alternativo en ambas razas.

Cuadro 13. Estimadores de los coeficientes de regresión de los valores genéticos predichos y exactitudes obtenidos con el modelo que no incluyó el coeficiente de consanguinidad (1) sobre los del modelo que lo incluyó (2).

Raza	Variable ^z	$b[(vg_1)/(vg_2)]^y$	$b[(E_1)/(E_2)]^x$
Jersey	PL	1.009	1.003
	PP	0.962	1.013
	PG	1.090	1.011
	%P	1.096	1.007
	%G	1.006	1.006
Suizo Americano	PL	0.997	0.999

^zPL, PP, PG, %P y %G = producciones (kg) de leche, proteína y grasa por lactancia, y porcentajes de proteína y grasa en leche, respectivamente. ^y $b[(vg_1)/(vg_2)]$ = coeficiente de regresión de los valores genéticos predichos con el modelo 1 sobre los del modelo 2; ^x $b[(E_1)/(E_2)]$ = coeficiente de regresión de las exactitudes obtenidas con el modelo 1 sobre las del modelo 2.

Estimadores de componentes de varianza y heredabilidad

En el Cuadro 14 se muestran los estimadores de heredabilidad (h^2) y de los componentes de varianza obtenidos con los modelos en comparación. Para los bovinos Jersey, las magnitudes de los estimadores de la varianza genética aditiva directa estimados con el Modelo 2 fueron ligeramente menores para PL y PG, mayor para PP, y similares para %G y %P; igualmente, los estimadores de la varianza residual del Modelo 1 fueron similares a los obtenidos con el Modelo 2. Para Suizo Americano tanto la varianza genética aditiva directa como la residual permanecieron sin cambios notorios.

Para los bovinos Jersey, el cambio en los estimadores de las varianzas de ambiente permanente para PP fue de magnitud pequeña; los estimadores obtenidos con el Modelo 2 fueron menor para PL y mayor para PG que los obtenidos con el Modelo 1, mientras que para %G y %P no hubo cambios. En Jersey los cambios más notorios en los estimadores de la varianza fenotípica de un modelo a otro fueron observados para PL y PG, manteniéndose muy similares para PP, %G y %P. En Suizo Americano no hubo cambios notorios en este estimador. Por lo anterior, la proporción de varianza de ambiente permanente sobre la varianza fenotípica se mantuvo sin cambios para todas las características en las dos razas estudiadas. Los estimadores de heredabilidad obtenidos también se mantuvieron sin cambios de un modelo a otro para todas las características analizadas.

Cuadro 14. Estimadores de los componentes de varianza de efectos genéticos directos (u), ambiente permanente (pe), residual (e), fenotípica (p), y proporción de la varianza de ambiente permanente entre la varianza fenotípica (pe/p) y heredabilidades (h^2) para características de producción en bovinos Jersey y Suizo Americano de registro.

Raza	Variable ^z	Modelo ^y	u ^x	pe ^w	e ^v	p ^u	t ^h 2	pe/p ^s
Jersey	PL	1	4189.18	2609.0	11624.0	18422.18	0.23±0.033	0.14
		2	4178.71	2590.0	11625.0	18393.17	0.23±0.033	0.14
	PG	1	500.61	478.04	3155.75	4134.40	0.12±0.025	0.12
		2	481.51	488.57	3153.80	4123.88	0.12±0.025	0.12
	PP	1	331.22	268.00	2483.26	3082.47	0.11±0.025	0.09
		2	335.32	267.24	2479.37	3081.94	0.11±0.025	0.09
	%G	1	0.04	0.02	0.22	0.28	0.15±0.029	0.07
		2	0.04	0.02	0.22	0.28	0.15±0.029	0.07
	%P	1	0.05	0.00	0.15	0.20	0.24±0.031	0.00
		2	0.05	0.00	0.15	0.20	0.24±0.031	0.00
Suizo	PL	1	496.1	1030.1	3492.2	4975.5	0.10±0.030	0.69
Americano		2	494.7	1031.3	3496.7	4972.8	0.10±0.030	0.69

^zPL, PG, PP, %P y %G = producciones (kg) de leche, grasa y proteína por lactancia, y porcentajes de proteína y grasa en leche, respectivamente. ^xu = varianza de efectos genéticos directos; ^wpe = varianza de ambiente permanente; ^ve = varianza residual; ^up = varianza fenotípica; ^tpe/p = proporción de la varianza de ambiente permanente entre la varianza fenotípica; ^s h^2 = heredabilidad. ^y1 = modelo sin coeficiente de consanguinidad; 2 = modelo que incluyó el coeficiente de consanguinidad.

En bovinos Hereford, Ferreira *et al.* (1999) compararon 12 modelos que difirieron en los efectos incluidos, y observaron que los estimadores de varianza y heredabilidad fueron similares, independientemente si el coeficiente de consanguinidad fue incluido o no en el modelo. Similarmente, Fioretti *et al.* (2002) evaluaron dos modelos en bovinos Piedmontese, uno incluyó los coeficientes de consanguinidad del animal y de la madre como covariables y el otro no, y encontraron que las diferencias en los estimadores de las heredabilidades para edad a la primera inseminación, edad al primer parto, peso a los 120 días, peso al año en hembras y peso al año en machos fueron de 0.0 a 0.01.

Rango de los valores genéticos predichos considerando la población completa y sólo los padres consanguíneos ($F>0$)

En el Cuadro 15 se presentan los rangos de los valores genéticos predichos considerando la población completa y sólo los padres consanguíneos y su progenie, se puede observar que cuando se consideraron padres consanguíneos los rangos para los valores genéticos de las variables analizadas disminuyeron ligeramente. Estos resultados son contrarios a los encontrados en otras investigaciones. En un estudio en bovinos lecheros Braunvieh, realizado para evaluar el efecto del coeficiente de consanguinidad en la predicción de los valores genéticos, se observó que en la población completa incluyendo animales consanguíneos y no consanguíneos, sólo 0.8% de los valores genéticos para producción de leche difirieron más de 5.5 kg, y cuando se hizo la evaluación considerando sólo los padres con consanguinidad mayor que 10%, el 66.4% de los valores genéticos predichos difirieron en más de 5.5 kg (Casanova *et al.*, 1992). Estos autores sugieren que la progenie de padres consanguíneos pudiera tener valores genéticos sobreestimados con relación a la población completa en las evaluaciones genéticas.

Cuadro 15. Rango de los valores genéticos predichos para las variables^z evaluadas considerando la población completa y sólo los padres consanguíneos (F>0) en bovinos Jersey y Suizo Americano de registro.

Variable	Población completa		Padres consanguíneos	
	Jersey	Suizo Americano	Jersey	Suizo Americano
PL	-13.1 a 22.3	-3.60 a 5.58	-11.0 a 19.4	-3.61 a 5.57
PG	-28.4 a 60.4		-27.1 a 60.3	
PP	-35.6 a 42.4		-32.5 a 35.5	
%G	-0.72 a 0.44		-0.62 a 0.40	
%P	-0.81 a 0.35		-0.86 a 0.32	

^zPL, PP, PG, %P y %G = producciones (kg) de leche, proteína y grasa por lactancia, y porcentajes de proteína y grasa en leche, respectivamente.

