

# UNIVERSIDAD AUTÓNOMA CHAPINGO

DEPARTAMENTO DE ENSEÑANZA, INVESTIGACIÓN  
Y SERVICIO EN ZOOTECNIA

POSGRADO EN PRODUCCIÓN ANIMAL

PARÁMETROS Y TENDENCIAS GENÉTICAS DE VARIABLES DE  
CRECIMIENTO PARA BOVINOS ROMOSINUANO EN MÉXICO

TESIS

Que como requisito parcial

Para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS EN INNOVACIÓN GANADERA

Presenta:

RICARDO EMMANUEL MARTÍNEZ ROCHA

Bajo la supervisión de: RODOLFO RAMÍREZ VALVERDE Ph.D.

DIRECTOR GENERAL ACADÉMICO  
DEPTO. DE SERVICIOS ESCOLARES  
OFICINA DE EXAMENES PROFESIONALES



Chapingo, Estado de México, enero de 2018

PARÁMETROS Y TENDENCIAS GENÉTICAS DE VARIABLES DE  
CRECIMIENTO PARA BOVINOS ROMOSINUANO EN MÉXICO

Tesis realizada por **RICARDO EMMANUEL MARTÍNEZ ROCHA** 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. Rodolfo Ramírez Valverde

ASESOR:  \_\_\_\_\_

Ph.D. Rafael Núñez Domínguez

ASESOR:  \_\_\_\_\_

Ph.D. José Guadalupe García Muñiz

## CONTENIDO

LISTA DE CUADROS .....	vi
LISTA DE FIGURAS .....	vii
LISTA DE APÉNDICES .....	viii
DEDICATORIAS .....	ix
AGRADECIMIENTOS .....	x
DATOS BIOGRÁFICOS.....	xi
1. INTRODUCCIÓN GENERAL.....	1
2. REVISIÓN DE LITERATURA.....	3
2.1 El bovino Romosinuano.....	3
2.1.1 Generalidades de apariencia externa.....	4
2.1.2 Comportamiento productivo y reproductivo .....	4
2.2 Variables de crecimiento en bovinos .....	5
2.2.1 Peso al nacimiento .....	5
2.2.2 Peso al destete.....	6
2.3 Modelos lineales en evaluaciones genéticas .....	7
2.4 Efectos a incluir en los modelos de evaluación genética.....	8
2.4.1 Efectos fijos .....	8

2.4.2 Efectos aleatorios .....	11
2.4.2.1 Efecto genético materno.....	11
2.4.2.2 Grupo contemporáneo como efecto aleatorio .....	13
2.4.2.3 Interacción semental por ambiente.....	14
2.5 Parámetros genéticos.....	18
2.5.1 Heredabilidad directa.....	18
2.5.2 Heredabilidad materna .....	21
2.5.3 Correlaciones genéticas .....	21
2.6 Tendencias genéticas.....	23
2.7 Literatura citada .....	26
3. PARÁMETROS Y TENDENCIAS GENÉTICAS DE VARIABLES DE CRECIMIENTO PARA BOVINOS ROMOSINUANO EN MÉXICO .....	35
3.1 Resumen .....	35
3.2 Abstract .....	36
3.3 Introducción .....	37
3.4 Materiales y métodos.....	38
3.4.1 Origen y características de los datos.....	38
3.4.2 Análisis estadístico .....	38
3.5 Resultados y discusión .....	41

3.5.1 Heredabilidad directa.....	41
3.5.2 Heredabilidad materna .....	42
3.5.3 Interacción semental por grupo contemporáneo .....	43
3.5.4 Correlación genética y ambiental entre características de crecimiento .....	44
3.5.5 Tendencias genéticas.....	45
3.6 Conclusiones .....	47
3.7 Literatura citada .....	47
3.8 Apéndices.....	50

## LISTA DE CUADROS

Cuadro 1. Promedios de peso al nacimiento (PN) de bovinos criollos en condiciones tropicales.....	6
Cuadro 2. Promedios de peso al destete (PD) de bovinos criollos en condiciones tropicales. ....	7
Cuadro 3. Factores de ajuste aditivos para pesos al nacimiento (PN) y al destete (PD). ....	9
Cuadro 4. Estimadores de varianza para efectos de interacción semental por ambiente en poblaciones de razas bovinas. ....	17
Cuadro 5 Estimadores de heredabilidades directa ( $h^2$ ) y materna ( $h^2_m$ ) para características de crecimiento de razas bovinas no criollas en México. ....	19
Cuadro 6 Estimadores de heredabilidades directa ( $h^2$ ) y materna ( $h^2_m$ ) para características de crecimiento de razas bovinas criollas. ....	20
Cuadro 7. Estimadores de correlaciones genéticas ( $r_a$ ), genéticas maternas ( $r_m$ ), de ambiente permanente ( $r_c$ ), residuales ( $r_e$ ) y fenotípicas ( $r_p$ ) entre peso al nacimiento y peso al destete en razas bovinas.....	23
Cuadro 8. Estimadores de tendencias genéticas para características de crecimiento en bovinos para carne. ....	25
Cuadro 9. Estructura y estadísticos descriptivos de la información analizada. .	39
Cuadro 10. Valores estimados de (co)varianzas, y parámetros genéticos y ambientales para pesos al nacimiento (PN) y al destete (PD) de la raza Romosinuano en México. ....	41

## **LISTA DE FIGURAS**

Figura 1. Tendencia de los valores genéticos directos (VGD) para peso al nacimiento en bovinos Romosinuano. ....	45
Figura 2. Tendencia de los valores genéticos directos (VGD) y maternos (VGM) para peso al destete en bovinos Romosinuano. ....	46

## LISTA DE APÉNDICES

Apéndice 1. Estimadores de (co)varianza <sup>2</sup> con modelos univariados para el peso al nacimiento en bovinos Romosinuano en México. ....	50
Apéndice 2. Estimadores de (co)varianza <sup>2</sup> con modelos univariados para el peso al destete en bovinos Romosinuano en México. ....	51
Apéndice 3. Prueba de proporción de verosimilitud para la comparación entre los modelos propuestos para los pesos al nacimiento y al destete. ....	52

## **DEDICATORIAS**

A mis padres por ser el pilar fundamental en todo lo que soy, en toda mi educación, tanto académica, como de la vida, por su incondicional apoyo perfectamente mantenido a través del tiempo. Todo este trabajo ha sido posible gracias a ellos.

A Diana Itzel López Monterrubio por haberme apoyado en todo momento, por sus consejos y su motivación constante que me ha ayudado a cumplir grandes metas, pero más que nada, por su amor.

## **AGRADECIMIENTOS**

A mi Alma Mater, la Universidad Autónoma Chapingo y especialmente al Posgrado en Producción Animal por brindarme la oportunidad de desarrollarme profesionalmente en esta etapa de mi vida.

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

Al Ph. D. Rodolfo Ramírez Valverde, por toda su ayuda, paciencia y tiempo que dedicó en la realización de esta tesis, sin usted no habría sido posible. Gracias por compartir su conocimiento y experiencia, por corregirme y motivarme cuando fue necesario.

Al Dr. Rafael Núñez Domínguez y al Dr. José G. García Muñiz quiero expresar mi sincera gratitud y aprecio por sus consejos y apoyo brindado a través de este estudio y la realización de este manuscrito.

Al M.C. Jorge Ángel Hidalgo Moreno por la ayuda brindada en la realización de este estudio.

A la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Lechero Tropical A. C. por facilitar los datos productivos y genealógicos para realizar esta tesis.

A mis compañeros y amigos de generación por formar parte de esta etapa en mi vida, con especial aprecio para Jaime, Erick, Miguel y Yamileth.



## DATOS BIOGRÁFICOS

### Datos personales

Nombre: Ricardo Emmanuel Martínez Rocha  
Fecha de nacimiento: 04 de junio de 1992  
Lugar de nacimiento: Ciudad Madero, Tamaulipas  
CURP: MARR920604HTSRCC08  
Profesión: Ingeniero Agrónomo Especialista en Zootecnia  
Cédula profesional: 09988071

### Desarrollo académico

Licenciatura: 2010-2015 Ingeniero Agrónomo Especialista en Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo  
Maestría: 2016-2017 Maestro en Ciencias en Innovación Ganadera, Posgrado en Producción Animal, Departamento de Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo

## **1. INTRODUCCIÓN GENERAL**

La producción de carne de bovino predomina en las regiones de trópico húmedo y seco de México, representada principalmente por los estados de Veracruz (13.4%), Jalisco (11.5%), Chiapas (6.1%), y Sinaloa (4.1 %) (FIRA, 2017). El comportamiento del ganado bovino en las regiones tropicales se caracteriza por tener un bajo nivel técnico de manejo y un sistema de producción tradicional basado en una baja calidad de praderas, escaso uso de tecnología y limitados recursos genéticos adaptados al trópico (Estrada-León, Magaña-Monforte & Segura-Correa, 2014).

Debido a las condiciones de temperatura y humedad, las razas cebuínas predominan en estos sistemas de producción, aun cuando muestran un comportamiento productivo inferior que el de razas europeas (Mejía-Bautista, Magaña, Segura-Correa, Delgado & Estrada-León, 2010). Sin embargo, los bovinos criollos, que son animales que descienden de razas ibéricas que llegaron al continente americano durante la Conquista, han ido teniendo una mejor regulación de la temperatura en climas tropicales (Hammond et al., 1996).

Los bovinos criollos presentan cierto grado de adaptación al medio ambiente en el que han evolucionado, lo que indica que pueden poseer un conjunto de genes único que les permite una adecuada producción y reproducción en las condiciones ambientales adversas que imperan en las regiones tropicales (Tewolde, 1999). En México, con el fin de beneficiarse de estas características favorables de los bovinos criollos, un grupo de ganaderos iniciaron la cría de bovinos Romosinuano en el país, fundándose en 1998 la Asociación Mexicana de Criadores de Romosinuano y Criollo Lechero Tropical (AMCROLET) (De Alba, 2011).

Para mejorar la eficiencia de la producción de becerros en esta raza, es importante definir criterios de selección e identificar animales superiores genéticamente. Para el apropiado intercambio de animales, semen y embriones, se necesita de una metodología que sirva para comparar animales que difieren en composición genética, considerando los efectos ambientales importantes (condiciones del rancho, programas de alimentación, edad de la madre, etc.). Las evaluaciones genéticas (EG) que involucran poblaciones grandes son la manera más adecuada para comparar y seleccionar animales criados en condiciones diversas en un país o región para una raza específica (Martínez, 1998).

En el Capítulo 2 de esta tesis se presenta una revisión de literatura que aborda brevemente la historia y características principales de la raza Romosinuano. La revisión de literatura también apoya en el entendimiento de los principales efectos considerados en el ajuste de modelos lineales para la evaluación genética de características de crecimiento y para la estimación de parámetros genéticos en poblaciones bovinas.

En el Capítulo 3 se presenta un estudio que tuvo como objetivo la estimación de parámetros y tendencias genéticas en la población de bovinos Romosinuano que se encuentra en México.

## 2. REVISIÓN DE LITERATURA

### 2.1 El bovino Romosinuano

Las razas bovinas criollas descienden del ganado que llegó al continente americano durante la Conquista y con el tiempo se adaptaron a las regiones donde se establecieron. El ganado bovino llegó por primera vez al continente americano en el año 1493, a lo que en aquel entonces se denominaba Hispaniola y, posteriormente toca tierra continental en 1519 y 1521 (Panamá y México, respectivamente) (De Alba, 2011). La raza criolla Romosinuano deriva del ganado bovino español que llegó en 1525 a Santa Marta, Colombia, y que posteriormente se estableció en los Valles del Río Sinú (De Alba, 2011). El rasgo más típico del Romosinuano es la característica de ser una raza *roma* (ausencia de cuernos). Debido a esta característica y a su lugar de origen recibe este nombre, y es una de las siete razas criollas de Colombia, la que ha llegado a extenderse hasta los EE. UU., Costa Rica, Venezuela y México.

La adaptación de cualquier raza bovina a un ambiente adverso está dada por la pérdida mínima de peso durante la exposición al estrés; una característica sobresaliente del ganado Romosinuano es su resistencia al calor y a la alta humedad, sin afectar su comportamiento reproductivo, teniendo reportes de vacas que entran en celo antes de los 60 días posparto (Ossa, Suárez & Pérez, 2005). El uso de esta raza no sólo es en apareamientos puros, sino también en cruzamientos, principalmente de machos Romosinuano con hembras Cebú. Las vacas Romosinuano y sus cruza con otras razas tienen una reputación de alta fertilidad, especialmente cuando se cruzan con ganado *Bos indicus* (Riley, Chase Jr, Coleman & Olson, 2007). En general, las razas criollas de América Central, del Caribe y Sudamérica, incluyendo al Romosinuano, han mostrado adaptación

a condiciones desafiantes en las zonas tropicales y subtropicales del mundo (De Alba, 2011).

### **2.1.1 Generalidades de apariencia externa**

El bovino Romosinuano es una raza de talla mediana, cuerpo cilíndrico y ancho de lomo, lo que la hace ser una opción para la producción de carne; su pelo es corto y uniforme con color predominante rojo, aunque puede variar de bayo claro hasta rojo retinto; las mucosas y piel son claras, con pezuñas negras, orejas pequeñas y redondeadas en la punta; la piel es gruesa y bien adherida (Martínez, 1998). La inserción de la cola es descarnada y alta, y por lo general termina en una borla corta; la dentición de las crías al nacer es una de las características más distintivas de la raza (De Alba, 2011).

### **2.1.2 Comportamiento productivo y reproductivo**

El bovino Romosinuano ha sido evaluado en diversos estudios, debido principalmente al interés por la característica de adaptación a los ambientes tropicales del continente americano (Elzo, Manrique, Ossa & Acosta, 1998). Se han realizado diferentes estudios en donde se ha probado su resistencia al calor, desde la comparación con razas *Bos indicus* y otras razas *Bos taurus*, a través de la temperatura rectal y frecuencia respiratoria (Hammond et al., 1996; Scharf et al., 2010), hasta la tolerancia al calor en pre-implantación de embriones con estrés calórico (Hernández-Cerón, Chase & Hansen, 2004). También se ha estudiado la adaptación del Romosinuano a la exposición de forrajes infectados con endófitos en comparación con otras razas bovinas (Riley, Burke, Chase & Coleman, 2016).

En características reproductivas, Suárez, Ossa y Pérez (2006) reportaron una media para edad al primer parto de 1,162.3 d, en vacas Romosinuano con pastoreo rotacional en Colombia, y una media para intervalo entre partos de 433.6 d. En Costa Rica, Casas y Tewolde (2001) obtuvieron medias de 1,149 y 402 d, para edad al primer parto e intervalo entre partos, respectivamente.

En variables de crecimiento, Riley et al. (2007) estimaron medias de pesos al nacimiento y destete (229 d) de 29.8 y 209 kg, respectivamente, para un hato de Romosinuano en Florida, EE. UU.; mientras que en un hato en Costa Rica, Ossa, Suarez y Pérez (2005) publicaron valores de 182.9 kg para peso al destete (ajustado a 240 d). En una población de Romosinuano del Centro de Investigaciones de Turipaná, Colombia, se estimaron medias de pesos al nacimiento y destete (ajustado a los 240 d) de  $29.2 \pm 4.4$  y  $156 \pm 33$  kg, respectivamente (Martínez & Pérez, 2006).