Los resultados obtenidos con los diferentes criterios utilizados para determinar la inclusión del coeficiente de consanguinidad en el modelo, sugieren que no es necesario incluir el coeficiente de consanguinidad. A esta misma conclusión arribaron Ferreira *et al.* (1999), quienes no observaron cambios en los estimadores de parámetros genéticos y componentes de varianza obtenidos con los modelos con o sin consanguinidad en bovinos Hereford. Conclusiones similares fueron obtenidas por Fioretti *et al.* (2002) en bovinos Piedmontese y por Sigurdsson y Jonmundsson (1995) en bovinos lecheros Islandeses. Por el contrario Tohidi y Torshizi (2006) recomiendan incluir el coeficiente de consanguinidad en el modelo para la evaluación genética de las producciones de leche y grasa en ganado Holstein. Estos autores argumentan que ignorar el coeficiente de consanguinidad en los modelos, incrementa las diferencias entre los valores genéticos para las variables estudiadas y que F está aumentando en la población Holstein que evaluaron.

El efecto de la inclusión del coeficiente de consanguinidad quizá no fue importante debido a que los niveles de consanguinidad en las poblaciones es relativamente bajo, en bovinos Jersey se encontró que sólo 2.14% de los animales consanguíneos tuvieron niveles de consanguinidad mayor que 10%, y

en Suizo Americano 5.3% de animales consanguíneos tuvieron niveles mayor que 10%.

3.6 Conclusiones

Actualmente no es necesaria la inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos para la evaluación genética de producción de leche y sus componentes sólidos en bovinos Jersey, y de producción de leche en Suizo Americano. Sin embargo, se recomienda evaluar nuevamente la inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos para la evaluación genética, cuando el promedio de consanguinidad en estas poblaciones sea superior al actual.

3.7 Literatura citada

- Boichard, D., and A. J. Lee. 1992. Approximate accuracy of genetic evaluation under a single-trait animal model. *Journal of Dairy Science* 75: 868-877.
- Boldman, K. G., L. A. Kriese, L. D. 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.
- Casanova, L., C. Hagger, N. Kuenzi, and M. Schneeberger. 1992. Inbreeding in Swiss Braunvieh and its influence on breeding values predicted from a repeatability animal model. *Journal of Dairy Science* 75: 1119-1126.
- Ferreira, G. B., M. D. MacNeil, and L. D. Van Vleck. 1999. Variance components and breeding values for growth traits from different statistical models. *Journal of Animal Science* 77: 2641-2650.
- Fioretti, M., A. Rosati, C. Pieramati, and L. D. Van Vleck. 2002. Effect of including inbreeding coefficients for animal and dam on estimates of genetic parameters and prediction of breeding values for reproductive and growth traits of Piedmontese cattle. *Livestock Production Science* 74: 137-145.
- Hudson, G. F. S., and L. D. Van Vleck. 1984. Inbreeding of artificially bred dairy cattle in the northeastern United States. *Journal of Dairy Science* 67: 161-170.
- Kearney, J. F., E. Wall, B. Villanueva, and M. P. Coffey. 2004. Inbreeding trends and application of optimized selection in the UK Holstein population. *Journal of Dairy Science* 87: 3503-3509.

- Meyer, K. 1989. Approximate accuracy of genetic evaluation under an animal model. *Livestock Production Science* 21: 87-95.
- Núñez D., R., R. Ramírez V., A. Ruíz F., y J. Domínguez V. 2004. Resumen de evaluaciones genéticas para ganado Jersey 2004. *Boletín Técnico*. Universidad Autónoma Chapingo, México. 44 p.
- Reséndiz H., M. 2009. Niveles y tendencias de consanguinidad en bovinos Suizo Americano de registro en México. Tesis Profesional. Universidad Autónoma Chapingo, México. 37 p.
- Reverter, A., B. L. Golden, R. M. Bourdon, and J. S. Brinks. 1994. Detection of bias in genetic predictions. *Journal of Animal Science* 72: 34-37.
- Roso, V. M., and F. S. Schenkel. 2006. AMC-A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. *In: Proceedings the of 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Belo Horizonte, Brazil. August 13-18. Poster 27-26.
- Santos C., A. 2007. Niveles y tendencias de consanguinidad en bovinos Jersey de registro mexicanos. Tesis Profesional. Universidad Autónoma Chapingo, México. 41 p.
- SAS User's Guide: Statistics. 2002. Version 9.1.3 Edition. SAS. Institute Inc., Cary, NC, USA.
- Smith, L. A., B. G. Cassell, and R. E. Pearson. 1998. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. *Journal of Dairy Science* 81: 2729-2737.
- Sigurdsson, A., and J. V. Jonmundsson. 1995. Inbreeding and its impact in the closed population of Icelandic dairy cattle. *Acta Agriculturae Scandinavica* 45: 11-16.
- Telo, L., G. 2003. Melhoramento Genético Animal Avançado. *In: Memórias del II Curso Internacional Avançado de Melhoramiento Genético Animal*. 24 de maio a 1 de junho. *Estação Zootécnica Nacional*, Portugal. 73 p.
- Tohidi, R., and R. V. Torshizi. 2006. Effect of inbreeding on breeding values for milk and fat yields in Iran Holstein. *In: Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. August 13-18. Belo Horizonte, Brazil. pp: s/n.
- Varona, L., I. Misztal, J. K. Bertrand, and T. J. Lawlor. 1998. Effect of full sibs on additive breeding values under the dominance model for stature in United States Holsteins. *Journal of Dairy Science* 81: 1126-1135.
- Wiggans, G. R., P. M. VanRaden, and J. Zuurbier. 1995. Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. *Journal of Dairy Science* 78: 1584-1590.

4. INCLUSIÓN DEL COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD EN LOS MODELOS PARA LA EVALUACIÓN GENÉTICA DE BOVINOS PARA CARNE

4.1 Resumen

El objetivo fue evaluar el efecto de incluir los coeficientes de consanguinidad del animal (F_c) y de la madre (F_m) en los modelos para la evaluación genética de bovinos mexicanos de registro Tropicarne (T), Suizo Europeo (SE) y Angus (A). El modelo convencional que incluyó el efecto fijo de ható-año-estación-sexo de la cría, y las covariables lineal y cuadrática de edad de la vaca, para T las covariables lineales de heterosis individual y materna, y para SE el grado de pureza; los efectos aleatorios incluidos fueron genéticos aditivos directo, materno y su covarianza, y de ambiente permanente de la vaca y residual (Modelo 1); y otro que adicionalmente incluyó F_c y F_m (Modelo 2), fueron comparados. Las características analizadas en T fueron los pesos al nacimiento (PN), al destete (PD), al año (PA) y a los 18 meses (P18M); y para A y SE fueron estudiados PN, PD y PA. Los análisis fueron realizados usando el programa MTDFREML. Los archivos de pedigrí incluyeron 5724 animales T, 135829 SE y 29574 A. Varios criterios fueron utilizados para comparar los resultados obtenidos con los modelos alternativos. La magnitud del efecto de incluir F en los modelo dependió del criterio de comparación usado y de la característica. No hubo cambios notorios en los valores genéticos predichos para las características analizadas en las tres razas. Los porcentajes de coincidencia entre los 100 sementales superiores fueron de 96 a 100% para las variables analizadas en las tres razas. Los estimadores de los coeficientes de regresión de los VG y exactitudes obtenidos con el Modelo 1 sobre los obtenidos con el Modelo 2 variaron de 0.98 a 1.01 para los VG y de 0.99 a 1.00 para las exactitudes, considerando todas las características y las tres razas estudiadas. En T, los estimadores de las varianzas genéticas directa (u_g) y materna (u_m) fueron similares en todas las características, sólo para P18M u_g fue menor en el Modelo 2; para A, u_g y u_m fueron similares para las características estudiadas, sólo u_g fue mayor para PA y u_m fue menor con el Modelo 2; mientras que en SE los estimadores de u_g y u_m no difirieron de un modelo a otro. Los cambios en los estimadores de h^2_d y h^2_m obtenidos con los modelos en comparación fueron de 0.00 a 0.01. No resultó necesaria la inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos para evaluar genéticamente los bovinos Tropicarne, Angus y Suizo Europeo. Sin embargo, se recomienda realizar nuevamente esta evaluación cuando el promedio de F sea superior al actual.