## **2.2 Variables de crecimiento en bovinos**

### **2.2.1 Peso al nacimiento**

El peso al nacimiento (PN) es el primer valor de crecimiento posible de medir y cuya evaluación refleja el desarrollo del periodo prenatal, dependiendo en gran medida de la condición corporal de la madre, principalmente durante los últimos noventa días de gestación (Sandoval, Valle, Jiménez & Márquez, 2005). El PN puede estar afectado por efectos genéticos, tales como los efectos genéticos aditivos, heterosis y consanguinidad, y efectos no genéticos como la edad de la madre al momento del parto, el sexo del becerro, el peso de la madre al parto, el largo de la gestación y año de nacimiento (Dawson, Phillips & Black, 1947). Por otra parte, la relación entre el PN de la cría y el peso de la madre es un indicador de la dificultad al parto (Cundiff, Van Vleck & Hohenboken, 2010). Si la dificultad al parto es un problema en el hato, la selección de animales con valores genéticos para menor PN puede ser una estrategia efectiva para mejorar indirectamente la facilidad al parto. En el Cuadro 1 se muestran promedios de PN reportados en la literatura para bovinos criollos.

El bajo valor de PN es una de las características sobresalientes de las diferentes razas criollas. Este rasgo se considera importante, ya que implica menor dificultad de la vaca al parto, aspecto que conlleva a una rápida involución uterina, en consecuencia, una más pronta reconcepción y menor intervalo entre partos (Ossa, Abuabara, Pérez & Martínez, 2011).

Cuadro 1. Promedios de peso al nacimiento (PN) de bovinos criollos en condiciones tropicales.

Genotipo	PN (kg)	País	Autor(es)
Blanco Orejinegro	28.47	Colombia	Arboleda, 1979
Costeño con Cuernos	30.80	Colombia	Ossa et al., 2008
Chino Santandereano	27.20	Colombia	Ruiz, 2014
Romosinuano	29.20	Colombia	Martínez y Pérez, 2006
Romosinuano	29.80	EE. UU.	Riley et al., 2007
Romosinuano	31.31	Costa Rica	Ruíz, 1992
San Martinero	27.34	Colombia	Martínez et al., 2009a
Senepol	34.10	EE.UU.	Chase et al., 1998

### 2.2.2 Peso al destete

La producción de becerros al destete es el principal factor que afecta la eficiencia de los sistemas para la producción de carne y está determinada en gran medida por el comportamiento reproductivo de la vaca (Ríos, Vega, Montañó, Lagunes & Rosete, 1996). En general, el genotipo materno, la edad de la madre, el número de pariciones, la disponibilidad de nutrientes, la condición corporal y el peso vivo de la vaca, y la capacidad del becerro para crecer y consumir leche, interactúan para influir en el crecimiento de los becerros (Greenwood & Cafe, 2007). El peso al destete (PD) en las evaluaciones genéticas es usado para evaluar diferencias en el potencial de crecimiento de las crías y la habilidad lechera de las madres (Mrode, 2005). De acuerdo con las diferencias en el PD, los registros individuales de las crías deben ser ajustados a bases estándar. Es recomendado que el PD sea ajustado al promedio de edad al destete (por lo común 205 días), incluyendo animales dentro de un rango de  $\pm 45$  días de edad (Mrode, 2005). Los registros de las crías destetadas fuera de este rango deben recibir un código de manejo especial y manejarse como un grupo de manejo separado.

La evaluación del crecimiento predestete constituye un indicador de eficiencia económico, ya que más del 60% de los ganaderos en México cuentan con un sistema de producción de bovinos de doble propósito, el cual se basa en la producción de leche, y la producción de carne mediante la cría de becerros al

destete (Vilaboa-Arroniz et al., 2009). En el Cuadro 2 se muestran promedios de PD reportados en la literatura para bovinos criollos.

Cuadro 2. Promedios de peso al destete (PD) de bovinos criollos en condiciones tropicales.

Genotipo	ED <sup>z</sup> , d	PD, kg	País	Autor(es)
Blanco Orejinegro	270	196.3	Colombia	Cañas et al. (2008)
Costeño con Cuernos	NR <sup>y</sup>	187.9	Colombia	Ossa et al. (2008)
Chino Santandereano	270	160.4	Colombia	Ruiz (2014)
Romosinuano	270	156.0	Colombia	Martínez y Pérez (2006)
Romosinuano	210	155.2	Costa Rica	Ruíz (1992)
San Martinero	240	161.1	Colombia	Martínez et al. (2009)
Senepol	205	193.0	EE.UU.	Chase et al. (1998)

<sup>z</sup> ED = edad al destete; <sup>y</sup> NR = no reportado.

### 2.3 Modelos lineales en evaluaciones genéticas

La predicción de valores genéticos constituye una parte esencial en los programas de mejoramiento genético. La disponibilidad de registros de comportamiento de los animales es de gran importancia para la predicción de valores genéticos. Los datos colectados pueden incluir información de su descendencia y otros animales emparentados. Para analizar los datos de producción y poder estimar los valores genéticos de los animales es necesario modelar los datos (Mrode, 2005).

En las evaluaciones genéticas de animales domésticos, la metodología más comúnmente usada ha sido la desarrollada por Henderson en 1949, denominada como el mejor predictor lineal insesgado (BLUP, por sus siglas en inglés), la cual demostró tener propiedades estadísticas deseables en la predicción de valores genéticos y puede estimar simultáneamente los efectos fijos y los valores genéticos (Mrode, 2005).

Las propiedades de la metodología BLUP van de acorde con su nombre (Mrode, 2005):

- Mejor: significa que maximiza la correlación entre el valor verdadero ( $u$ ) y el predicho ( $\hat{u}$ ) o minimiza la varianza del error de predicción ( $var(e - \hat{e})$ ).
- Predictor: dado que involucra la predicción de los valores genéticos verdaderos.
- Lineal: los predictores son funciones lineales de las observaciones.
- Insesgado: la estimación de valores realizados para efectos aleatorios, tales como los valores genéticos, son insesgados ( $E(\hat{u} = u)$ ).

Charles Henderson innovó los métodos de mejoramiento genético a nivel mundial, a través de sus aportaciones como la modificación de las ecuaciones de cuadrados mínimos a ecuaciones de modelos mixtos con soluciones que tengan propiedades BLUP, el cálculo fácil de la matriz  $A^{-1}$  y la mejora de las ecuaciones de modelos mixtos para incluir animales sin registros (Freeman, 1991).

El modelo animal es el método comúnmente utilizado para predecir los valores genéticos de los animales a partir de sus propios registros o de sus parientes, y permite la evaluación genética simultánea de animales machos y hembras con todas las relaciones genéticas incluidas (Wiggans, Misztal & Van Vleck, 1988). El aumento de capacidad computacional y la disponibilidad de software especializado han facilitado el uso de modelos más detallados y procedimientos estadísticos más sofisticados para estimar componentes de varianza y predecir los valores genéticos (Ferreira, MacNeil & Van Vleck, 1999).

## **2.4 Efectos a incluir en los modelos de evaluación genética**

### **2.4.1 Efectos fijos**

Cada peso o medida registrada de un animal es una observación de su fenotipo, sin embargo, no toda la diferencia entre el fenotipo de los animales es debida a los genes (Mrode, 2005). Existen factores que se reflejan en las características de crecimiento del ganado bovino y que no tienen origen genético, por lo que es necesario hacer ajustes para esos factores. Al eliminar las diferencias entre los individuos evaluados debidas a los factores ambientales que ha experimentado el animal, las diferencias serán en mayor proporción debidas a factores genéticos

(Rumph & Van Vleck, 2004); aunque no es posible remover completamente la influencia de factores ambientales.

Comúnmente se utilizan dos formas de ajustar los efectos ambientales en un modelo. La primera es que estos efectos pueden ajustarse a partir de los datos antes del análisis, mediante el uso de factores de ajuste estimados, y la segunda forma es ajustar simultáneamente con la estimación de parámetros genéticos. Si se pre-ajustan los efectos antes del análisis, se debe estimar la magnitud de estos efectos, mientras que con el ajuste simultáneo, el proceso computacional se estima y se ajusta durante el análisis (Rumph & Van Vleck, 2004).

Las características medidas después del nacimiento, generalmente son afectadas por el sexo de la cría, y por la edad del animal y de su madre. El procedimiento usual para pre-ajustar los datos por el sexo de la cría y la edad de la madre es usando factores de ajuste, ya que las diferencias entre niveles de estos efectos ambientales se consideran relativamente constantes (Rumph & Van Vleck, 2004). La guía de la *Beef Improvement Federation* (Cundiff et al., 2010) señala valores establecidos para los factores de ajuste de edad de la madre por sexo del becerro (Cuadro 3).

Cuadro 3. Factores de ajuste aditivos para pesos al nacimiento (PN) y al destete (PD).

Edad de la madre (años)	PN (kg)		PD (kg)	
	Machos	Hembras	Machos	Hembras
2	3.6	3.6	27.2	24.5
3	2.3	2.3	18.1	16.3
4	0.9	0.9	9.1	8.2
5-10	0	0	0	0
>11	1.4	1.4	9.1	8.2

Fuente: Cundiff et al. (2010).

Estos valores de ajuste son para razas con PN promedio aproximado de 34.0 kg en machos y 31.8 kg en hembras. Por lo anterior, se recomienda utilizar factores de ajustes propios de la raza a evaluar.

Por otra parte, los efectos ambientales debidos a grupos contemporáneos cambian cada vez que se analizan los registros, por eso, el ajuste para los grupos contemporáneos se realiza simultáneamente con la estimación de parámetros genéticos y de los valores genéticos. Un grupo contemporáneo (GC) es definido y formado para identificar a los animales que son aproximadamente de la misma edad y sexo, y han tenido condiciones similares de manejo y ambiente durante una particular fase de su vida (Van Vleck, 1987). Para los análisis genéticos de las variables de crecimiento realizados con un modelo animal, el GC ha sido formado generalmente con base en el hato, año y estación de nacimiento.

El efecto de GC se puede ver como un efecto de hato anidado dentro de las subclases año-estación; las subclases de año-estación son los principales efectos que controlan las tendencias a lo largo de los años y las estaciones, y los efectos de hato se anidan dentro de las subclases de año-estación, porque el manejo del hato está cambiando continuamente con el tiempo (Van Vleck, 1987).

Los propietarios del ganado no aplican el mismo sistema de alimentación y los alimentos ofrecidos no son idénticos en calidad a lo largo de los años; la calidad del agua, las enfermedades, los tipos de corrales o potreros y otras variables están cambiando constantemente. Las únicas características constantes de un hato son el propietario, la identificación del rebaño y la ubicación del rebaño (Visscher & Goddard, 1993).

Además de las alternativas para crear grupos con relación al tiempo, hay características que pueden ser parte del agrupamiento de GC, como animales registrados y no registrados, crías de toros probados y no probados, manejo y no manejo en el rancho, tratados y no tratados con medicamento, y combinaciones de todas las anteriores. Solamente el encargado del rancho puede determinar los subgrupos apropiados, ya que él conoce los tratamientos específicos de cada animal (Van Vleck, 1987).

La inclusión del GC como efecto fijo en el modelo, generalmente se utiliza para remover sesgo en las evaluaciones genéticas debido a los efectos diferenciales en los grupos. El sesgo puede surgir por varias razones; la selección y el

apareamiento clasificado pueden ser fuentes de sesgo. Los sesgos pueden ocurrir por fallas en el modelo para tener debidamente en cuenta los factores fijos, así como el tratamiento preferencial deliberado o no intencional (Visscher & Goddard, 1993).

#### **2.4.2 Efectos aleatorios**

Los grupos o tratamientos determinados como efectos aleatorios en un modelo estadístico se definen como niveles de una variable aleatoria con alguna distribución teórica. Las principales características y diferencias entre los efectos fijos y aleatorios son las siguientes: un efecto se define como fijo si hay un número pequeño (finito) de grupos o tratamientos, los grupos representan distintas poblaciones, cada una con su propia media; y la variabilidad entre los grupos no se explica por alguna distribución. El efecto puede definirse como aleatorio si existe un número grande (incluso infinito) de grupos o tratamientos; los grupos investigados son una muestra aleatoria extraída de una sola población de grupos, y el efecto de un grupo particular es una variable aleatoria con alguna distribución de probabilidad o densidad (Kaps & Lamberson, 2017).

El propósito inicial de incluir efectos como aleatorios en los modelos lineales es estimar la varianza de tales efectos. En el mejoramiento genético animal, los investigadores típicamente quieren saber si la diferencia entre animales para una característica puede ser heredada, y las estimaciones de componentes de varianza se usan para estimar la heredabilidad. Un segundo objetivo de estos estudios es identificar animales genéticamente superiores para fines de reproducción (Littell, Milliken, Stroup, Wolfinger & Schabenberger, 2006).

##### **2.4.2.1 Efecto genético materno**

En poblaciones de animales, en especial los mamíferos, algunos animales son dependientes o se encuentran muy cercanos a otro familiar, por lo que el efecto de ese individuo puede tener contribuciones en otro emparentado (Willham, 1972). El PN y el crecimiento predestete de un animal, son determinados por su propio potencial genético y también por el efecto ambiental de la madre (Meyer, 1992). El efecto materno representa principalmente la producción de leche de la

madre y la habilidad materna, es por eso que el genotipo de la madre afecta el genotipo del becerro, tanto en su valor genético aditivo para su crecimiento como por sus efectos maternos en el crecimiento (Meyer, 1992). El efecto materno resulta estrictamente ambiental respecto a la cría, pero las diferencias fenotípicas entre las madres para el efecto materno se expresan en los valores fenotípicos de su descendencia (Willham, 1972). De ahí que los rasgos en los mamíferos influenciados por un componente materno importante tienen complejidad adicional a la caracterización de la variabilidad genética, y las estimaciones de heredabilidad puedan estar sesgadas por la presencia de efectos maternos; además, la comprensión de la variación genética en los efectos maternos, y la relación entre los efectos genéticos directos y maternos, es esencial para formular programas óptimos de mejoramiento genético (Robison, 1981).

La elección del modelo apropiado para examinar características compuestas por un efecto tanto directo como materno es crítico, ya que el modelo debe ser razonablemente preciso al describir la biología involucrada. Por esto, para las estimaciones de parámetros genéticos en ganado de carne, los efectos maternos han sido utilizados únicamente para características que describen el crecimiento del nacimiento al destete. Diversos autores han evaluado la importancia de introducir el efecto materno en los modelos de estimación de parámetros genéticos.

Los efectos específicos a incluir en los modelos de evaluación genética de diferentes poblaciones deben ser analizados previo a su evaluación final, para determinar el mejor modelo. En una población Angus, Meyer (1992) reportó que los efectos con influencia significativa en los modelos para PN y PD fueron los genéticos directos y maternos, mientras que para las razas Hereford y Cebú se consideraron los efectos genéticos directos, maternos, de ambiente permanente, y la covarianza entre efectos genéticos directos y maternos. En un estudio similar, Domínguez-Viveros, Núñez-Domínguez, Ramírez-Valverde y Ruíz-Flores (2003) encontraron que para PN en ganado Tropicarne, resultó apropiado tomar en cuenta los efectos genético aditivo y materno, más la covarianza entre ellos;

además, para el caso de PD, el modelo más adecuado fue el que consideró el efecto materno sin covarianza entre efectos genéticos directo y materno. Para otro caso en que se estudió la raza Brangus, el incluir los efectos directo, materno, de ambiente permanente, y la covarianza entre directo y materno resultó ser el mejor modelo para PN y PD, mientras que para Salers no resultó importante considerar la covarianza entre los efectos directo y materno para PD (Domínguez-Viveros, Rodríguez-Almeida, Ortega-Gutiérrez & Flores-Mariñelarena, 2009). Ríos-Utrera, Vega-Murillo, Martínez-Velázquez y Montaña-Bermúdez (2011) compararon seis modelos para estimar parámetros genéticos para PN, PD y PA en Limousin; el modelo que mejor se ajustó es el que incluyó los efectos genéticos aditivos y maternos, además de la covarianza entre ellos.