Palabras clave: coeficiente de consanguinidad, evaluación genética, Tropicarne, Angus, Suizo Europeo.

Tesis de Maestría en Ciencias en Innovación Ganadera, Universidad Autónoma Chapingo.

Autor: Carlos Alberto García Munguía.

Director de Tesis: Ph.D. Agustín Ruíz Flores.

INCLUSION OF THE INBREEDING COEFFICIENT INTO THE MODELS FOR GENETIC EVALUATION OF BEEF CATTLE

4.2 Abstract

The objective was to evaluate the effect of the inclusion of the individual (F_c) and dam (F_m) inbreeding coefficients into the models to evaluate genetically Tropicarne (T), Braunvieh (B), and Angus (A) Mexican purebred beef cattle. The conventional model that included the fixed effects of herd-year-season-sex of calf, and the linear and quadratic covariables of age of the cow at calving, the model for T also considered the linear covariable of individual and maternal heterosis, and for B the linear effect of upgrading level; the random effects considered were genetic additive direct, maternal, its covariance, and permanent environment, and residual (Model 1); and an alternative model that additionally included F_c and F_m (Model 2), were compared. The traits analyzed were weights at birth (BW), at weaning (WW), yearling (YW), and at 18 months of age (18MW), in T. In Angus and Braunvieh the BW, WW, and YW were studied. The analyses were done using an animal model and the MTDFREML program. The pedigree files included 5724, 135829, and 29574 animals for T, B and A. Several criteria to compare the results from the two alternative models were used. The effect of the inclusion of F_c and F_m into the models depended on the criterion of comparison used and trait analyzed. There were not notorious changes for the predicted breeding values (BV) for any of the traits analyzed in the three breeds. The percentages of coincidence among the top 100 sires ranged from 96 to 100% for all the traits in the three breeds. The estimates of the regression coefficient of BV and their accuracies from Model 1 on the BV and their accuracies from Model 2, ranged from 0.98 to 1.01 for the BV, and from 0.99 to 1.00 for the accuracies, for all traits in the three breeds studied. For T, the estimates of the direct and maternal genetic variance were similar for all traits, only for 18MW u_g was lower for Model 2; for A u_g and u_m were similar for all traits studied, only u_g was higher for YW and u_m was lower with Model 2; meanwhile, in B the estimates of u_g and u_m did not change from one model to the other. The changes in h^2_g y h^2_m estimates from the models under comparison were from 0.00 to 0.01. The results suggest that the inclusion of F into the models to evaluate genetically Tropicarne, Braunvieh and Angus beef cattle breeds was not necessary. However, it is recommended to perform this evaluation again when the average of F is higher than it is today.

Keywords: inbreeding coefficient, genetic evaluation, Tropicarne, Braunvieh, Angus.

Master of Science Thesis, Universidad Autónoma Chapingo.
Author: Carlos Alberto García Munguía.
Advisor: Ph.D. Agustín Ruíz Flores.

4.3 Introducción

Las evaluaciones genéticas constituyen la manera más adecuada para evaluar y seleccionar animales con el fin de obtener progreso genético en una población. En la medida que se utilicen el mayor número de registros tanto de los animales como de sus parientes, se obtendrá mayor precisión en la predicción de valores genéticos (Ravangolo *et al.*, 2002). Con el objetivo de evaluar el efecto de la inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos en la predicción de valores genéticos (VG) y sus exactitudes, han sido realizados varios estudios. En una investigación realizada en bovinos Piedmontese, Fioretti *et al.* (2002), al incluir el coeficiente de consanguinidad del animal y de la madre para estimar parámetros genéticos y predecir los VG para características productivas y reproductivas, encontraron que no fue necesaria la inclusión del coeficiente de consanguinidad en el modelo. Aunque conclusiones contrarias fueron obtenidas por Tohidi y Torshizi. (2006) en ganado Holstein en Irán.

La consanguinidad puede influir de dos maneras en las evaluaciones genéticas: primera, directamente en los supuestos del modelo genético, por ejemplo, la varianza de los valores genéticos de los animales consanguíneos estará sobrestimada por la varianza entre los valores genéticos de los padres; y segunda, afectando el comportamiento fenotípico de los animales y así los resultados de la evaluación (Casanova *et al.*, 1992). La consanguinidad puede influir en la exactitud de las evaluaciones genéticas, en el estudio de Wiggans *et al.* (1995) se encontró que la exactitud de la selección mejoraría si en las evaluaciones genéticas, los registros fueran previamente ajustados para incluir la depresión endogámica esperada con cada pareja o población de parejas.

En México se realizan evaluaciones genéticas de las razas Tropicarne desde 2002 (Núñez *et al.*, 2002), de Suizo Europeo a partir de 2003 (Núñez *et al.*, 2003), y de Angus desde 2004 (Núñez *et al.*, 2004). Los modelos que se utilizan en estas evaluaciones no consideran el coeficiente de consanguinidad. En

dichas poblaciones existen diferentes niveles de consanguinidad; por ejemplo, Saavedra (2009) encontró en bovinos Angus de registro, 2135 animales consanguíneos que representaron el 10.07% de la población, el porcentaje de F en la población completa fue 0.52 ± 2.82 y en los animales consanguíneos 5.21 ± 7.39 ; mientras que en bovinos Suizo Europeo 62050 animales fueron consanguíneos, representando el 57.68% de la población total con un promedio de F para esta población de 1.71 ± 4.33 , y de 2.69 ± 5.36 en los animales consanguíneos. En Tropicarne, Ruíz-Flores *et al.* (2006) encontraron en una población de 5730 animales que el 51% fueron consanguíneos, y el promedio de F en la población completa fue 1.8 ± 3.5 y de 3.6 ± 4.5 en los animales consanguíneos.

El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de la inclusión del coeficiente de consanguinidad del animal y de la madre en los modelos para la evaluación genética de los pesos al nacimiento, al destete, al año y a los 18 meses en bovinos Tropicarne; y al nacimiento, al destete y al año en bovinos de registro Suizo Europeo y Angus.