#### **2.4.2.2 Grupo contemporáneo como efecto aleatorio**

Los efectos no genéticos tales como la comparación de GC, han sido incluidos en los modelos para la predicción de valores genéticos con el propósito de reducir o remover sesgos en las estimaciones debidas a los efectos diferenciales, tales como el manejo asociado con el grupo (Visscher & Goddard, 1993). La inclusión del GC en el modelo ha sido comúnmente como efecto de subclases de partos (hato-año-estación) y condiciones de manejo (tipo de alimentación, condiciones en corral o potreros). En las evaluaciones de ganado de carne y lechero el efecto de GC ha sido tratado generalmente como fijo (Visscher & Goddard, 1993). Las subclases de GC con un efecto usualmente considerado como fijo en las evaluaciones genéticas de bovinos, algunas veces contienen un pequeño número de animales dentro de varias subclases. Si el GC es tratado como efecto aleatorio en el modelo, se incrementa el tamaño efectivo de GC; sin embargo, se esperaría un sesgo en las predicciones si se realiza selección entre sementales o si existe una asociación entre sementales y los GC (Ugarte, Alenda & Carabaño, 1992). La existencia de esa asociación haría que para los toros evaluados a partir de GC pequeños (en comparación con el caso de no asociación), se incremente la varianza del error de predicción. Cuando el GC es tratado como aleatorio, el número efectivo de crías o la información con la cual

un animal está siendo evaluado incrementa, y como consecuencia, la varianza del error de predicción disminuye (Van Vleck, 1987).

En un estudio realizado en México con ganado Suizo, Ramírez-Valverde, Núñez Domínguez, Ruíz-Flores, García-Muñiz y Magaña-Valencia (2008) encontraron que en la estimación de componentes de varianza para peso al destete, al incluir el GC como efecto aleatorio en lugar de fijo, la varianza genética aditiva directa se incrementó en 20.3%, la varianza materna se comportó de manera similar y la varianza residual se redujo en 3.8%; mientras que las estimaciones de heredabilidad directa y materna fueron menores cuando el GC se consideró como fijo. Sin embargo, a pesar de que las varianzas genéticas aditivas fueron mayores y las residuales menores, cuando el GC se incluyó como efecto fijo las heredabilidades fueron mayores, por lo que los autores en este caso sugieren considerar el GC como efecto fijo. Babot, Noguera, Alfonso y Estany (2003) compararon el efecto de utilizar el GC como efecto fijo o aleatorio para tamaño de camada en cerdos; en los modelos utilizando GC como efecto aleatorio, la varianza de este efecto fue menor a 4% de la varianza fenotípica y mostraron que la ventaja fue pequeña al utilizar el GC como efecto aleatorio para la característica de tamaño de camada al nacimiento, aunque podría ser de importancia en la respuesta a la selección, debido a la reducción del sesgo de las estimaciones.

#### **2.4.2.3 Interacción semental por ambiente**

Con el amplio uso de inseminación artificial, la utilización de sementales en diferentes condiciones ambientales y de manejo ha llegado a ser común, por lo que es posible evaluar animales tomando en cuenta la variación entre ambientes y condiciones de manejo. El objetivo del mejoramiento genético animal es cambiar el genotipo promedio de una población en el menor tiempo posible, lo cual podría mejorar el comportamiento del animal en condiciones ambientales que se encuentren en el futuro (Dickerson, 1962). Claramente, el problema se hace más complejo en la medida en que la clasificación fenotípica de una serie de genotipos se altera por los cambios en el ambiente (Dickerson, 1962). En otras

palabras, la presencia de una importante interacción genotipo x ambiente (GxE) puede complicar la selección, especialmente cuando los valores genéticos de los animales cambian en diferentes condiciones ambientales.

Las estimaciones de la varianza de la interacción semental x hato (SxH) surgen de las comparaciones del rendimiento relativo de los sementales en diferentes hatos. Por tanto, el alcance y la naturaleza de las conexiones entre los hatos pueden influir en la precisión de las estimaciones de la interacción SxH de los datos de campo.

Algunos estudios sobre la interacción GxE usando registros de campo de ganado bovino, generalmente han involucrado estimaciones de componentes de varianza para la interacción semental por ambiente (SxE). Los factores ambientales consideran regiones, hatos, y grupos contemporáneos (Notter, Tier & Meyer, 1992). Sin embargo, las técnicas de análisis de varianza no son óptimas para la estimación de componentes de varianza a partir de datos de campo, y la variación aparente debida a la interacción SxE puede surgir debido al uso de sementales de apareamiento diferencial no aleatorio entre hatos, o de tratamientos preferenciales de algunos hatos de medios hermanos paternos (Gutiérrez, Fernández, Álvarez, Royo & Goyache, 2006).

El ignorar los efectos de la interacción SxE en modelos usados para la estimación de componentes de varianza para variables de crecimiento, puede repercutir en diversos aspectos. Lee y Pollack (1997) mencionan que el ignorar la interacción semental por año (SxY) ha sido una fuente de sesgo en las estimaciones para PD en ganado bovino. Además, que al no incluir la interacción SxY puede haber una estimación errónea de la correlación entre el efecto genético aditivo y el materno (Lee & Pollack, 1997). Sin embargo, el uso de la interacción SxE no puede generalizarse para cualquier situación; Gallegos-Ramírez, Ramírez-Valverde, Núñez-Domínguez, Ruíz-Flores y Rodríguez-Almeida (2011) mencionan que para las razas Angus y Suizo Europeo no pudo ser estimable la correlación entre el efecto genético aditivo y el materno al tomar en cuenta la interacción SxH, SxY o SxH-Y. Estas dificultades al estimar algunos

componentes de varianza incluyendo más efectos en el modelo, puede deberse a una cantidad pequeña de información utilizada para el análisis (Fridrich et al., 2005).

Gutiérrez et al. (2006) probaron la significancia de introducir el efecto de la interacción semental por grupo contemporáneo (SxGC) en la estimación de parámetros genéticos para PN, PD y GDP en ganado Asturiana de los Valles. La prueba de proporción de verosimilitudes indicó que fue mejor el modelo cuando se agregó el efecto de SxGC, la heredabilidad directa se redujo 14% para PN y 28% para PD y GDP, y la heredabilidad materna se redujo 8, 21 y 23% para PN, PD y GDP. Berweger, Moll y Künzi (1999) encontraron que incluyendo el efecto de la interacción SxH reducía la heredabilidad directa aproximadamente de 30 a 40%, y se le atribuyó un 7% de la varianza fenotípica a este efecto. Además, al incluir el efecto de la interacción SxH en los modelos, se presentó una disminución significativa en  $-2 \log L$ . Gallegos-Ramírez et al. (2011) compararon el efecto de incluir la interacción SxE en sus variables hato, año, hato-año y GC para PD en las razas Angus, Salers y Suizo Europeo; las interacciones SxE probadas explicaron de 1 a 8% de la varianza fenotípica y con la mayor proporción explicada por la interacción probada se obtuvo un mejor ajuste del modelo. La interacción de SxE también se ha probado para características de producción de leche; Calus, Groen y Jong (2002) probaron el efecto GxE a través de la interacción semental por grupo contemporáneo (hato-año-estación), la cual obtuvo una varianza de 2.5% de la varianza fenotípica total y observaron que los valores genéticos predichos eran diferentes en cada ambiente.

Las estimaciones de varianza debida a la interacción SxE en algunos estudios se muestran en el Cuadro 4. La proporción de la varianza fenotípica explicada por alguna interacción de GxE varió desde 1 (Salers; Ramírez-Gallegos *et al.*, 2011) hasta 8% (Bonsmara; Naser et al., 1996). En estudios donde se compararon modelos incluyendo o no alguna interacción SxE, se observó una reducción en las estimaciones de heredabilidad directa; Gutiérrez et al. (2006) encontraron reducciones de 14 y 28% en heredabilidad directa de PN y PD en la raza

Asturiana de los Valles al incluir la interacción SxGC, mientras que Nesar et al. (1996) encontraron una reducción de 48% de la heredabilidad directa. La varianza fenotípica se mantuvo casi igual, reduciendo únicamente la varianza genética aditiva directa, con lo cual se deduce que al realizar estimaciones de parámetros genéticos sin incorporar al modelo alguna interacción de SxE se puede hacer una sobrevaloración de la varianza genética aditiva, creando sesgos en la estimación de valores genéticos predichos.

Cuadro 4. Estimadores de varianza para efectos de interacción semental por ambiente en poblaciones de razas bovinas.

Raza <sup>z</sup>	Efecto <sup>y</sup>	$\sigma_{SxA}^2$ <sup>x</sup>	$S^2$	$\sigma_P^2$	Autor(es)
<i>Peso al nacimiento</i>					
AV	I <sub>sxgc</sub>	1.85	0.04	46.25	Gutiérrez et al. (2006)
Brangus	I <sub>sxgc</sub>	1.13	0.07	16.16	Nesar et al. (2012)
Brahman	I <sub>sxgc</sub>	0.57	0.05	11.93	Pico et al. (2004)
Limousin	I <sub>sxgc</sub>		0.13		Van Niekerk y Nesar (2006)
<i>Peso al destete</i>					
AV	I <sub>sxgc</sub>	120.0	0.07	1715.20	Gutiérrez et al. (2006)
Angus	I <sub>sxy</sub>	79.94	0.07	1142.00	Berweger et al., (1999)
Bonsmara	I <sub>sxgc</sub>	41.79	0.08	497.35	Nesar et al. (1996)
Simmental	I <sub>sxh</sub>	41.10	0.05	832.10	Lee y Pollack (1997)
Brangus	I <sub>sxgc</sub>	81.51	0.10	815.07	Nesar et al. (2012)
Brahman	I <sub>sxgc</sub>	35.34	0.06	618.60	Pico et al. (2004)
Angus	I <sub>sxh</sub>	NR <sup>w</sup>	0.03	NR	Gallegos-Ramírez et al. (2011)
Angus	I <sub>sxgc</sub>	NR	0.04	NR	Gallegos-Ramírez et al. (2011)
Salers	I <sub>sxh</sub>	NR	0.01	NR	Gallegos-Ramírez et al. (2011)
Salers	I <sub>sxgc</sub>	NR	0.08	NR	Gallegos-Ramírez et al. (2011)
SE	I <sub>sxh</sub>	NR	0.05	NR	Gallegos-Ramírez et al. (2011)
SE	I <sub>sxgc</sub>	NR	0.03	NR	Gallegos-Ramírez et al. (2011)

<sup>z</sup>AV = Asturiana de los Valles; SE = Suizo Europeo.

<sup>y</sup>I<sub>sxgc</sub> = interacción semental por grupo contemporáneo; I<sub>sxh</sub> = interacción semental por ható; I<sub>sxy</sub> = interacción semental por año.

<sup>x</sup> $\sigma_{SxA}^2$  = varianza de la interacción semental por ambiente;  $S^2 = \sigma_{SxA}^2 / \sigma_P^2$ ;  $\sigma_P^2$  = varianza fenotípica.

<sup>w</sup>NR = no reportado.

Las pruebas de ajuste al incluir la interacción SxE en modelación, muchas veces han indicado su importancia en el modelo (Berweger et al., 1999; Gutiérrez et al., 2006; Nesar et al. 1996), por lo que en la estimación de valores genéticos es

conveniente realizar rutinariamente estas pruebas para saber la conveniencia de incluir el efecto de alguna interacción SxE.

## **2.5 Parámetros genéticos**

### **2.5.1 Heredabilidad directa**

La heredabilidad directa ( $h^2$ ) de una característica es uno de los parámetros más importantes en los programas de selección de animales. La  $h^2$  se define como la proporción de la varianza fenotípica total explicada por la varianza genética aditiva. Los valores fenotípicos de un individuo son los únicos que se pueden evaluar directamente, pero la influencia en los valores de la generación siguiente está determinada por el valor genético del individuo (Falconer & Mackay, 1996).

Es importante tener en cuenta que la  $h^2$  no sólo es una propiedad del carácter sino también de la población, así como de las condiciones ambientales en las que los individuos se desarrollan y de la forma en que se evalúa el fenotipo (Falconer & Mackay, 1996).

Los componentes de varianza son función de las frecuencias génicas y pueden diferir de una población a otra debido a sus razones históricas (Falconer & Mackay, 1996). En el Cuadro 5 se muestran los valores estimados de  $h^2$  para algunas razas no criollas de bovinos para carne en México. Las estimaciones de  $h^2$  para PN fluctúan desde 0.07 en Tropicarne (Domínguez-Viveros et al., 2003) hasta 0.85 en Brangus (Domínguez-Viveros et al., 2009), estimándose en promedio 0.33 para las razas mencionadas. Para el PD, las estimaciones de  $h^2$  han sido desde 0.08 en Tropicarne (Domínguez Viveros et al., 2009) hasta 0.45 en Angus (Ramírez-Valverde, Hernández-Álvarez, Núñez-Domínguez, Ruíz-Flores & García-Muñiz, 2007).

En el Cuadro 6 se presentan las estimaciones de  $h^2$  para algunas razas criollas bovinas. En PN, las estimaciones de  $h^2$  oscilan desde 0.15 en ganado San Martinero (Martínez, Onofre & Polanco, 2009a) hasta 0.38 en ganado Blanco Orejinegro (Martínez, Gallego, Onofre, Pérez & Vásquez, 2009b), teniendo 0.24 de promedio. Con relación al PD se observa una variación en la estimación de

$h^2$ , con valores que oscilan desde 0.18 en Blanco Orejinegro (Martínez et al., 2009b) hasta 0.34 en Romosinuano (Martínez & Pérez, 2006), con un promedio de  $h^2$  para esta característica de 0.26.

En una revisión de literatura a nivel mundial, Ríos (2008) menciona que la media de los estimadores de  $h^2$  para PN y PD fue 0.37 y 0.27, respectivamente, e indica que los efectos genéticos en estas características son moderadamente heredables y que es posible realizar mejoramiento genético por medio de selección para una sola característica.

Cuadro 5 Estimadores de heredabilidades directa ( $h^2$ ) y materna ( $h^2_m$ ) para características de crecimiento de razas bovinas no criollas en México.