4.4 Materiales y métodos

Origen de la información

La información analizada provino de las bases de datos productivos y genealógicos de las Asociaciones: Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro, A. C., Mexicana de Criadores de Ganado Tropicarne, A. C. y Angus Mexicana, A. C. Los registros de comportamiento provienen de animales nacidos de 1984 a 2008, de 1958 a 2003, y de 1961 a 2008, para las razas Suizo Europeo, Tropicarne y Angus.

El ganado bovino Suizo Europeo se localiza en 33 ranchos, ubicados en 12 estados de la República Mexicana, el Tropicarne se localiza en dos ranchos ubicados en los municipios de Ozuluama y Tampico Alto, Veracruz y el Angus se encuentra en 20 ranchos de 12 estados del país.

Las variables analizadas en Tropicarne fueron los pesos al nacimiento (PN), al destete ajustado a 240 d (PD), al año (PA) y a los 18 meses (P18M); en Suizo europeo PN, PD ajustado a 240 d y PA; y en Angus, PN, PD ajustado a 205 d y PA. Los pedigríes utilizados incluyeron 5724 animales Tropicarne, 135829 Suizo Europeo y 29574 Angus.

Modelos de análisis

El peso al destete fue ajustado a 240 d en Suizo Europeo y Tropicarne, y a 205 d en Angus. Los grupos contemporáneos fueron formados combinando los efectos de hato, año, estación, sexo de la cría y régimen de alimentación (sólo para Suizo Europeo). Para la determinación de los grupos conectados se utilizó el programa AMC (Roso y Schenkel, 2006). En el Cuadro 16 se presentan estadísticos descriptivos de las bases de datos utilizadas.

Cuadro 16. Estadísticos descriptivos de los datos utilizados en los análisis.

Raza	Variable ^z	Número de registros	Mínimo	Máximo	Media	Desviación estándar
Tropicarne	PN	4888	29.0	44.0	35.1	2.4
	PD	4642	111.7	308.8	210.7	32.8
	PA	2847	130.0	387.0	257.4	42.8
	P18M	2421	182.0	501.0	321.5	58.4
Suizo Europeo	PN	16023	23.0	53.0	37.6	5.1
	PD	12304	97.8	384.1	240.3	47.7
	PA	9064	142.9	524.0	331.5	64.1
Angus	PN	4147	20.0	48.0	34.0	4.6
	PD	3009	109.5	302.1	204.5	36.5
	PA	1834	165.0	478.0	319.9	64.6

PN, PD, PA y P18M = pesos (kg) al nacimiento, al destete, al año y a los 18 meses, respectivamente.

Los análisis estadísticos para estimar las (co)varianzas y predecir los valores genéticos y sus exactitudes, fueron realizados utilizando un modelo animal y el programa de máxima verosimilitud restringida, sin el uso de derivadas y multivariado (MTDFREML, Boldman *et al.*, 1995).

Los modelos convencional (Modelo 1) y alternativo (Modelo 2) para evaluar el efecto de la inclusión de los coeficientes de consanguinidad del animal (F_c) y de la madre (F_m) fueron:

$$y = Xb + Za + Mm + Wpe + e \quad \text{Modelo 1}$$

$$y = X_{(F)}b + Za + Mm + Wpe + e \quad \text{Modelo 2}$$

donde, y es el vector de registros de las variables a analizar; b es el vector de efectos fijos, que incluyó el efecto de grupos contemporáneos y las covariables lineal y cuadrática de edad de la vaca al parto; adicionalmente, en Tropicarne se consideraron como covariables lineales la heterosis individual y materna, y en Suizo Europeo el grado de pureza del animal; a es el vector de valores genéticos aditivos directos; m es el vector de valores genéticos aditivos maternos; pe es el vector de efectos aleatorios de ambiente permanente de la vaca; e es el vector de efectos aleatorios residuales; X , Z , M y W son matrices de incidencia que asocian los vectores correspondientes con y , $X_{(F)}$ es la matriz X con dos columnas adicionales para las covariables coeficiente de consanguinidad del animal y de la madre. El modelo para P18M en Tropicarne no incluyó el efecto genético materno y su covarianza con el efecto genético directo, la heterosis materna, ni F_m . Los supuestos para estos modelos fueron:

$$E[y] = Xb, E[a] = E(m) = E[pe] = E[e] = 0, y$$

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

donde, A es la matriz de relaciones genéticas aditivas entre los animales; I es una matriz identidad; V es igual al número de vacas con cría; N es el número de animales con registro; σ_a^2 , σ_m^2 , σ_{pe}^2 , y σ_e^2 son las varianzas genética aditiva directa, genética aditiva materna, de ambiente permanente y residual; σ_{am} es la covarianza entre los efectos genéticos aditivo directo y materno.

Criterios para la comparación de modelos

Para determinar si se requiere o no incluir el coeficiente de consanguinidad individual en el modelo para la evaluación genética de las razas estudiadas fueron utilizados varios criterios:

Estimación de significancia utilizando los estimadores de regresión y sus errores estándar: para cada variable se obtuvo el cociente del estimador de regresión del valor fenotípico sobre el coeficiente de consanguinidad del individuo o de la madre, dividido entre su error estándar. Si el valor obtenido es superior a 2.0, se consideró que el efecto de consanguinidad para la característica en estudio es significativo ($\alpha < 0.05$, Telo, 2003).

Correlación entre los valores genéticos predichos. Los estimadores de las correlaciones producto-momento de Pearson y de rango de Spearman, entre los valores genéticos predichos y entre las exactitudes obtenidos con los modelos alternativos, fueron utilizados para determinar si la inclusión del coeficiente de consanguinidad ocasionó cambios importantes en los valores genéticos predichos y en la jerarquización de los animales considerados en el pedigrí. Estos estimadores se obtuvieron utilizando el programa SAS (SAS, 2002).

Porcentaje de coincidencia entre los valores genéticos predichos de los mejores sementales. Para cuantificar los cambios en la jerarquización de los animales con los valores genéticos predichos más altos, se utilizó el porcentaje de coincidencia para los 100 sementales con mayor mérito genético obtenidos con cada uno de los modelos en comparación.

Regresión de los valores genéticos predichos. Se obtuvieron los estimadores de los coeficientes de regresión lineal de los valores genéticos predichos y sus exactitudes obtenidos con el Modelo 1 sobre los obtenidos con el Modelo 2. Los estimadores de regresión se obtuvieron con el procedimiento REG de SAS (SAS, 2002).

Estimadores de componentes de (co)varianza y heredabilidad. Para cada característica se estimaron las (co)varianzas de los efectos genético directo y

materno, de ambiente permanente y residual, así como las heredabilidades obtenidas con los dos modelos.

Adicionalmente, se estimaron los rangos para los valores genéticos predichos para la población completa, y considerando sólo los padres consanguíneos y su progenie. El efecto de la consanguinidad en las variables analizadas fue cuantificado mediante los estimadores de los coeficientes de regresión del valor fenotípico para cada una de las variables, sobre el coeficiente de consanguinidad del animal.

4.5 Resultados y discusión

Los promedios de F_c fueron 1.81 ± 3.55 , 1.60 ± 4.16 y 0.38 ± 2.40 en la población completa; y 3.56 ± 4.31 , 2.93 ± 5.27 y 5.23 ± 7.41 en los animales consanguíneos para Tropicarne, Suizo Europeo y Angus, respectivamente; mientras que para F_m fueron 1.06 ± 2.86 , 1.07 ± 3.64 , y 0.20 ± 1.77 , en la población completa. En el Cuadro 17 se muestra la distribución de los animales por nivel de consanguinidad del animal en las poblaciones de bovinos Tropicarne, Angus y Suizo Europeo utilizados en este estudio. Se puede observar que las proporciones de animales consanguíneos en las razas Tropicarne y Suizo Europeo es alta, 51.0% y 44.8%; mientras que para bovinos Angus es baja (7.2%). Se observa que de los animales consanguíneos sólo 7.96%, 19.3% y 7.22% tienen niveles de consanguinidad mayor que 10% para Tropicarne, Angus y Suizo Europeo, respectivamente. De manera similar, Ruíz-Flores *et al.* (2006) en bovinos Tropicarne encontraron una proporción de animales consanguíneos de 51.0% y en Suizo Europeo de 49.3%, los promedios de consanguinidad reportados fueron 1.8 ± 3.5 en el total de la población y 3.6 ± 4.5 en animales consanguíneos. Por su parte, Saavedra (2009) en bovinos Angus y Suizo Europeo encontró promedios de consanguinidad de 0.52 ± 2.82 y 1.71 ± 4.33 en la población completa, y 5.21 ± 7.39 y 2.69 ± 5.36 en los animales consanguíneos.

Cuadro 17. Número y porcentajes de animales por nivel de consanguinidad (F) en las poblaciones bovinas mexicanas Tropicarne, Angus y Suizo Europeo de registro, respecto a la población total y a los animales consanguíneos.

Nivel de F	Número			PT ^z			AC ^y		
	Tropicarne	Angus	Suizo Europeo	Tropicarne	Angus	Suizo Europeo	Tropicarne	Angus	Suizo Europeo
0	2808	27436	61376	49.06	92.77	45.19			
>0≤2	1435	1176	51577	25.07	3.98	37.97	49.21	55.00	69.27
>2≤5	904	305	11428	15.79	1.03	8.41	31.00	14.27	15.35
>5≤8	300	223	4968	5.24	0.75	3.66	10.29	10.43	6.67
>8≤10	45	25	1113	0.79	0.08	0.82	1.54	1.17	1.49
>10≤12	5	5	332	0.09	0.02	0.24	0.17	0.23	0.45
>12≤15	150	196	2025	2.62	0.66	1.49	5.14	9.17	2.72
>15≤18	33	22	364	0.58	0.07	0.27	1.13	1.03	0.49
>18≤20	4	2	125	0.07	0.01	0.09	0.14	0.09	0.17
>20≤25	0	137	1211	0.00	0.46	0.89	0.00	6.41	1.63
>25≤30	39	32	1200	0.68	0.11	0.88	1.34	1.50	1.61
>30≤35	0	14	65	0.00	0.05	0.05	0.00	0.65	0.09
>35≤40	1	1	36	0.02	0.00	0.03	0.03	0.05	0.05
>40≤45	0	0	7	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00	0.01
>45≤50	0	0	1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
>50≤55	0	0	1	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Total	5724	29574	135829	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00	100.00

^zPT = porcentaje de animales por nivel de consanguinidad respecto a la población total, ^yAC = porcentaje de animales por nivel de consanguinidad respecto a los animales consanguíneos.

Efectos de consanguinidad y significancia de la inclusión de F en los modelos

En el Cuadro 18 se presentan los estimadores para los efectos de consanguinidad (coeficientes de regresión) en los pesos al nacimiento (PN), al destete (PD), al año (PA) y a los 18 meses (P18M), por cada 1.0% de aumento en los coeficientes de consanguinidad del animal y de la madre. De acuerdo con el método de Telo (2003), ninguno de los estimadores fue significativo, aunque en general estos estimadores se encuentran dentro del rango de los resultados reportados en la literatura para estas características. Resultados similares a los encontrados en este trabajo fueron reportados para Fc en el PN de Indubrasil (Ávila, 1993) y Hereford (Pariacote *et al.*, 1998); y para Fm en el PN de Hereford, Romosinuano y Tropicarne por MacNeil *et al.* (1992), Ruiz (1992) y Mendoza (2002), respectivamente. De manera similar se mostró para Fc no influyó significativamente en el PD de Indubrasil (Ávila, 1993), Tropicarne (Mendoza, 2002) y Hereford (Pariacote, *et al.*, 1998); y Fm en el PD de bovinos Romosinuano (Ruíz, 1992) y Tropicarne (Mendoza, 2002).

Cuadro 18 Estimadores de los coeficientes de regresión lineal para las variables^z de crecimiento estudiadas sobre el coeficiente de consanguinidad del animal (kg/1% F), en bovinos Tropicarne, Angus y Suizo Europeo de registro.

Variable	Tropicarne		Angus		Suizo europeo	
	Fc	Fm	Fc	Fm	Fc	Fm
PN	-0.02±0.04	-0.09±0.06	-0.05±4.89	-0.14±0.08	-0.88±2.81	-0.73±3.58
PD	-0.15±0.56	-0.30±1.01	-0.48±0.40	-0.44±0.69	-0.27±0.25	-0.65±3.12
PA	0.02±0.07	-0.70±1.13	-0.51±0.76	-0.11±1.19	-0.41±0.30	-0.30±0.39
P18M	-0.19±0.39					

^zPN, PD, PA y P18M = pesos (kg) al nacimiento, al destete, al año y a los 18 meses, respectivamente.

Por otra parte, los estimadores obtenidos en este estudio son contrarios a los encontrados por Burrow (1993), quien observó que a un aumento de 1.0% en Fc se asoció una reducción de 0.44 kg en el PD, 0.69 kg en PA y 1.3 kg en P18M. En otro estudio realizado en bovinos Hereford, Snelling *et al.* (1996) observaron que por cada aumento porcentual del coeficiente de consanguinidad de animal, el PN se redujo 0.08, kg y por cada 1.0% que aumentó Fm se redujo 0.02 kg el PN. Ruíz (1992) en bovinos Romosinuano encontró una reducción del PD de 0.78 kg por cada 1.0% de incremento en Fc. Pariacote *et al.*, (1998), observaron una reducción de 0.05 kg en el PN por cada 1.0% que aumentó Fm. De manera similar, McCurley *et al.* (1984) encontraron que cuando el coeficiente de consanguinidad del animal aumentó 1.0%, se redujeron los pesos a los 18 meses 2.03 kg en bovinos Angus, 2.26 kg en Hereford y 1.95 kg en Shorthorn. En otro estudio realizado por Carolino y Gama (2008) en bovinos Alentejana productores de carne, encontraron que por cada 1.0% de aumento en Fc hubo una reducción de 0.027 kg en el PN y 0.189 kg en el peso a los 7 meses.