Raza	$h^2$	$h^2_m$	Modelo <sup>z</sup>	Carac <sup>y</sup>	Autores
Brahman	0.32	0.16	DMC	PN	Parra-Bracamonte et al. (2009)
	0.22	0.08	DM	PD	
Nellore	0.59	0.17	DMC	PN	Martínez-González et al. (2010)
	0.29	0.17	DMC	PD	
Tropicarne	0.12	0.10	DMC	PN	Domínguez-Viveros et al. (2003)
	0.08	0.14	DM	PD	
Simmental	0.40	0.12	DMCP	PN	Rosales-Alday et al. (2004)
	0.33	0.19	DMCP	PD	
Charolais	0.22	0.16	DMCP	PN	Ríos et al. (2007)
	0.33	0.17	DMCP	PD	
Pardo Suizo	0.21	0.05	DMCP	PN	Segura-Correa et al. (2012)
	0.40	0.05	DMCP	PD	
Brangus	0.20	0.08	DMCP	PN	Domínguez-Viveros et al. (2009)
	0.20	0.08	DMCP	PD	
Salers	0.85	0.36	DMC	PN	
	0.13	0.04	DMP	PD	
Angus	0.32	0.33	DMCP+PD	PN	Ramírez-Valverde et al. (2007)
	0.45	0.00	DMCP+PN	PD	
Tropicarne	0.07	0.02	DMCP+PD	PN	
	0.10	0.08	DMCP+PN	PD	

<sup>z</sup>D = efectos genéticos aditivos directos; M = efectos genéticos aditivos maternos; C = covarianza entre los efectos genéticos aditivos y maternos; P = efectos maternos de ambiente permanente. La abreviatura después del signo (+) se refiere a la variable utilizada en un análisis bivariado.

<sup>y</sup> CARAC = característica; PN = peso al nacimiento; PD = peso al destete.

Cuadro 6 Estimadores de heredabilidades directa ( $h^2$ ) y materna ( $h^2_m$ ) para características de crecimiento de razas bovinas criollas.

Raza <sup>z</sup>	País	$h^2$	$h^2_m$	Modelo <sup>y</sup>	Carac <sup>x</sup>	Autor(es)
BON	Colombia	0.38	0.03	DMCP	PN	Martínez et al. (2009b)
	Colombia	0.18	0.05	DMCP	PD	
Romo	Colombia	0.25	0.06	DMCP	PN	Martínez y Pérez (2006)
	Colombia	0.34	0.19	DMCP	PD	
CCC	Colombia	0.17	0.01	DMCP	PN	Martínez et al. (2006)
	Colombia	0.21	0.05	DMCP	PD	
CCC	Colombia	0.28	0.08	DMCP	PN	Ossa et al. (2008)
	Colombia	0.28	0.13	DMCP	PD	
SM	Colombia	0.15	0.05	DMP	PN	Martínez et al. (2009a)
	Colombia	0.32	0.11	DMP	PD	

<sup>z</sup>BON = Blanco Orejinegro; Romo = Romosinuano; CCC = Costeño con Cuernos; SM = San Martinero.

<sup>y</sup> D = efectos genéticos aditivos directos; M = efectos genéticos aditivos maternos; C = covarianza entre los efectos genéticos aditivos y maternos; P = efectos maternos de ambiente permanente.

<sup>x</sup> CARAC = característica; PN = peso al nacimiento; PD = peso al destete.

El valor de  $h^2$  también depende de la magnitud de todos los componentes de varianza y por lo tanto se verá afectado por los cambios que experimente cualquiera de ellos (Falconer & Mackay, 1996). Meyer (1992) reportó que al ignorar componentes de varianza como el efecto genético materno, el de ambiente permanente y la covarianza entre efectos genéticos directos y maternos, las estimaciones de  $h^2$  para PN y PD eran mayores que en modelos donde sí se tomaban en cuenta. Domínguez-Viveros et al. (2003) encontraron que se puede presentar una subestimación de  $h^2$  para PN cuando en el modelo utilizado no se incluye la covarianza entre efectos genéticos directo y materno, teniendo una diferencia respecto a incluir este componente de varianza (0.10 vs 0.12). Parra-Bracamonte, Martínez-González, Cienfuegos-Rivas, Tewolde-Medhin y Ramírez-Valverde (2009) mencionan que tiene mayor importancia la inclusión de la covarianza genética aditiva entre el efecto directo y el materno ( $\sigma_{dm}$ ) en el modelo para la característica de PN, obteniendo escasa importancia la adición de los efectos maternos y de ambiente permanente sin considerar  $\sigma_{dm}$ , lo que sugiere cambios de importancia práctica al estimar heredabilidades usando modelos con y sin incluir este efecto en ganado Charolais (0.21 vs 0.32).

### **2.5.2 Heredabilidad materna**

La heredabilidad materna ( $h_m^2$ ) se expresa como la proporción de la varianza fenotípica debida a la varianza genética aditiva materna. Es de gran importancia considerar los efectos maternos en características con influencia de la madre, particularmente en características desde el nacimiento hasta el destete. En modelos para estimar componentes de varianza en variables de crecimiento donde no se considera el efecto materno, pueden presentarse subestimaciones de los efectos genéticos directos (Meyer, 1992). Con una estimación de  $h_m^2$  de 0.13 a 0.14, Meyer (1992) observó una reducción de la  $h^2$  en un 40% para PN.

Los valores estimados de  $h_m^2$  dan una idea de qué tanto influye la madre del animal en la expresión de cierta característica. En el Cuadro 5 se muestran estimaciones de  $h_m^2$  para razas no criollas en México. Los valores de las estimaciones de  $h_m^2$  para PN han oscilado entre 0.02 (Tropicarne) y 0.36 (Salers), mientras que para PD las estimaciones fluctuaron entre 0.00 (Angus) y 0.19 (Simmental). Para PN en Pardo Suizo, Segura-Correa et al. (2012) estimaron 0.05 de  $h_m^2$ , mencionando que la varianza genética materna fue de poca importancia para el mejoramiento de esta característica. Por otra parte, Martínez-González et al. (2012) estimaron 0.17 de  $h_m^2$  para PN y PD, sugiriendo que la influencia materna es importante en el crecimiento del ganado Nellore.

En el Cuadro 6 se presentan las heredabilidades maternas de algunas razas bovinas criollas para PN y PD. En promedio, las estimaciones de  $h_m^2$  reportadas para estas razas son menores que las obtenidas en razas no criollas, teniendo valores para PN que oscilan de 0.01 a 0.08 y en PD van desde 0.05 hasta 0.19, lo que puede significar que en las razas de origen criollo, la varianza genética materna podría tener menor influencia en el crecimiento predestete de los becerros.

### **2.5.3 Correlaciones genéticas**

La selección para múltiples características es más efectiva cuando se conocen las relaciones existentes entre ellas, por lo que el conocimiento de la magnitud de los componentes de varianza y covarianza es crítico, tanto para la evaluación

de los animales, como para programas adecuados de mejoramiento genético. En ocasiones, un mismo grupo de genes influyen sobre dos características simultáneamente. Una hipótesis es que este efecto puede ser causado por pleiotropía, que significa que un gen puede afectar a dos o más características (Falconer & Mackay, 1996). Una correlación fenotípica es la correlación entre los registros de dos características en el mismo animal y la correlación genética, por otra parte, es la correlación entre el valor genético de un animal para una característica y el valor genético del mismo animal para la otra característica (Searle, 1961). Los valores de correlación varían de -1 a +1. Cuanto más cercana sea una correlación a -1 o a +1, está indicando una fuerte relación lineal entre ambas características. Para cualquier programa de mejoramiento genético es necesario evaluar el grado de correlación genética, ambiental y fenotípica en dos o más características.

Para poder explicar las correlaciones entre características, es necesario saber cómo se combinan tanto las correlaciones genéticas como las correlaciones ambientales para dar una correlación fenotípica observable. Si ambos caracteres tienen una baja heredabilidad, la correlación fenotípica se determina fundamentalmente por la correlación ambiental, y si poseen una elevada heredabilidad, la correlación genética es la más importante (Roff & Mousseau, 1987). Por otra parte, si una correlación fenotípica es menor que su contraparte genética, junto con una pequeña correlación ambiental positiva, los genes que gobiernan dos características son similares, pero los ambientes que pertenecen a la expresión de estas características tienen una correlación baja (Searle, 1961).

En el Cuadro 7 se presentan algunas estimaciones para correlaciones genéticas entre PN y PD en poblaciones de bovinos para carne. Las correlaciones genéticas presentan valores que van desde -0.2 en ganado Brahman hasta 0.78 en ganado Brangus. En general, las correlaciones genéticas entre PN y PD presentan valores altos, lo cual indica que posiblemente estas dos características son influidas por genes en común y se pueden incrementar sus valores fenotípicos simultáneamente. Sin embargo, para el caso de PN está asociada a

dificultad al parto (Cundiff et al., 2010). Los valores de las correlaciones fenotípicas que presentan estas razas son menores que las correlaciones genéticas, lo que implica que el ambiente no influye de manera similar en ambas características, por lo cual también presentan una baja correlación ambiental (Searle, 1961).

Cuadro 7. Estimadores de correlaciones genéticas ( $r_a$ ), genéticas maternas ( $r_m$ ), de ambiente permanente ( $r_c$ ), residuales ( $r_e$ ) y fenotípicas ( $r_p$ ) entre peso al nacimiento y peso al destete en razas bovinas.

Raza	$r_a$	$r_m$	$r_c$	$r_e$	$r_p$	Autor(es)
CCC <sup>z</sup>	0.74	0.01	NR <sup>y</sup>	0.13	0.25	Ossa et al. (2008)
Brahman	0.64	0.74	-0.04	0.28	0.33	Plasse et al. (2002)
Angus	0.61	0.34	0.40	0.14	0.29	Robinson (1996)
Hereford	0.56	0.14	0.67	0.28	0.35	Meyer (1993)
Angus	0.76	0.3	1.00	0.38	0.51	Meyer (1994)
Brahman	-0.20	NR	NR	0.26	0.14	Montes et al. (2008)
Brangus	0.78	NR	NR	NR	NR	Neser et al. (2012)
Limousin	0.41	NR	NR	NR	0.16	Van Niecker y Neser (2006)

<sup>z</sup>CCC = Costeño con Cuernos.

<sup>y</sup>NR = no reportada.

Tomando en cuenta que la correlación genética entre las características de crecimiento en el ganado Costeño con Cuernos es alta, y la característica favorable que poseen las razas criollas de no presentar dificultades al parto, es posible establecer criterios de selección para mejorar el crecimiento en esta raza (Ossa et al., 2008; Ossa et al., 2011). Por otra parte, Plasse et al. (2002) mencionan que una correlación alta entre PD y PN puede ser deseable, debido a la relación de bajos pesos al nacimiento con muertes predestete en los trópicos.

## 2.6 Tendencias genéticas

Uno de los objetivos de realizar evaluaciones genéticas en ganado de carne es incrementar el mérito genético en variables de crecimiento para la progenie de reproductores seleccionados. Para determinar la efectividad de los programas de mejoramiento que se realizan en poblaciones de ganado bovino, las tendencias

genéticas deben ser monitoreadas (Hintz & Van Vleck, 1978). Una de las formas de monitorear los resultados de un programa mejoramiento genético, es a través del cambio que tienen los valores genéticos de las características de interés en la población objeto de estudio (Vergara-Garay, Simanca-Sotelo & Salgado-Otero, 2014). Las tendencias genéticas representan los cambios de los valores genéticos a través del tiempo, y son calculadas como una regresión lineal del promedio anual de los valores genéticos de los animales sobre el año.

Las tendencias genéticas también sirven para verificar que los parámetros genéticos y fenotípicos se mantienen constantes a través del tiempo, lo que indicaría el mantenimiento de la variabilidad genética en los programas de conservación (Martínez et al., 2009a). Con valores bajos de heredabilidad en características estudiadas, significa que hay poca variabilidad genética en la población, y por ende, en los valores genéticos de los animales, lo que implica que ocurra poco cambio en los valores genéticos directos promedios de la población a través del tiempo (Ossa, Narváez, Noriega, Pérez & Vergara, 2014).

En el Cuadro 8 se presentan los estimadores de tendencias genéticas para características de crecimiento en bovinos para carne. Los valores genéticos directos fluctúan desde -22 hasta 25 g/año y desde 7 hasta 329 g/año, para PN y PD, respectivamente. Las tendencias genéticas maternas fluctúan de -280 a 71 y de -2 a 17 g/año, para PN y PD. Con los datos reportados se observa que el mejoramiento genético en algunas razas es por vía de los valores genéticos directos más que por la vía materna. Domínguez-Viveros et al. (2009) mencionan que en las razas Brangus y Salers, los resultados de las tendencias genéticas indican que se ha descuidado la selección por habilidad materna, pese a que estas razas se caracterizan por su aptitud materna. La importancia del PN depende de lo que se considere como peso óptimo al nacimiento, ya que debe proporcionar un crecimiento apropiado al becerro, un buen aprovechamiento de la leche materna y evitar partos distócicos (Parra-Bracamonte et al., 2007).

Cuadro 8. Estimadores de tendencias genéticas para características de crecimiento en bovinos para carne.

Raza	Carac <sup>z</sup>	g/año	P-value <sup>y</sup>	Autor(es)
Tropicarne	PN	4.2	*	Domínguez-Viveros et al. (2003)
	PD	76.6	**	
Brangus	PN	-9.0	**	Domínguez-Viveros et al. (2009)
	PNm	-2.0	NS	
	PD	329.0	**	
	PDm	-207.0	**	
Salers	PN	-22.0	*	Domínguez-Viveros et al. (2009)
	PNm	11.0	*	
	PD	46.0	NS	
	PDm	-30.0	*	
Ramosinuano	PN	18.4	*	Martínez y Pérez (2006)
	PNm	4.8	NS	
	PD	116.4	NS	
	PDm	-280.0	*	
Sanmartinero	PN	3.3.0	NS	Martínez et al. (2009a)
	PNm	4.5.0	NS	
	PD	113.0	NS	
	PDm	71.0	NS	
CCC <sup>w</sup>	PN	2.0	NS	Ossa et al. (2008)
	PNm	17.0	*	
	PD	7.0	NS	
	PDm	27.0	NS	
Brahman	PN	1.0	NS	Parra-Bracamonte et al. (2007)
	PNm	2.1	NS	
	PD	191.0	*	
	PDm	-1.0	NS	
Simmental	PN	25.0	NR	Rosales-Alday et al. (2004)
	PNm	-0.4	NR	
	PD	140.0	NR	
	PDm	-0.1	NR	

<sup>z</sup> CARAC = característica; PN = peso al nacimiento directo; PNm = peso al nacimiento materno; PD = peso al destete directo; PDm = peso al destete materno.

<sup>y</sup> NS = P>0.05; \* = P<0.05; \*\* P<0.01; NR = no reportada.

<sup>w</sup>CCC = Costeño con Cuernos.

Los resultados en las razas Brangus y Salers indican que están en la dirección y magnitud adecuadas, con bajos pesos al nacimiento reduciendo partos problemáticos y subsecuentes problemas reproductivos (Domínguez-Viveros et al., 2009). Parra-Bracamonte et al. (2007) mencionan que la variación en el progreso genético en diferentes razas, se debe principalmente a los programas de selección aplicados en cada población. Rosales-Alday, Elzo, Montaña-Bermúdez y Vega-Murillo (2004) indican que los incrementos de valores genéticos para PD se deben a que los ganaderos pusieron más atención a esta característica, adquiriendo recursos genéticos provenientes de los EE. UU. Domínguez-Viveros et al. (2009) mencionan que en las razas Brangus y Salers se requiere un análisis estratégico de las implicaciones de estas tendencias genéticas, dado a que no son los resultados que se buscan en el plan de mejoramiento genético de estas razas. Por otra parte, los resultados presentados en la raza Brahman indican que los ganaderos le han dado mayor importancia a la característica de PD, sin embargo, el cambio genético a través de los años es aún pequeño (Parra-Bracamonte et al., 2007).