Correlación entre los valores genéticos predichos

En el Cuadro 19 se presentan los estimadores de las correlaciones producto-momento de Pearson y de rango de Spearman entre los valores genéticos predichos (VG), y entre las exactitudes obtenidas con el modelo convencional y con el que incluyó los coeficientes de consanguinidad del animal y de la madre. En general los estimadores para cada una de las variables fueron altos, lo que sugiere que indistintamente del modelo que sea utilizado para predecir los VG, éstos serán similares. Al incluir los coeficientes de consanguinidad en el modelo animal, el cambio más importante fue observado sólo en los valores genéticos para peso al destete en Angus, mientras que para las demás características en las tres razas estudiadas, tanto los valores genéticos, como las exactitudes se mantuvieron esencialmente sin cambios.

Cuadro 19. Estimadores de la correlación producto-momento de Pearson y de rango de Spearman entre los valores genéticos predichos (r_{vg})^z y exactitudes (r_{ex})^y para los animales obtenidos con los modelos con y sin el coeficiente de consanguinidad.

Raza	Variable ^x	Correlaciones Spearman		Correlaciones Pearson	
		r_{vg}	r_{ex}	r_{vg}	r_{ex}
Tropicarne	PN	0.999	0.998	0.999	0.999
	PD	0.999	0.997	0.999	0.999
	PA	0.999	0.998	0.999	0.999
	P18M	0.999	0.999	0.999	0.999
Suizo	PN	0.999	0.999	0.999	0.999
Europeo	PD	0.998	0.999	0.999	0.999
	PA	0.999	0.999	0.999	0.999
Angus	PN	0.999	0.999	0.999	0.999
	PD	0.995	0.999	0.999	0.999
	PA	0.996	0.999	0.999	0.999

^xPN, PD, PA y P18M = pesos (kg) al nacimiento, al destete, al año y a los 18 meses, respectivamente. ^z r_{vg} = correlación entre los valores genéticos predichos obtenidos con los modelos con y sin el coeficiente de consanguinidad; ^y r_{ex} = correlación entre las exactitudes obtenidas con los modelos con y sin coeficiente de consanguinidad.

Los resultados anteriores son similares a los obtenidos por Ferreira *et al.* (1999) en bovinos Hereford, quienes encontraron que el incluir el coeficiente de consanguinidad o no en los modelos, no influyó en los estimadores de las correlaciones entre valores genéticos predichos, y las correlaciones de rango fueron cercanos a la unidad (0.997 a 0.998). Similarmente, Fioretti *et al.* (2002) en bovinos Piedmontese encontraron correlaciones producto-momento de Pearson y de rango de Spearman de 0.99. Resultados similares han sido observados en otras especies, en un estudio realizado en ovinos Elsenburg Dormer en el Sur de África, al incluir el coeficiente de consanguinidad del animal como covariable en los modelos para estimación de parámetros genéticos, se obtuvieron estimadores de los coeficientes de correlación entre VG obtenidos con ambos modelos para peso PN y al PD de 0.99 (Van Wyk *et al.*, 2009).

Porcentaje de coincidencia entre los valores genéticos predichos de los mejores sementales

En el Cuadro 20 pueden observarse los porcentajes de coincidencia entre los 100 sementales superiores evaluados con el modelo convencional y con el que incluyó los coeficientes de consanguinidad. Las diferencias obtenidas entre incluir o no los coeficientes fueron de pequeña magnitud en las tres razas evaluadas. Esto sugiere que en general se esperarían cambios pequeños en la jerarquización de los mejores sementales, con excepción de PD en Suizo Europeo donde los cambios se esperaba fueran mayores dado el menor porcentaje de coincidencia (96%). Estos resultados son similares a los observados por Ferreira *et al.* (1999) quienes al comparar 12 modelos que difirieron en los efectos incluidos, encontraron que la jerarquización de los predictores de valores genéticos fue similar, independientemente si los coeficientes de consanguinidad del animal y de la madre fueron incluidos o no en el modelo.

Cuadro 20. Porcentajes de coincidencia entre los 100 sementales con los valores genéticos predichos más altos obtenidos con los modelos con y sin el coeficiente de consanguinidad en bovinos Tropicarne, Suizo Europeo y Angus de registro.

Raza	Variable ^z	% coincidencia
Tropicarne	PN	97
	PD	98
	PA	99
	P18M	98
Suizo Europeo	PN	99
	PD	96
	PA	98
Angus	PN	99
	PD	99
	PA	100

^zPN, PD, PA y P18M = pesos (kg) al nacimiento, al destete, al año, y a los 18 meses, respectivamente.

Regresión de los valores genéticos predichos

Como se muestra en el Cuadro 21, los estimadores de los coeficientes de regresión de los valores genéticos predichos y exactitudes obtenidos con el Modelo 1 sobre los obtenidos con el Modelo 2 que incluyó el coeficiente de consanguinidad, variaron de 0.98 a 1.01 para los valores genéticos y de 0.99 a 1.00 para las exactitudes, considerando todas las características y las tres razas estudiadas. Esto sugiere que no hubo efecto de la inclusión de los coeficientes de consanguinidad, y los valores genéticos predichos con un modelo pueden ser utilizados para predecir los que se obtendrían con el otro.

Cuadro 21. Estimadores de los coeficientes de regresión de los valores genéticos predichos y exactitudes obtenidos con el modelo que no incluyó el coeficiente de consanguinidad (1) sobre los del modelo que lo incluyó (2).

Raza	Variable ^z	$b[(vg_1)/(vg_2)]^y$	$b[(E_1)/(E_2)]^x$
Tropicarne	PN	0.9923	0.9969
	PD	0.9910	0.9985
	PA	1.0118	1.0040
	P18M	0.9917	0.9988
Suizo	PN	1.0009	1.0000
Europeo	PD	1.0072	1.0016
	PA	0.9998	1.0001
Angus	PN	1.0035	1.0020
	PD	1.0004	0.9998
	PA	0.9808	0.9931

^zPN, PD, PA y P18M = pesos (kg) al nacimiento, al destete, al año y a los 18 meses, respectivamente. ^y $b[(vg_1)/(vg_2)]$ = coeficiente de regresión de los valores genéticos del modelo 1 sobre los del modelo 2; ^x $b[(E_1)/(E_2)]$ = coeficiente de regresión de las exactitudes del modelo 1 sobre las del modelo 2.

Estimadores de (co)varianza y heredabilidad

En el Cuadro 22 se presentan los estimadores de heredabilidad (h^2_g y h^2_m) y de los componentes de (co)varianza obtenidos con el modelo convencional y con el que incluyó el coeficiente de consanguinidad. En Tropicarne, los valores de los estimadores de las varianzas genética aditiva directa y materna obtenidos

con el Modelo 2 fueron similares a los obtenidos con el Modelo 1, sólo para P18M fue ligeramente menor; los estimadores de las varianzas de ambiente permanente y residual para cada variable analizada fueron similares. Para Suizo Europeo los estimadores de las varianzas genéticas aditiva directa, materna, de ambiente permanente y residual obtenidos con los modelos en comparación fueron similares para cada una de las características analizadas. Por su parte, en Angus solamente los estimadores obtenidos con el Modelo 2 de la varianza genética aditiva directa para PA fue mayor y el de la varianza genética materna para PA fue menor; mientras que los estimadores de las varianzas de ambiente permanente fue ligeramente menor para PD con el Modelo 2, el de varianza residual fue menor para PA. Por lo anterior, la proporción de varianza de ambiente permanente sobre la fenotípica se mantuvo sin cambios para todas las variables en las tres razas estudiadas. Los cambios en los estimadores de h^2_g y h^2_m de un modelo a otro para cada característica fueron de 0.00 a 0.01.

Estos resultados coinciden con los encontrados por Ferreira *et al.* (1999), quienes para la estimación de parámetros genéticos compararon 12 modelos que difirieron en los efectos incluidos; estos autores observaron que los estimadores de varianzas y heredabilidad (h^2) fueron parecidos, independientemente si los efectos de consanguinidad fueron incluidos o no en los modelos. Similarmente, Fioretti *et al.* (2002) en ganado Piedmontese utilizaron dos modelos, uno que incluyó los coeficientes de consanguinidad del animal y/o de la madre como covariables y el otro no, observaron que las diferencias en los estimadores de h^2 para edad a la primera inseminación, edad al primer parto, peso a los 120 días, peso al año en hembras y peso al año en machos oscilaron de 0.00 a 0.01.

Cuadro 22 Estimadores de los componentes de varianza de efectos genéticos directos (u_g), varianza de efectos genéticos maternos (u_m), covarianza entre efectos genéticos directo y materno (δ_{gm}) ambiente permanente (pe), residual (e), fenotípica (p), y proporción de la varianza de ambiente permanente entre la varianza fenotípica (pe/p) y heredabilidades (h^2), para características de crecimiento en bovinos Tropicarne, Angus y Suizo Europeo de registro.

Raza	Variable ^z	Modelo ^y	u_g^x	$^w\delta_{gm}$	u_m^v	pe ^u	e ^t	p ^s	$^rh_g^2$	$^qh_m^2$	pe/p ^o
Tropicarne	PN	1	0.27	-0.08	0.14	0.10	3.05	3.39	0.08±0.035	0.04±0.027	0.90
		2	0.27	-0.08	0.14	0.96	3.06	3.39	0.08±0.035	0.04±0.027	0.90
	PD	1	58.41	2.86	45.12	89.70	479.47	675.58	0.09±0.038	0.07±0.035	0.71
		2	59.14	2.96	44.78	89.90	479.28	676.05	0.09±0.038	0.07±0.035	0.71
	PA	1	79.58	26.74	19.26	18.65	544.49	688.74	0.12±0.045	0.03±0.03	0.79
		2	78.42	26.03	19.58	19.16	545.09	688.29	0.11±0.045	0.03±0.03	0.79
	P18M	1	193.45				773.78	967.23	0.20±0.065		
		2	191.48				774.05	965.54	0.20±0.065		
Angus	PN	1	4.21	-2.44	2.32	0.01	7.82	11.99	0.35±0.075	0.19±0.044	0.65
		2	4.19	-2.44	2.39	0.02	7.86	12.00	0.35±0.075	0.20±0.044	0.65
	PD	1	125.53	-35.41	50.96	65.04	388.26	594.39	0.21±0.064	0.09±0.053	0.65
		2	124.85	-34.01	49.90	63.89	389.38	594.09	0.21±0.064	0.08±0.051	0.66
	PA	1	397.77	-249.83	253.51	0.30	916.09	1317.85	0.30±0.085	0.19±0.063	0.70
		2	405.91	-249.45	249.68	0.14	913.04	1319.60	0.31±0.085	0.19±0.063	0.69
	Suizo Europeo	1	2.60	-0.71	0.54	0.61	7.66	10.71	0.24±0.038	0.05±0.020	0.72
		2	2.60	-0.70	0.54	0.61	7.66	10.72	0.24±0.038	0.05±0.020	0.71
	PD	1	167.24	-24.55	19.02	28.52	471.59	661.84	0.25±0.036	0.03±0.024	0.71
		2	167.64	-23.69	18.85	28.92	472.53	661.26	0.25±0.036	0.03±0.024	0.71
	PA	1	204.25	-55.45	23.08	0.05	662.53	834.46	0.24±0.043	0.03±0.024	0.79
		2	204.50	-55.45	23.08	0.07	662.52	834.71	0.24±0.043	0.03±0.024	0.79

^zPN, PD, PA y P18M = pesos (kg) al nacimiento, al destete, al año y a los 18 meses, respectivamente. ^x u_g = varianza de efectos genéticos directos ^w δ_{gm} = covarianza entre efectos genéticos directo y materno, ^v u_m = varianza de efectos genéticos maternos, ^upe = varianza de ambiente permanente; ^te = varianza residual; ^sp = varianza fenotípica; ^ope/p = proporción de la varianza de ambiente permanente entre la varianza fenotípica; ^r h_g^2 = heredabilidad de efectos genéticos directos, ^q h_m^2 = heredabilidad de efectos genéticos maternos, ^y1 = modelo sin inclusión del coeficiente de consanguinidad; 2 = modelo que incluyó el coeficiente de consanguinidad.

Rango de los valores genéticos predichos considerando la población completa y sólo los padres consanguíneos ($F>0$)

En el Cuadro 23 se muestran los rangos de los valores genéticos predichos considerando la población completa y sólo los padres consanguíneos y su progenie; se puede observar que cuando se consideraron padres consanguíneos los rangos de los valores genéticos aumentaron ligeramente para PN, PD y P18M en Tropicarne, PD y PA en Angus y PA en Suizo Europeo, mientras que disminuyó para PA en Tropicarne, PN en Angus y PN y PD en Suizo Europeo. Estos resultados son contrarios a los encontrados por Casanova *et al.* (1992) en bovinos Braunvieh, quienes observaron que en una población completa incluyendo animales consanguíneos y no consanguíneos, sólo el 0.8% de los valores genéticos para producción de leche difirieron más de 5.5 kg, y cuando se hizo la evaluación considerando sólo los padres con F mayor a 10%, el 66.4% de los valores genéticos predichos difirieron en más de 5.5 kg, por lo que sugieren que la progenie de padres consanguíneos pudiera tener valores genéticos sobreestimados con relación a la población completa en las evaluaciones genéticas. Este resultado sugiere que la evaluación de la inclusión o no del coeficiente de consanguinidad en los modelos para la evaluación genética de animales, debería tener mayor relevancia cuando el promedio de consanguinidad en una población sea alto.

Cuadro 23. Rango de los valores genéticos predichos para las variables^z estudiadas considerando las poblaciones completas y sólo los padres consanguíneos (F>0), en bovinos Tropicarne, Angus y Suizo Europeo de registro.

Variable	Población completa			Padres consanguíneos		
	Tropicarne	Angus	Suizo Europeo	Tropicarne	Angus	Suizo Europeo
PN	-0.85 a 1.08	-4.87 a 5.08	-5.42 a 3.62	-0.87 a 1.10	-4.87 a 5.00	-5.39 a 3.59
PD	-14.66 a 15.78	-21.87 a 22.88	-34.94 a 38.47	-14.95 a 16.10	-22.09 a 23.17	-35.08 a 37.95
PA	-14.41 a 23.69	-43.23 a 36.19	-37.38 a 45.35	-14.20 a 23.68	-44.14 a 36.53	-37.71 a 45.57
P18M	-22.30 a 29.70			-21.98 a 31.62		

^zPN, PD, PA y P18M = pesos (kg) al nacimiento, al destete, al año y a los 18 meses, respectivamente.