En poblaciones donde el objetivo principal no es la selección sino la conservación, como lo son las razas Costeño con Cuernos, Romosinuano y Sanmartinero, los autores mencionan que no se esperan incrementos grandes o significativos en los parámetros de crecimiento a través del tiempo (Martínez & Pérez, 2006; Martínez et al., 2009a; Ossa et al., 2008). Ossa et al. (2008) mencionan que antes de implementar un programa de mejoramiento genético en la población de Costeño con Cuernos es necesario mejorar indicadores de variabilidad genética, como el tamaño efectivo de la población.

## **2.7 Literatura citada**

- Arboleda, O. (1979). Correlaciones entre pesos vivos y medidas corporales del ganado Blanco-Orejinegro a diferentes edades. *Revista Facultad Nacional de Agronomía*, 32(2), 27-42.
- Babot, D., Noguera, J. L., Alfonso, L., & Estany, J. (2003). Fixed or random contemporary groups in genetic evaluation for litter size in pigs using a single trait repeatability animal model. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 120, 12-22, doi:10.1046/j.1439-0388.2003.00372.x.

- Berweger B., M., Moll, J., & Künzi, N. (1999). Comparison of models to estimate maternal effects for weaning weight of Swiss Angus cattle fitting a sire x herd interaction as an additional random effect. *Livestock Production Science*, 60, 203-208, doi:10.1016/S0301-6226(99)00093-7.
- Casas, E., & Tewolde, A. (2001). Evaluación de características relacionadas con la eficiencia reproductiva de genotipos criollos de carne en el trópico húmedo. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, 9(2), 68-73.
- Calus, M. P. L., Groen, A. F., & Jong, G. (2002). Genotype x environment interaction for protein yield in Dutch cattle as quantified by different models. *Journal of Dairy Science*. 85, 3115-3123, doi:10.3168/jds.S0022-0302(02)74399-3.
- Cañas, A. J., Ramírez, T. J., Arboleda A. O., Ochoa, S. J., Vergara, G.O., & Cerón-Muñoz, M. (2008). Estimación de parámetros genéticos para peso al destete en ganado Blanco Orejinegro (Bon) en el noroccidente colombiano. *Revista MVZ Córdoba*, 13(1), 1138-1145, doi:10.21897/rmvz.405.
- Chase, C. C. Jr., Olson, T. A., Hammond, A. C., Menchaca, M. A., West, R. L., Johnson, D. D., & Butts, W. T. (1998). Prewaning growth traits for Senepol, Hereford, and reciprocal crossbred calves and feedlot performance and carcass characteristics of steers. *Journal of Animal Science*, 76, 2967–2975, doi:10.2527/1998.76122967x.
- Cundiff, L. V., Van Vleck, L. D., & Hohenboken, W. D. (2010). Guidelines for uniform beef improvement programs, 9th Ed. Beef Improvement Federation, North Carolina State University, Raleigh, NC.
- Dawson, W. M., R. W. Phillips, and W. H. Black. (1947). Birth weight as a criterion of selection in beef cattle. *Journal of Animal Science*, 6:247-257, doi:10.2527/jas1947.63247x.
- De Alba, M. J. (2011). El Libro de Los Bovinos Criollos de América. México: Biblioteca Básica Agricultura (BBA). México, D. F.
- Dickerson, G. E. (1962). Implications of genetic-environmental interaction in animal breeding. *Animal Production*, 4, 47-63, doi:10.1017/S0003356100034395.
- Domínguez-Viveros, J., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., & Ruiz-Flores, A. (2003). Evaluación genética de variables de crecimiento en bovinos Tropicarne: I. Selección de modelos. *Agrociencia*, 37, 323-335.
- Domínguez-Viveros, J., Rodríguez-Almeida, F. A., Ortega-Gutiérrez, J. A., & Flores-Mariñelarena, A. (2009). Selección de modelos, parámetros genéticos y tendencias genéticas en las evaluaciones genéticas nacionales de bovinos Brangus y Salers. *Agrociencia*, 43, 107-117.

- Elzo, M. A., Manrique, C., Ossa, G., & Acosta, O. (1998). Additive and nonadditive genetic variability for growth traits in the Turipaná Romosinuano-Zebú multibreed herd. *Journal of Animal Science*, 76, 1539-1549, doi:10.2527/1998.7661539x.
- Estrada-León, R. J., Magaña-Monforte, J. G., & Segura-Correa, J. S. (2014). Estimation of genetic parameters for preweaning growth traits of Brahman cattle in Southeastern Mexico. *Tropical Animal Health and Production*, 46, 771-776, doi:10.1007/s11250-014-0563-z.
- Falconer, D. S., & Mackay T., F. C. (1996). *Introducción a la Genética Cuantitativa*. España: Editorial Acribia, S. A. Zaragoza. 469 p.
- Ferreira, G. B., MacNeil, M. D., & Van Vleck, L. D. (1999). Variance components and breeding values for growth traits from different statistical models. *Journal of Animal Science*, 77, 2641–2650, doi:10.2527/1999.77102641x.
- Freeman, A. E. (1991). C. R. Henderson: Contributions to the dairy industry. *Journal of Dairy Science*. 74, 4045-4051, doi:10.3168/jds.S0022-0302(91)78600-1.
- FIRA. (2017). Panorama Agroalimentario. Carne de Bovino 2017. Dirección de Investigación y Evaluación Económica y Sectorial. México. Consultada en [https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/200639/Panorama\\_Agroalimentario\\_Carne\\_de\\_bovino\\_2017\\_\\_1\\_.pdf](https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/200639/Panorama_Agroalimentario_Carne_de_bovino_2017__1_.pdf) Fecha de consulta: 14 de noviembre de 2017.
- Fridrich, A. B., Silva, M. A., Fridrich, D., Correia, G. S. S., Silva, L. O. C., Sakaguti, E. S., Ferreira, I. C., & Valente, B. D. (2005). Interação genótipo×ambiente e estimativas de parâmetros genéticos de características ponderais de bovinos Tabapuã. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 57, 663-672.
- Gallegos-Ramírez, R., Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., Ruíz-Flores, A., & Rodríguez-Almeida, F. A. (2011). Interacción semental×ambiente en la estimación de la correlación genética entre efectos directos y maternos en bovinos para carne. *Agrociencia*, 45, 687-697.
- Greenwood, P.L., & Cafe, L. M. (2007). Prenatal and pre-weaning growth and nutrition of cattle: Long-term consequences for beef production. *Animal*, 1, 1283–1296, doi:10.1017/S175173110700050x.
- Gutiérrez, J. P., Fernández, I., Álvarez, I., Royo, L. J., & Goyache, F. (2006). Sire x contemporary group interactions for birth weight and preweaning growth traits in the Asturiana de los Valles beef cattle breed. *Livestock Science*, 99, 61–68, doi:10.1016/j.livprodsci.2005.05.021.

- Hammond, A. C., Olson, T. A., Chase Jr, C. C., Bowers, E. J., Randel, R. D., Murphy, C. N., Vogt, D. W., & Tewolde, A. (1996). Heat tolerance in two tropically adapted *Bos taurus* breeds, Senepol and Romosinuano, compared with Brahman, Angus, and Hereford cattle in Florida. *Journal of Animal Science*, 74, 295-203, doi:10.2527/1996.742295x.
- Hernández-Cerón, J., Chase, C.C., & Hansen, P. J. (2004). Differences in heat tolerance between preimplantation embryos from Brahman, Romosinuano, and Angus Breeds. *Journal of Dairy Science*, 87(1), 53-58, doi:10.3168/jds.S0022-0302(04)73141-0.
- Hintz, R. L., & Van VLeck, L. D. (1978). Estimation of genetic trends from cow and sire evaluations. *Journal of Dairy Science*, 61(5), 607-613, doi:0.3168/jds.S0022-0302(78)94417-X.
- Kaps, M., & Lamberson, W. R. (2017). *Biostatistics for Animal Science (Third Edition)*. United Kingdom: CABI.
- Lee, C., & Pollack, E. L. (1997). Relationship between sire x year interactions and direct-maternal genetic correlation for weaning weight of Simmental cattle. *Journal of Animal Science*, 75, 68-75, doi:10.2527/1997.75168x.
- Littell, R. C., Milliken, G. A., Stroup, W. W., Wolfinger, R. D., & Schabenberger, O. (2007). *SAS for mixed models (Second Edition)*. USA: SAS Institute.
- Martínez, C. G. (1998). El ganado Criollo Romosinuano (Romo). *Animal Genetic Resources Information*, 24, 1-11, doi:10.1017/S1014233900001097.
- Martínez, R. A. & Pérez, J. E. (2006). Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento en el ganado criollo colombiano Romosinuano. *Revista Corpoica - Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 7(1), 25-32.
- Martínez, R. A., Pérez, J. E., & Herazo, T. (2006). Estimation of genetic parameters and variance components for growth traits in Costeño Con Cuernos cattle in Colombian humid tropic. In *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, 2006 (pp. 32-20).
- Martínez, R. A., Onofre, G., & Polanco, N. (2009a). Parámetros y tendencias para características de crecimiento en el ganado criollo Sanmartinero. *Revista Corpoica - Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 10(2), 196-204.
- Martínez, R., Gallego, J., Onofre, G., Pérez, J., & Vásquez, R. (2009b). Evaluación de la variabilidad y potencial genético de poblaciones de bovinos criollos colombianos. *Animal Genetic Resources*, 44, 57-66, doi:10.1017/S1014233900002868.
- Martínez-González, J. C., García-Esquivel, F. J., Parra-Bracamonte, G. M., Castillo-Juárez, H., & Cienfuegos-Rivas, E. G. (2010). Genetic parameters for growth traits in Mexican Nellore cattle. *Tropical animal health and production*, 42(5), 887-892, doi:10.1007/s11250-009-9502-9.

- Mejía-Bautista, G. T., Magaña, J. G., Segura-Correa, J. C., Delgado, R., & Estrada-León, R. J. (2010). Comportamiento reproductivo y productivo de vacas *Bos indicus*, *Bos taurus* y sus cruces en un sistema de producción vaca: cría en Yucatán, México. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 12, 289-301.
- Meyer, K. (1992). Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Livestock Production Science*, 31, 179-204, doi:10.1016/0301-6226(92)90017-X.
- Meyer, K. (1993). Covariance matrices for growth traits of Australian Polled Hereford cattle. *Animal Science*, 57(1), 37-45, doi:10.1017/S0003356100006589.
- Meyer, K. (1994). Estimates of direct and maternal correlations among growth traits in Australian beef cattle. *Livestock Production Science*, 38(2), 91-105, doi:10.1016/0301-6226(94)90053-1.
- Montes, V., Vergara, G., Prieto, M., & Rodríguez, P. (2008). Estimación de los parámetros genéticos para el peso al nacer y al destete en ganado bovino de la raza Brahman. *Revista MVZ Córdoba*, 13(1), 1184-1191.
- Mrode, R. (2005). *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values*. CABI Publishing. Cambridge, EE.UU.
- Neser, F. W. C., Van Wyk, J. B., Fair, M. D., Lubout, P., & Crook, B. J. (2012). Estimation of genetic parameters for growth traits in Brangus cattle. *South African Journal of Animal Science*, 42(5), 469-473.
- Neser, F. W. C., Konstantinov, K. V., & Erasmus, G. J. (1996). The inclusion of herd-year-season by sire interaction in the estimation of genetic parameters in Bonsmara cattle. *South African Journal of Animal Science*, 26(3), 75-78.
- Notter, D. R., Tier, B., & Meyer, K. (1992). Sire x herd interactions for weaning weight in beef cattle. *Journal of Animal Science*, 70, 2359-2365, doi:10.2527/1992.7082359x.
- Ossa, G. A., Suárez, M. A. & Pérez, J. E. (2005). Efectos del medio y herencia sobre el peso al nacimiento de terneros de la raza Romosinuano. *Revista MVZ Córdoba*, 10(1), 564-572.
- Ossa, G., Pérez, J. E., Guerra, D., González-Peña, D., Jiménez, F., Gallego, J., & Polanco, N. (2008). Parámetros genéticos y tendencias genéticas de rasgos de crecimiento de la raza criolla colombiana Costeño con Cuernos, *Ciencia y Tecnología Ganadera*, 2(3), 133-139.
- Ossa, G., Abuabara, Y., Pérez, G. J. E., & Martínez G. (2011). El ganado Criollo Colombiano Costeño con Cuernos (CCC). *Animal Genetic Resources*, 48, 101-107, doi:10.1017/S2078633611000014.

- Ossa S., G. A., Narváez P., H. J., Noriega M., J. G., Pérez G., J. E., & Vergara G. O. D. (2014). Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento en una población de ganado criollo Romosinuano. *Livestock Research for Rural Development*, 26, (10).
- Parra-Bracamonte, G. M., Martínez-González, J. C., García-Esquivel, F. J., González-Reyna, A., Briones-Encinia, F., & Cienfuegos-Rivas, E. G. (2007). Tendencias genéticas y fenotípicas de características de crecimiento en el ganado Brahman de registro de México. *Revista Científica, FCV-LUZ*, 17(3), 262-267.
- Parra-Bracamonte, G. M., Martínez-González, J. C., Cienfuegos-Rivas, E. G., Tewolde-Medhin, A., & Ramírez-Valverde, R. (2009). Comparación de modelos alternativos en la evaluación genética de variables de crecimiento de ganado Brahman de registro en México. *Archivos de Medicina Veterinaria*, 41(2), 115-122, doi:10.4067/S0301-732X2009000200004.
- Plasse, D., Verde, O., Fossi, H., Romero, R., Hoogesteijn, R., Bastidas, P., & Bastardo, J. (2002). (Co) variance components, genetic parameters and annual trends for calf weights in a pedigree Brahman herd under selection for three decades. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 119(3), 141-153, doi:10.1046/j.1439-0388.2002.00321.x.
- Pico, B. A., Naser, F. W. C., & Van Wyk, J. B. (2004). Genetic parameters for growth traits in South African Brahman cattle. *South African Journal of Animal Science*, 34(6), 44-46, doi:10.4314/sajas.v34i6.3827.
- Ramírez-Valverde, R., Hernández-Alvarez, O. C., Núñez-Domínguez, R., Ruíz-Flores, A., & García-Muñiz, J. G. (2007). Análisis univariado vs multivariado en la evaluación genética de variables de crecimiento en dos razas bovinas. *Agrociencia*, 41, 271-282.
- Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., Ruíz-Flores, A., García-Muñiz, J. G. & Magaña-Valencia, F. (2008). Comparación de definiciones de grupos contemporáneos en la evaluación genética de bovinos Suizo Europeo. *Técnica Pecuaria en México*, 46(4), 359-370.
- Riley, D. G., Chase, C. C., Coleman, S. W., & Olson, T. A. (2007). Evaluation of birth and weaning traits of Romosinuano calves as purebreds and crosses with Brahman and Angus. *Journal of Animal Science*. 85, 289-298, doi:10.2527/jas.2006-416.
- Riley, D. G., Burke, J. M., Chase, C. C., & Coleman, S. W. (2016). Heterosis and direct effects for Charolais-sired calf weight and growth, cow weight and weight change, and ratios of cow and calf weights and weight changes across warm season lactation in Romosinuano, Angus, and F1 cows in Arkansas. *Journal of Animal Science*, 94, 1-12, doi:10.2527/jas.2015-9484.