El efecto de la inclusión del coeficiente de consanguinidad quizá no fue importante debido a que los niveles de consanguinidad en las poblaciones fue relativamente bajo, pues de los animales consanguíneos sólo 7.96%, 19.3% y 7.22% tuvieron niveles de consanguinidad mayor al 10% para Tropicarne, Angus y Suizo Europeo, respectivamente.

4.6 Conclusiones

Los resultados sugieren que no es necesaria la inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos para la evaluación genética de los pesos al nacimiento, al destete, al año y a los 18 meses en bovinos Tropicarne, Angus y Suizo Europeo. Sin embargo, se recomienda repetir esta evaluación cuando los promedios para el coeficiente de consanguinidad de las poblaciones estudiadas sean superiores a los del presente estudio.

4.7 Literatura citada

- Ávila M., G. A. 1993. Niveles y efectos de consanguinidad sobre características de crecimiento y reproductivas en ganado Indubrasil y Pardo Suizo bajo un ambiente tropical. Tesis Profesional. Universidad Autónoma Chapingo, México. 80 p.
- Boichard, D., and A. J. Lee. 1992. Approximate accuracy of genetic evaluation under a single trait animal model. *Journal of Dairy Science* 75: 868-877.
- Boldman, K. G., L. A. Kriese, L. D. 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.
- Burrow, H. M. 1993. The effects of inbreeding in beef cattle. *Animal Breeding Abstracts* 61: 737-751.
- Carolino, N., and L. T. Gama. 2008. Inbreeding depression on beef cattle traits: estimates, linearity of effects and heterogeneity among sire-families. *Genetic Selection Evolution* 40: 511-527.
- Casanova, L., C. Hagger, and N. Kuenzi. 1992. Inbreeding in Swiss Braunvieh and its influence on breeding values predicted from a repeatability animal model. *Journal of Dairy Science* 75: 1119-1126.
- Ferreira, G. B., M. D. MacNeil, and L. D. Van Vleck. 1999. Variance components and breeding values for growth traits from different statistical models. *Journal of Animal Science* 77: 2641-2650.

- Fioretti, M., A. Rosati, C. Pieramati, and L. D. Van Vleck. 2002. Effect of including inbreeding coefficients for animal and dam on estimates of genetic parameters and prediction of breeding values for reproductive and growth traits of Piedmontese cattle. *Livestock Production Science* 74: 137-145.
- McCurley, J. R., W. T. Butts., and K. P. Bovard 1984. Growth patterns of Angus, Hereford and Shorthorn cattle. I. Comparison of inbred and noninbred lines, changes in patterns over time and effects of level of inbreeding and reproductive performance. *Journal of Animal Science* 59: 1194-1204.
- MacNeil, M. D., J. J. Urick, S. Newman, and B. W. Knapp. 1992. Selection for post-weaning growth in inbred Hereford cattle: the fort Keogh, Montana Line 1 example. *Journal of Animal Science* 70: 723-733.
- Mendoza D., M. 2002. Niveles y efectos de consanguinidad en características productivas de la raza bovina Tropicarne. Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma Chapingo, México. 39 p.
- Meyer, K. 1989. Approximate accuracy of genetic evaluation under an animal model. *Livestock Production Science* 21: 87-95.
- Núñez D., R., R. Ramírez V., y A. Ruíz F. 2002. Resumen de evaluaciones genéticas para sementales Tropicarne 2002. Boletín Técnico. Universidad Autónoma Chapingo, México. 28 p.
- Núñez D., R., R. Ramírez V., A. Ruíz F., y J. Domínguez V. 2003. Resumen de evaluaciones genéticas para sementales Suizo Europeo 2003. Boletín Técnico. Universidad Autónoma Chapingo, México. 40 p.
- Núñez D., R., R. Ramírez V., A. Ruíz F., y J. Domínguez V. 2004. Resumen de evaluaciones genéticas para ganado Angus. 2004. Boletín Técnico. Universidad Autónoma Chapingo, México. 38 p.
- Pariacote, F., L. D. Van Vleck, and M. D. MacNeil. 1998. Effects of inbreeding and heterozygosity on preweaning traits in a closed population of Herefords under selection. *Journal of Animal Science* 76: 1303-1310.
- Ravangolo, O., G. Rovere, I. Aguilar, D. Gimeno, y D. La Buonora. 2002. Evaluación genética nacional raza Holando. Montevideo: Asociación Rural de Uruguay. <http://www.inia.org.uy/publicaciones/documentos/lb/pol/2002/Eval2002.pdf>. Consultada el 24 de noviembre de 2008.
- Roso, V. M., and F. S. Schenkel. 2006. AMC-A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. *In: Proceedings the of 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Belo Horizonte, Brazil. August 13-18. Poster 27-26.
- Ruíz F., A. 1992. Determinación de niveles críticos y efectos de consanguinidad sobre características productivas, reproductivas y de crecimiento en ganado Criollo Lechero Centroamericano y Romosinuano bajo condiciones de trópico húmedo. Tesis Magister Scientiae. Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza, Costa Rica. 172 p.

- Ruíz-Flores, A., R. Núñez-Domínguez, R. Ramírez-Valverde, J. Domínguez-Viveros, M. Mendoza-Domínguez, y E. Martínez-Cuevas. 2006. Niveles y efectos de la consanguinidad en variables de crecimiento y reproductivas en bovinos Tropicarne y Suizo Europeo. *Agrociencia* 40: 289-301.
- Saavedra J., L. A. 2009. Niveles y tendencias de consanguinidad en bovinos Angus y Suizo Europeo de registro en México. Tesis Profesional. Universidad Autónoma Chapingo, México. 47 p.
- SAS User's Guide: Statistics. 2002. Version 9.1.3 Edition. SAS. Institute Inc., Cary, NC, USA.
- Snelling, W. M., M. D. MacNeil, D. D. Kress, D. C. Anderson, and M. W. Tess. 1996. Factors influencing genetic evaluations of linebred Hereford cattle in diverse environments. *Journal of Animal Science* 74: 1499-1510.
- Telo, L., G. 2003. Melhoramento Genético Animal Avançado. *In*: Memórias del II Curso Internacional Avançado de Melhoramento Genético Animal. 24 de maio a 1 de junho. Estação Zootécnica Nacional, Portugal. 73 p.
- Tohidi, R., and R. V. Torshizi. 2006. Effect of inbreeding on breeding values for milk and fat yields in Iran Holstein. *In*: Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. August 13-18. Belo Horizonte, Brazil. pp: s/n.
- Van Wyk, J. B., M. D. Fair, and S. W. P. Cloete. 2009. Case Study: the effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. *Livestock Science* 120: 218-224.
- Wiggans, G. R., P. M. VanRaden, and J. Zuurbier. 1995. Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. *Journal of Dairy Science* 78: 1584-1590.