- Ríos U., A., Vega, M. V. E., Montaña, B. M., Lagunes, L. J., & Rosete, F. J. V. (1996). Comportamiento reproductivo de las vacas Brahman, Indobrasil y cruza F1 Angus, Charolais, Hereford y Suizo Pardo X Cebu y Peso al Destete de sus crías. *Técnica Pecuaria en México*, 34(1), 20-28.
- Ríos U., Á. (2008). Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento predestete de bovinos. Revisión. *Técnica Pecuaria en México*, 46(1), 37-67.
- Ríos-Utrera, Á., Vega-Murillo, V. E., Martínez-Velázquez, G., & Montaña-Bermúdez, M. (2011). Comparison of models for the estimation of variance components for growth traits of registered Limousin cattle. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 14, 667-674.
- Ríos U., A., Martínez V., G., Tsuruta, S., Bertrand, J. K., Vega M., V. E. & Montaña B., M., (2007). Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento de ganado Charolais mexicano. *Técnica Pecuaria en México*, 45(2):121-130.
- Robison, O. (1981). The influence of maternal effects on the efficiency of selection: A review. *Livestock Production Science*, 8, 121-137, doi:10.1016/0301-6226(81)90016-6.
- Roff, D. A., & Mousseau, T. A. (1987). Quantitative genetics and fitness: Lessons from *Drosophila*. *Heredity*, 58, 103-118. doi:10.1038/hdy.1987.15.
- Rosales-Alday, J., Elzo, M. A., Montaña, M., & Vega, V. E. (2004). Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento predestete en la población mexicana de Simmental. *Técnica Pecuaria en México*, 42(2), 171-180.
- Ruiz C., D. M. (2014). Estimación de la heredabilidad para el peso al nacimiento y el peso al destete en la raza Chino Santandereano y sus cruces en el departamento de Santander. Tesis Profesional. Universidad Nacional Abierta y a Distancia. Colombia.
- 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 de Maestría en Ciencias. CATIE. Costa Rica. 172 p.
- Rumph, J. M., & Van Vleck, L. D. (2004). Age of dam adjustment factors for birth and weaning weight records of beef cattle: A review. *Genetics and Molecular Research*, 3, 1-17.
- Sandoval, E., Valle, A., Jiménez, D., & Márquez, O. (2005). Evaluación de pesos al nacer y crecimiento en becerros doble propósito amamantados con vacas nodrizas durante la etapa de lactantes. *Zootecnia Tropical*, 23, 1-16.

- Scharf, B., Carroll, J. A., Riley, D. G., Chase, C. C., Coleman, S. W., Keiser, D. H., Weaber, R. L., & Spiers, D. E. (2010). Evaluation of physiological and blood serum differences in heat-tolerant (Romosinuano) and heat-susceptible (Angus) *Bos taurus* cattle during controlled heat challenge. *Journal of Animal Science*, 88, 2321-2336, doi:10.2527/jas.2009-2551.
- Searle, S. R. (1961). Phenotypic, genetic and environmental correlations. *Biometrics*, 17(3), 474-480.
- Segura-Correa, J. C., Chin-Colli, R. C., Magaña-Monforte, J. G., & Núñez-Domínguez, R. (2012). Genetic parameters for birth weight, weaning weight and age at first calving in Brown Swiss cattle in Mexico. *Tropical Animal Health and Production*, 44(2), 337-341, doi:10.1007/s11250-011-0026-8.
- Suárez, M., Ossa, G., & Pérez J. (2006). Factores ambientales y genéticos que influyen sobre la edad al primer parto en hembras de la raza Romosinuano. *Revista MVZ Córdoba*, 11(1), 738-743.
- Tewolde, A. (1999). Los Criollos bovinos y los sistemas de producción animal en los trópicos de América Latina. Criollos en sistemas productivos latinoamericanos Razas Bovinas creadas en Latinoamérica y el Caribe. Facultad de Agronomía. Universidad Autónoma de Tamaulipas. México.
- Ugarte, E., Alenda, R., & Carabaño, M. J. (1992). Fixed or Random Contemporary Groups in Genetic Evaluations. *Journal of Dairy Science*, 75, 269-278, doi:10.3168/jds.S0022-0302(92)77762-5.
- Van Niecker, M., & Naser, F. W. C. (2006). Genetic parameters for growth traits in South African Limousin cattle. *South African Journal of Animal Science*, 36(5), 6-9, doi:10.4314/sajas.v36i5.4075.
- Van Vleck, L. D. (1987). Contemporary groups for genetic evaluations. *Journal of Dairy Science*, 70, 2456-2464, doi:10.3168/jds.S0022-0302(87)80309-0.
- Vergara-Garay, O., Simanca-Sotelo, J., Salgado-Otero, R. (2014). Heredabilidades, correlaciones y tendencias genéticas para características pre y posdestete en una población multirracial de ganado de carne en Colombia. *Revista Científica, FCV-LUZ*, 24(4), 331-340.
- Vilaboia-Arroniz J., Díaz-Rivera, P., Ruiz-Rosado, O., Platas-Rosado, D. E., González-Muñoz, S., & Juárez-Lagunes, F. (2009). Caracterización socioeconómica y tecnológica de los agroecosistemas con bovinos de doble propósito de la región del Papaloapan, Veracruz, México. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 10, 53-62.
- Visscher, P. M., & Goddard, M. E. (1993). Fixed and random contemporary groups. *Journal of Dairy Science*, 76, 1444-1454, doi:10.3168/jds.S0022-0302(93)77475-5.

- Wiggans, G. R., Misztal, I., & Van Vleck, L. D. (1988). Implementation of an animal model for genetic evaluation of dairy cattle in the United States. *Journal of Dairy Science*, 71(Suppl. 2), 54–69, doi:10.1016/S0022-0302(88)79979-8.
- Willham, R. L. (1972). The role of maternal effects in animal breeding. III. Biometrical aspects of maternal effects in animals. *Journal of Animal Science*, 35(6), 1288-1293, doi:10.2527/jas1972.3561288x.

### 3. PARÁMETROS Y TENDENCIAS GENÉTICAS DE VARIABLES DE CRECIMIENTO PARA BOVINOS ROMOSINUANO EN MÉXICO

#### 3.1 Resumen

Se estimaron los parámetros genéticos y tendencias genéticas para características de crecimiento en el ganado Romosinuano que se encuentra en México. La base de datos provino de la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Criollo Lechero Tropical, A. C. La información utilizada incluyó 895 registros de peso al nacimiento (PN) y 517 de peso al destete (PD). El pedigrí final incluyó 4,537 animales nacidos entre 1950 y 2016. Los análisis fueron realizados mediante el programa ASReml, preliminarmente usando análisis univariados para identificar los mejores modelos, y comparándolos mediante la prueba de razón de verosimilitud. Los análisis finales se realizaron mediante un modelo animal bivariado para ambas características. El modelo final incluyó los efectos fijos de grupo contemporáneo (año-hato-época-sexo) y la covariable edad de la madre al parto, lineal y cuadrática. Los efectos aleatorios fueron los genéticos aditivos directos para ambas características y los genéticos aditivos maternos para el PD, y la interacción semental por grupo contemporáneo para ambas características. Las tendencias genéticas para PN y PD fueron estimadas mediante una regresión lineal simple del promedio de los valores genéticos sobre el año de nacimiento de los animales. Las estimaciones de heredabilidad para efectos directos fueron  $0.19 \pm 0.09$  y  $0.21 \pm 0.12$ , para PN y PD. La heredabilidad materna para PD fue  $0.04 \pm 0.05$ . La proporción de la varianza fenotípica explicada por la interacción semental por grupo contemporáneo fue  $0.21 \pm 0.05$  y  $0.11 \pm 0.08$  para PN y PD. La correlación genética entre PN y PD fue 0.69. Las tendencias genéticas para PN y PD no fueron diferentes de cero ( $P > 0.05$ ). Las estimaciones de heredabilidad para PN y PD fueron moderadamente bajas, pero con variabilidad genética suficiente para implementar un programa de selección en estas características.

**Palabras clave:** peso al nacimiento, peso al destete, bovinos criollos, bovinos para carne.

## GENETIC PARAMETERS AND GENETIC TRENDS FOR GROWTH TRAITS FOR ROMOSINUANO CATTLE IN MEXICO

### 3.2 Abstract

Genetic parameters and genetic trends for growth traits were estimated in Romosinuano cattle in Mexico. The data was provided by “Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Lechero Tropical A. C”. Data included 895 and 517 records of birth (BW) and weaning weight (WW). The final pedigree included 4,537 animals born between 1950 and 2016. Analyses were carried out with the ASReml program. Preliminarily univariate analyses were used to identify the best models and comparing them with the likelihood ratio test. Final analyses were performed with a bivariate animal model for both traits. The final model included the fixed effects of contemporary group (year-herd-season-sex) and the calving age (linear and quadratic) as a covariate. The random effects were the direct additive genetic effects for both traits, maternal additive genetic effects for WW, and sire by contemporary group interaction for both traits. Genetic trends for PN and PD were estimated using a simple linear regression of average breeding values on birth year of the animals. Estimations of direct heritability for BW and WW were  $0.19 \pm 0.09$  and  $0.21 \pm 0.12$ , and maternal heritability for WW was  $0.04 \pm 0.05$ . The proportions of phenotypic variance explained by the interaction between sire and contemporary group were  $0.21 \pm 0.05$  and  $0.11 \pm 0.08$ , for BW and WW, respectively. The genetic correlation between BW and WW was 0.69. Genetic trends for BW and WW were not different from zero ( $P > 0.05$ ). The heritability estimates for BW and WW were moderately low, but there is sufficient genetic variability to implement a selection program for these traits.

**Key words:** birth weight, weaning weight, criollo cattle, beef cattle.

### 3.3 Introducción

Existen diversos retos a los cuales la ganadería se deberá enfrentar, debido principalmente al crecimiento poblacional y a una mejora de los estándares de vida que crearán un incremento en la demanda de alimentos incluyendo la producción de carne, así como los cambios climáticos que se presentarán; pues se estima que estos retos tendrán consecuencias importantes en la producción de alimentos y seguridad alimentaria (FAO, 2009; Foust & Headlee, 2017). Por esto, los desafíos de muchos sistemas de producción animal, no sólo son incrementar la producción sino también la resistencia de los animales a climas extremos y a la escasez de agua y forraje.

Las razas criollas bovinas han evolucionado en condiciones muy adversas, lo que surge que son animales que poseen genes para adaptación en frecuencias distintas a las de razas exóticas, por lo que es conveniente caracterizar, conservar y utilizar de manera sostenible estas razas (Núñez-Domínguez, Ramírez-Valverde, Saavedra-Jiménez & García-Muñiz, 2016). La raza Romosinuano es una raza criolla desarrollada en Colombia, que actualmente se encuentra difundida principalmente en Costa Rica, Estados Unidos, Venezuela y México (De Alba, 2011). Sin embargo, en su país de origen esta raza ha ido presentando un descenso crítico en el tamaño de su población (Martínez & Pérez, 2006).

Desde hace dos décadas, productores mexicanos establecieron hatos de bovinos Romosinuano y la población de esta raza en México ha ido en aumento. La conservación de los recursos genéticos animales carece de sentido si no se realiza un uso comercial de ellos en los diversos agroecosistemas nacionales, por lo que la conservación también implica preservación y utilización (Martínez, Gallego, Onofre, Pérez & Vásquez, 2009b). Para poder lograr una mejor eficiencia en la producción utilizando esta raza, es importante la identificación de individuos superiores, por lo que es necesario estimar parámetros genéticos y fenotípicos para evaluar las posibilidades de mejoramiento genético de estos recursos genéticos. El objetivo de este estudio fue estimar parámetros y

tendencias genéticas de variables de crecimiento en la población de bovinos Romosinuano que se encuentra en México, con el fin de determinar si existe suficiente variabilidad genética para mejorar características de crecimiento.

### **3.4 Materiales y métodos**

#### **3.4.1 Origen y características de los datos**

La información genealógica y productiva utilizada en este estudio provino de la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Criollo Lechero Tropical A. C. (AMCROLET), donde fueron tomados los datos de la identificación del animal y de sus padres, sexo, criador, fecha de nacimiento, y los datos productivos de los pesos al nacimiento y al destete. Los registros de comportamiento provienen de ranchos en donde los animales son alimentados únicamente con base en pastoreo de praderas (principalmente *Brachiaria brizantha* y *Cynodon plectostachyus*). Los becerros son destetados aproximadamente a los ocho meses.

Las características estudiadas fueron los pesos al nacimiento (PN) y al destete ajustado a los 240 días (PD). Los registros de pesos usados en los análisis fueron obtenidos de animales provenientes de cuatro unidades de producción, nacidos entre 2002 y 2016. Se depuró la base de datos, eliminando animales con errores en sus fechas de nacimiento, con padres desconocidos, muy alejados de la media general de cada característica ( $\pm 3\sigma$ ), que no pertenecieran a un grupo contemporáneo (GC = año, hato, época, sexo) y pertenecientes a GC que no presentaran conectividad genética entre ellos, esto último fue determinado usando el programa AMC (Roso & Schenkel, 2006). La información final utilizada incluyó 895 registros de PN y 517 de PD. Las edades de las madres al parto variaron entre 1.7 y 17.7 años. El archivo de pedigrí tuvo información desde 1950 hasta 2016, con un total de 4,537 animales. Una descripción general con los estadísticos obtenidos de los registros se muestra en el Cuadro 9.

#### **3.4.2 Análisis estadístico**

Las estimaciones de componentes de varianza fueron obtenidas por máxima verosimilitud restringida (REML), usando el programa ASReml (Gilmour, Gogel,

Cullis, Welham & Thompson, 2015). Con el propósito de establecer el modelo de mejor ajuste para análisis univariados de PN y PD, se realizaron pruebas de significancia para los efectos fijos y aleatorios. Para seleccionar los efectos fijos en las características evaluadas, los modelos iniciales incluyeron el grupo contemporáneo, la covariable edad de la madre al parto (lineal y cuadrática), y la covariable lineal de la proporción de genes Romosinuano (0.5 a 1). La significancia de los efectos ( $P < 0.05$ ) fue realizada mediante la prueba del Estadístico de Wald del programa ASReml (Gilmour et al., 2015).

Cuadro 9. Estructura y estadísticos descriptivos de la información analizada.

Concepto	Peso al Nacimiento	Peso al destete
Registros de crecimiento, No.	895	517
Grupos contemporáneos, No.	119	73
Sementales, No.	78	56
Madres, No.	648	251
Media $\pm$ D.E. (kg)	27.08 $\pm$ 4.92	147.23 $\pm$ 27.64

Para seleccionar los efectos aleatorios a incluir en el modelo final, se utilizaron modelos iniciales univariados donde se incluyeron los efectos: genético directo aditivo, genético aditivo materno (ignorando y considerando la correlación entre efectos directos y maternos), ambiente permanente, grupo contemporáneo (en lugar de éste como efecto fijo), interacción de semental por grupo contemporáneo, e interacción de semental por ható. En los Apéndices 1 y 2 se muestran las estimaciones de co(varianza) y parámetros resultantes en las pruebas de los modelos univariados. Para considerar significativo un efecto, se realizaron pruebas de proporción de verosimilitudes, que se basan en las diferencias entre los logaritmos de las funciones de verosimilitud estimadas en el programa y comparadas con el valor de Chi-cuadrado con  $p$  grados de libertad, donde  $p$  es igual a la diferencia en el número de parámetros entre los modelos (Domínguez-Viveros, Rodríguez-Almeida, Ortega-Gutiérrez & Flores-Mariñelarena, 2009). En el Apéndice 3 se presentan los valores de la comparación de modelos univariados por medio de la prueba de proporción de verosimilitud.

Con los efectos considerados como significativos, se realizó un análisis con el modelo animal bivariado para PN y PD, con el fin de estimar los componentes de varianza. La notación matricial para el modelo final fue:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & N_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} s_1 \\ s_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

donde  $y$  es vector de observaciones,  $b$  es vector de efectos fijos,  $u$  es vector de efectos genéticos aditivos directos,  $m$  es vector de efectos genéticos aditivos maternos (sólo en PD),  $s$  es vector para la interacción semental por grupo contemporáneo, y  $e$  es vector de efectos residuales;  $X$ ,  $Z$ ,  $N$  y  $W$  son matrices de incidencia para su vector correspondiente; y los subíndices 1 y 2 corresponden a las características de PN y PD, respectivamente. Las suposiciones del modelo fueron:

$$\begin{pmatrix} y \\ u \\ m \\ s \\ e \end{pmatrix} \sim N \left( \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & ZG & NM & WS & R \\ GZ' & G & 0 & 0 & 0 \\ NM' & 0 & M & 0 & 0 \\ SW' & 0 & 0 & S & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \right)$$

Donde  $V = ZGZ' + NMN' + WSW' + R$ ,  $G = A \otimes G_0$ ,  $M = A \otimes M_0$ ,  $S = I_s \otimes S_0$ ,  $R = I_e \otimes R_0$ ,  $A$  es la matriz de relaciones genéticas aditivas entre los animales,  $G_0$  es la matriz de (co)varianzas para los efectos genéticos aditivos directos entre PN y PD,  $M_0$  es la matriz de (co)varianzas para los efectos genéticos aditivos maternos,  $S_0$ , es la matriz de (co)varianzas para la interacción semental por grupo contemporáneo entre PN y PD,  $R_0$  es la matriz de (co)varianzas para los efectos residuales entre ambas características,  $I_s$  es la matriz identidad de orden igual al número de interacciones semental por grupo contemporáneo,  $I_e$  es la matriz identidad de orden igual a al número de registros, y  $\otimes$  es el producto Kronecker.

Las tendencias genéticas para las estimaciones de PN y PD directo, y de PD materno fueron calculadas mediante una regresión lineal simple del promedio de los valores genéticos sobre el año de nacimiento de los bovinos con registro de comportamiento de 1998 a 2016, utilizando el procedimiento PROC REG del paquete estadístico SAS 9.4. (SAS, 2013).

## 3.5 Resultados y discusión

### 3.5.1 Heredabilidad directa

Las estimaciones de (co)varianza y parámetros genéticos se muestran en el Cuadro 10. Para PN se estimó un valor de heredabilidad ( $h_d^2$ ) con igual magnitud a la reportada para esta raza en Colombia por Ossa, Narváez, Noriega, Pérez y Vergara (2014; 0.19), y ligeramente menor que la estimación realizada por Martínez y Pérez (2006; 0.25). Considerando valores reportados para otras razas criollas, el estimador en este estudio también fue menor que el reportado por Ossa et al. (2008) en la raza Costeño con Cuernos (0.28) y que el reportado por Martínez, Gallego, Onofre, Pérez y Vásquez (2009b) para la raza Blanco Orejinegro (0.38), pero fue superior al estimado en Sanmartinero (0.15) por Martínez, Onofre y Polanco (2009a).

Cuadro 10. Valores estimados de (co)varianzas, y parámetros genéticos y ambientales para pesos al nacimiento (PN) y al destete (PD) de la raza Romosinuano en México.

Estimadores	PN	PD
Varianza genética aditiva directa ( $\sigma_d^2$ )	3.27 (1.25)	121.97 (76.23)
Varianza genética aditiva materna ( $\sigma_m^2$ )	---	22.34 (30.61)
Varianza de la interacción SxGC <sup>z</sup> ( $\sigma_{sgc}^2$ )	3.70 (0.87)	68.25 46.74)
Varianza residual ( $\sigma_e^2$ )	10.39 (1.21)	379.08 (57.35)
Varianza fenotípica ( $\sigma_p^2$ )	17.37 (1.00)	591.67 (51.10)
Heredabilidad directa ( $h_d^2$ )	0.19 (0.08)	0.21 (0.12)
Heredabilidad maternal ( $h_m^2$ )	---	0.04 (0.05)
$\sigma_{sgc}^2/\sigma_p^2$	0.21 (0.05)	0.11 (0.08)

<sup>z</sup>SxGC = semental por grupo contemporáneo

Para estimaciones de heredabilidad de PN en México, se han reportado valores mayores en Nelore (0.59; Martínez-González, García-Esquivel, Parra-Bracamonte, Castillo-Juárez & Cienfuegos-Rivas, 2010), Charolais (0.22; Ríos et al., 2007), y Simmental (0.40; Rosales-Alday, Elzo, Montaña & Vega, 2004); y valores menores han sido reportados por Ramírez-Valverde, Hernández-Álvarez, Núñez-Domínguez, Ruíz-Flores y García-Muñiz (2007) en Tropicarne (0.07). Aunque en la raza Romosinuano, así como en otras razas criollas, es difícil que

se presenten problemas de distocia (Ossa, Abuabara, Pérez & Martínez, 2011), es posible solucionar o disminuir estos problemas a través de selección de individuos por esta característica.

La estimación de  $h_a^2$  para PD fue ligeramente mayor que la estimada para PN, pero es menor que el valor estimado como promedio (0.24) de valores provenientes de otros estudios (Ríos, 2008). El valor obtenido en el presente estudio fue mayor que el reportado para esta raza por Ossa et al. (2014; 0.13), pero menor que el reportado por Martínez y Pérez (2006; 0.25); también resultó ser mayor que la  $h_a^2$  para la raza criolla Blanco Orejinegro (0.18) reportada por Martínez et al. (2009b), similar a la estimación para Costeño con Cuernos (0.21; Martínez, Pérez & Herazo, 2006), pero menor que en la raza San Martinero (0.32; Martínez et al., 2009a;). En comparación con otros estudios realizados para otras razas bovinas en México, la estimación de  $h_a^2$  del presente estudio para PD fue mayor que la reportada para Brangus (0.20) y Salers (0.13) (Domínguez-Viveros et al., 2009), pero menor que la estimada en las razas Suizo Europeo (0.40; Segura-Correa, Chin-Colli, Magaña Monforte & Núñez-Domínguez, 2012) y Charolais (0.33; Ríos et al., 2007). La estimación de  $h_a^2$  para PD obtenida en el presente estudio resultó ser moderadamente baja, sin embargo, es posible mejorar esta característica a través de selección.

Algunos valores estimados para este parámetro difieren más por la diferencia en modelos utilizados que por la diferencia en variabilidad genética que se encuentra en cada población, ya que la  $h_a^2$  también es afectada por la magnitud de todos los componentes de varianza incluidos en el modelo. Otra razón por la cual los resultados pueden ser diferentes, es debido al número de observaciones para la característica estudiada, errores en los registros y el método de estimación.

### **3.5.2 Heredabilidad materna**

La heredabilidad materna  $h_m^2$  de PN no se presenta en el presente estudio, debido a que la varianza genética materna no tuvo efecto significativo al incluirse en el modelo. Por otro lado, algunos autores han reportado que en algunas razas hay poco o nulo efecto materno en el peso del becerro al nacer. Para Romosinuano,

Ossa et al. (2014) estimaron una  $h_m^2$  de 0.003 en Colombia, y Martínez y Pérez (2006) reportaron un valor de 0.05. Martínez et al. (2006) publicaron una estimación de  $h_m^2$  de 0.01 en la raza Costeño con Cuernos.

La estimación de  $h_m^2$  para PD resultó baja comparada con la media de este parámetro (0.17) reportada por Ríos (2008), con información proveniente de varios estudios con bovinos para carne. En estudios similares con esta raza en Colombia, Ossa et al. (2014) obtuvieron un valor de  $h_m^2$  más alto (0.08). En otras razas criollas como Blanco Orejinegro (Martínez et al., 2009b), Costeño con Cuernos (Martínez et al., 2006) y San Martinero (Martínez et al., 2009a) también se han reportado valores relativamente bajos de  $h_m^2$  (0.05, 0.05 y 0.11, respectivamente). Comparando el valor obtenido de  $h_m^2$  con el obtenido en estudios con otras razas de bovinos para carne en México, el obtenido en el presente estudio fue igual al reportado para Salers (0.04) por Domínguez-Viveros et al. (2009) y similar al de Pardo Suizo (0.05) reportado por Segura-Correa et al. (2012), sin embargo, fue menor a los valores reportados en razas como Nellore (0.17; Martínez-González et al., 2010), Simmental (0.19; Rosales-Alday et al., 2004) y Charolais (0.17; Ríos et al., 2007). Considerando las similitudes entre valores de  $h_m^2$  en razas criollas, la estimación de este parámetro para bovinos Romosinuano es congruente con lo esperado, lo que significa que el ambiente materno (producción de leche principalmente) no tiene un efecto determinante en el crecimiento predestete de los bovinos Romosinuano. Sin embargo, debido al error estándar obtenido en  $h_m^2$ , es recomendable realizar futuras estimaciones con un mayor número de registros y evaluar los posibles cambios en los parámetros y la estabilidad de los valores genéticos de los animales.

### **3.5.3 Interacción semental por grupo contemporáneo**

La inclusión de la interacción semental x grupo contemporáneo fue significativa tanto para PN como para PD, lo que coincide con diversos estudios documentando la importancia de la inclusión de este efecto en la predicción de valores genéticos. Para el caso de PN fue un valor muy alto (0.21) en la proporción de la varianza fenotípica explicada por la interacción semental x grupo

contemporáneo ( $s^2$ ). Esta estimación fue mayor que las reportadas para Asturiana de los Valles (Gutiérrez, Fernández, Álvarez, Royo & Goyache, 2006), Brangus (Neser, Van Wyk, Fair, Lubout & Crook) y Limousin (Van Niecker & Neser, 2006), con valores de 0.04, 0.07 y 0.13, respectivamente.

La estimación de  $s^2$  para PD (0.11) fue menor que para PN. Sin embargo, este valor fue mayor que los reportados para Asturiana de los Valles (Gutiérrez et al., 2006), Angus (Berweger, Moll & Künzi, 1999) y Brangus (Neser et al., 2012), con estimaciones de 0.07, 0.07 y 0.10, respectivamente. Aunque es conocido que el mecanismo de acción de esta variabilidad es impreciso y más de un factor puede intervenir en esta característica, algunas razones pueden ser el trato preferencial de sementales con hembras seleccionadas (Notter, Tier & Meyer, 1992) o diferencias dentro de grupos contemporáneos no contabilizadas (Berweger et al., 1999). Una de las razones posibles por las cuales  $s^2$  explica gran parte de la varianza fenotípica, es debido a que dada la situación sanitaria para importar animales de esta raza de su país de origen, esta población se maneja de manera prácticamente cerrada, por lo cual los empadres no son de manera aleatoria, dando así trato preferencial a los sementales en algunos casos.

#### **3.5.4 Correlación genética y ambiental entre características de crecimiento**

La estimación de coeficiente de correlación genética entre PN y PD ( $r_g$ ) fue 0.69, lo que puede ser considerada como una correlación alta y positiva. Lo anterior implica que si se realiza selección para incrementar el peso al nacer provocará también un aumento en el peso al destete y viceversa. Esta estimación fue mayor que las reportadas por Van Niecker y Neser (2006; 0.41) en la raza Limousin, Meyer (1993; 0.56) en Hereford, y Plasse et al. (2002; 0.64) en Brahman. Valores superiores fueron reportados por Ossa et al. (2008) en Costeño con Cuernos (0.74), Meyer (1994) en Angus (0.76) y Neser et al. (2012) en Brangus (0.78). En el presente estudio, la estimación de la correlación de residuales ( $r_e$ ) fue baja (0.07) y menor que los valores reportados para las razas Costeño con Cuernos (0.13; Ossa et al., 2008), Brahman (0.28; Plasse et al., 2002) y Angus (0.14; Robinson, 1996) lo que puede sugerir que el efecto ambiental es un tanto

independiente entre PN y PD. La correlación fenotípica ( $r_P$ ) también presentó un valor bajo y positivo (0.15). Dado el valor de  $h_d^2$  para PD (0.21) y la  $r_g$  (0.69) entre PN y PD, se sugiere establecer criterios de selección simples con base en PD, con el conocimiento de que en las razas criollas no se presentan a menudo dificultades al parto (Ossa et al., 2011), aunque es conveniente supervisar los cambios ocurridos en PN.

### 3.5.5 Tendencias genéticas

La tendencia de los valores genéticos anuales promedio para PN se presentó variable a través de los años (Figura 1), fue negativa (-11 g/año), pero con pendiente no diferente de cero ( $P>0.05$ ). Este resultado es favorable, pues generalmente no es conveniente que existan modificaciones importantes en el peso al nacimiento de las crías, excepto cuando las crías nacen muy débiles o se tienen problemas de partos distócicos.

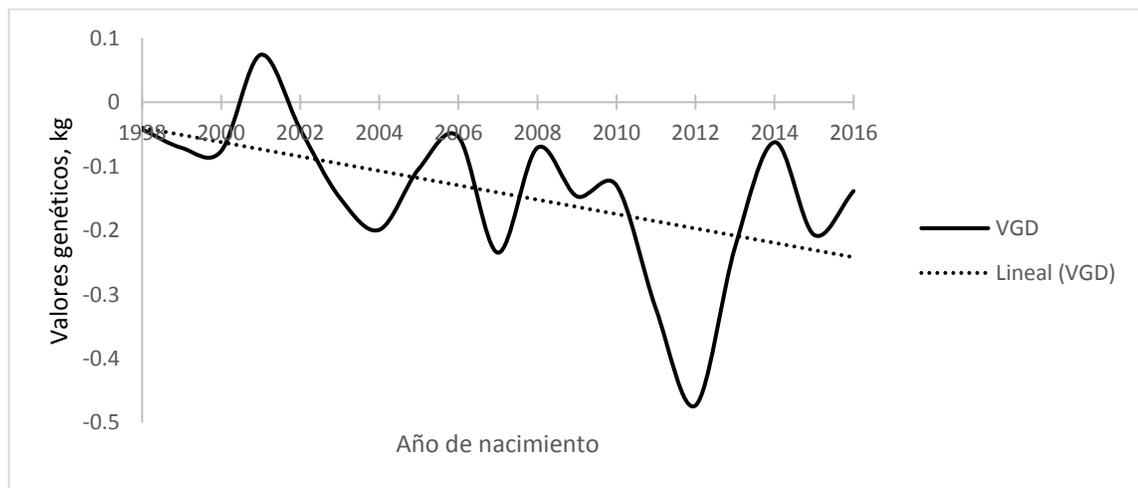


Figura 1. Tendencia de los valores genéticos directos (VGD) para peso al nacimiento en bovinos Romosinuano.

Estos resultados son similares a los valores reportados para las razas Costeño con Cuernos (Ossa et al., 2008) y San Martinero (Martínez et al., 2009b), debido a que son poblaciones que tampoco se han sometido a programas de selección. Comparando los resultados con otras razas de bovinos para carne en México, en el caso tanto de Brangus como de Salers (Domínguez-Viveros et al., 2009) se obtuvo una ligera tendencia negativa, con -9 ( $p>0.01$ ) y -22 g/año ( $p>0.05$ ),

respectivamente, lo que los autores explican como resultado de la búsqueda de los criadores por evitar partos distócicos en ambas poblaciones.

Tomando en cuenta la tendencia de los valores genéticos directos y maternos para PD (Figura 2), se puede observar, que en forma similar a lo ocurrido con PN, no presentaron tendencias constantes, además que las pendientes tanto de los valores genéticos directos ( $P>0.5$ ) como los valores genéticos maternos ( $P>0.1$ ) aunque negativas (-9 y -18 g/año) no fueron diferentes de cero. En forma similar que para PN, la razón de que no se encuentre una tendencia en aumento que muestre un mejoramiento en estas características, puede ser debido a que no se ha realizado ningún programa de mejoramiento en la población de Romosinuano en México, ya que recientemente se produjo la primera evaluación genética de estos animales.

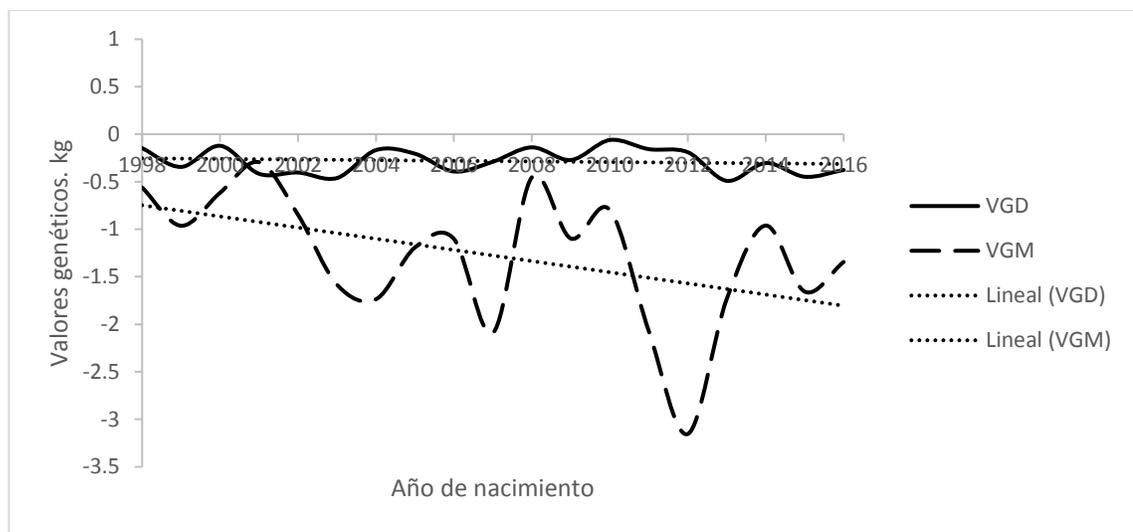


Figura 2. Tendencia de los valores genéticos directos (VGD) y maternos (VGM) para peso al destete en bovinos Romosinuano.

En otras razas que se encuentran en México y se han realizado programas de selección, como en Brangus y Salers, muestran tendencias de 329 ( $P<0.01$ ) y 46 ( $P>0.10$ ) g/año, respectivamente (Domínguez-Viveros et al., 2009). Así mismo, Parra-Bracamonte et al. (2007) reportaron una tendencia positiva ( $P<0.05$ ) en ganado Brahman, con incrementos del 0.05% de la media de esa población. Martínez y Pérez (2006) reportaron para la raza Romosinuano en Colombia una

tendencia de aumento (161 g/año), aunque no fue diferente de cero ( $P>0.05$ ). Lo anterior sugiere la necesidad de un programa de selección en la población de Romosinuano en México, para el mejoramiento en estas características.

### 3.6 Conclusiones

La población de bovinos Romosinuano en México presenta suficiente variabilidad genética para mejorar características de crecimiento por medio de selección con base en valores genéticos predichos. Se recomienda seguir con el registro y análisis de información en la raza, para realizar evaluaciones genéticas posteriormente con una mayor cantidad de información.

### 3.7 Literatura citada

- Berweger B., M., Moll, J., & Künzi, N. (1999). Comparison of models to estimate maternal effects for weaning weight of Swiss Angus cattle fitting a sire x herd interaction as an additional random effect. *Livestock Production Science*, 60, 203-208, doi:10.1016/S0301-6226(99)00093-7.
- De Alba, M. J. (2011). El Libro de Los Bovinos Criollos de América. México: *Biblioteca Básica Agricultura (BBA)*. México, D. F.
- Domínguez-Viveros, J., Rodríguez-Almeida, F. A., Ortega-Gutiérrez, J. A., & Flores-Mariñelarena, A. (2009). Selección de modelos, parámetros genéticos y tendencias genéticas en las evaluaciones genéticas nacionales de bovinos Brangus y Salers. *Agrociencia*, 43, 107-117.
- FAO. (2009). How to Feed the World in 2050. FAO, Rome, Italy.
- Foust, A. M., & Headlee, W. L. (2017). Modeling shade tree use by beef cattle as a function of black globe temperature and time of day. *International Journal of Biometeorology*, 60(12): 2217-2227, doi:10.1007/s00484-017-1429-7.
- Gilmour, A. R., Gogel, B. J., Cullis, B. R., Welham, S. J., & Thompson, R. (2015). ASReml user guide release 4.1 structural specification. *Hemel Hempstead: VSN International Ltd.*
- Gutiérrez, J. P., Fernández, I., Álvarez, I., Royo, L. J., & Goyache, F. (2006). Sire x contemporary group interactions for birth weight and preweaning growth traits in the Asturiana de los Valles beef cattle breed. *Livestock Science*, 99, 61–68, doi:10.1016/j.livprodsci.2005.05.021.
- Martínez, R. A., & Pérez, J. E. (2006). Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento en el ganado criollo colombiano Romosinuano. *Revista Corpoica - Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 7(1), 25-32.

- Martínez, R. A., Pérez, J. E., & Herazo, T. (2006). Estimation of genetic parameters and variance components for growth traits in Costeño con Cuernos cattle in Colombian humid tropic. *In: Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, 2006* (pp. 32-20).
- Martínez, R. A., Onofre, G., & Polanco, N. (2009a). Parámetros y tendencias para características de crecimiento en el ganado criollo Sanmartinero. *Revista Corpoica - Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 10(2), 196-204.
- Martínez, R., Gallego, J., Onofre, G., Pérez, J., & Vásquez, R. (2009b). Evaluación de la variabilidad y potencial genético de poblaciones de bovinos criollos colombianos. *Animal Genetic Resources*, 44, 57-66, doi:10.1017/S1014233900002868.
- Martínez-González, J. C., García-Esquivel, F. J., Parra-Bracamonte, G. M., Castillo-Juárez, H., & Cienfuegos-Rivas, E. G. (2010). Genetic parameters for growth traits in Mexican Nellore cattle. *Tropical animal health and production*, 42(5), 887-892, doi:10.1007/s11250-009-9502-9.
- Meyer, K. (1993). Covariance matrices for growth traits of Australian Polled Hereford cattle. *Animal Science*, 57(1), 37-45, doi:10.1017/S0003356100006589.
- Meyer, K. (1994). Estimates of direct and maternal correlations among growth traits in Australian beef cattle. *Livestock Production Science*, 38(2), 91-105, doi:10.1016/0301-6226(94)90053-1.
- Neser, F. W. C., Van Wyk, J. B., Fair, M. D., Lubout, P., & Crook, B. J. (2012). Estimation of genetic parameters for growth traits in Brangus cattle. *South African Journal of Animal Science*, 42(5), 469-473.
- Notter, D. R., Tier, B., & Meyer, K. (1992). Sire x herd interactions for weaning weight in beef cattle. *Journal of Animal Science*, 70, 2359-2365, doi:10.2527/1992.7082359x.
- Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., Saavedra-Jiménez, L. A., & García-Muñiz, J. G. (2016). La adaptabilidad de los recursos zoogenéticos Criollos, base para enfrentar los desafíos de la producción animal. *Archivos de Zootecnia*, 65(251), 461-468, doi:10.21071/az.v65i251.717
- Ossa, G., Pérez, J. E., Guerra, D., González-Peña, D., Jiménez, F., Gallego, J., & Polanco, N. (2008). Parámetros genéticos y tendencias genéticas de rasgos de crecimiento de la raza criolla colombiana Costeño con Cuernos, *Ciencia y Tecnología Ganadera*, 2(3), 133-139.
- Ossa S., G. A., Narváez P., H. J., Noriega M., J. G., Pérez G., J. E. & Vergara G., O. D. (2014). Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento en una población de ganado criollo Romosinuano. *Livestock Research for Rural Development*, 26 (10).

- Ossa, G., Abuabara, Y., Pérez, G. J. E., & Martínez G. (2011). El ganado Criollo Colombiano Costeño con Cuernos (CCC). *Animal Genetic Resources*, 48, 101-107, doi:10.1017/S2078633611000014.
- Parra-Bracamonte, G. M., Martínez-González, J. C., García-Esquivel, F. J., González-Reyna, A., Briones-Encinia, F., & Cienfuegos-Rivas, E. G. (2007). Tendencias genéticas y fenotípicas de características de crecimiento en el ganado Brahman de registro de México. *Revista Científica, FCV-LUZ*, 17(3), 262-267.
- Plasse, D., Verde, O., Fossi, H., Romero, R., Hoogesteijn, R., Bastidas, P., & Bastardo, J. (2002). (Co) variance components, genetic parameters and annual trends for calf weights in a pedigree Brahman herd under selection for three decades. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 119(3), 141-153, doi:10.1046/j.1439-0388.2002.00321.x.
- Ramírez-Valverde, R., Hernández-Alvarez, O. C., Núñez-Domínguez, R., Ruíz-Flores, A., & García-Muñiz, J. G. (2007). Análisis univariado vs multivariado en la evaluación genética de variables de crecimiento en dos razas bovinas. *Agrociencia*, 41(3), 271-282.
- Ríos U., A., Martínez V., G., Tsuruta, S., Bertrand, J. K., Vega M., V. E. & Montaña B., M., (2007). Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento de ganado Charolais mexicano. *Técnica Pecuaria en México*, 45(2):121-130.
- Ríos U., Á. (2008). Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento predestete de bovinos. Revisión. *Técnica Pecuaria en México*, 46(1), 37-67.
- Robinson, D. L. (1996). Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus cattle. *Livestock Production Science*, 45(1), 1-11, doi:10.1016/0301-6226(95)00083-6.
- Rosales-Alday, J., Elzo, M. A., Montaña, M., & Vega, V. E. (2004). Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento predestete en la población mexicana de Simmental. *Técnica Pecuaria en México*, 42(2), 171-180.
- Roso, V. M., & Schenkel, F. S. (2006). AMC-a computer programme to assess the degree of connectedness among contemporary groups. *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, 2006* (pp. 27-26).
- SAS. (2013). Base SAS® 9.4 Procedures Guide: Statistical Procedures, Second Edition. Cary, NC: SAS Institute Inc.
- Segura-Correa, J. C., Chin-Colli, R. C., Magaña-Monforte, J. G., & Núñez-Domínguez, R. (2012). Genetic parameters for birth weight, weaning weight and age at first calving in Brown Swiss cattle in Mexico. *Tropical*

Van Niecker, M., & Naser, F. W. C. (2006). Genetic parameters for growth traits in South African Limousin cattle. *South African Journal of Animal Science*, 36(5), 6-9, doi:10.4314/sajas.v36i5.4075.

### 3.8 Apéndices

Apéndice 1. Estimadores de (co)varianza<sup>z</sup> con modelos univariados para el peso al nacimiento en bovinos Romosinuano en México.

Modelo <sup>y</sup>	$\sigma_a^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_{dm}$	$\sigma_{pe}^2$	$\sigma_{gc}^2$	$\sigma_{sgc}^2$	$\sigma_{sh}^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h_a^2$	$h_m^2$
D	8.59							11.73	20.33	0.42	
DM	8.08	1.49						10.88	20.45	0.39	0.07
DCM	12.40	5.11	-6.49					9.59	20.61	0.60	0.25
DMP	8.08	1.49		0.00				10.88	20.45	0.39	0.07
DCMP	12.43	4.43	-6.43	0.85				9.30	20.57	0.60	0.22
DG	10.40				4.12			10.67	25.19	0.41	
DMG	9.50	2.24			3.87			9.60	25.21	0.38	0.09
DCMG	13.96	6.04	-5.93		3.65			7.68	25.40	0.55	0.24
DMPG	9.51	1.93		0.38	3.85			9.49	25.17	0.38	0.08
DCMPG	13.92	5.44	-5.76	0.48	3.65			7.61	25.35	0.55	0.21
DI <sub>SCG</sub>	3.48					5.76		11.93	21.18	0.16	
DMI <sub>SCG</sub>	2.76	1.22				5.87		11.38	21.23	0.13	0.06
DCMI <sub>SCG</sub>	4.89	3.16	-2.88			5.46		10.59	21.22	0.23	0.15
DMPI <sub>SCG</sub>	2.67	0.91		0.50		5.89		11.22	21.20	0.13	0.04
DCMPI <sub>SCG</sub>	4.93	2.60	-2.88	0.82		5.45		10.27	21.18	0.23	0.12
DI <sub>SH</sub>	4.64						2.32	13.45	20.40	0.23	
DMI <sub>SH</sub>	3.84	1.51					2.37	12.74	20.46	0.19	0.07
DCMI <sub>SH</sub>	7.64	3.57	-3.59				1.58	11.30	20.50	0.37	0.17
DMI <sub>SH</sub>	3.70	1.17		0.50			2.42	12.64	20.43	0.18	0.06
DCMI <sub>SH</sub>	7.74	3.01	-3.64	0.81			1.56	10.99	20.46	0.38	0.15

<sup>z</sup> $\sigma_a^2$  = varianza genética aditiva directa;  $\sigma_m^2$  = varianza genética aditiva materna  $\sigma_{dm}$  = covarianza entre efectos genéticos aditivos directo y materno;  $\sigma_{pe}^2$  = varianza del efecto materno de ambiente permanente;  $\sigma_e^2$  = varianza residual.

<sup>2</sup>D = efecto genético aditivo directo; M = efecto genético aditivo materno; C = covarianza entre los efectos genéticos aditivos directo y materno; P = efecto materno de ambiente permanente; G = efecto de grupo contemporáneo considerado como efecto aleatorio; I<sub>SCG</sub> = interacción semental por grupo contemporáneo; I<sub>SH</sub> = interacción semental por ható.

Apéndice 2. Estimadores de (co)varianza<sup>2</sup> con modelos univariados para el peso al destete en bovinos Romosinuano en México.

Modelo <sup>y</sup>	$\sigma_d^2$	$\sigma_m^2$	$\sigma_{dm}$	$\sigma_{pe}^2$	$\sigma_{gc}^2$	$\sigma_{sgc}^2$	$\sigma_{sh}^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h_d^2$	$h_m^2$
D	127.0							433.0	560.0	0.22	
DM	93.1	25.5						438.0	556.6	0.16	0.04
DCM	174.4	24.5	-7.8					385.9	577.1	0.30	0.04
DMP	82.4	-16.6		76.7				408.0	550.5	0.14	-0.03
DCMP	75.0	0.8	-103.6	73.8				376.3	422.3	0.17	0.00
DG	118.2				183.4			438.7	740.4	0.15	
DMG	85.2	31.4			182.7			437.8	737.3	0.11	0.04
DCMG	92.8	39.0	-10.2		180.4			433.0	735.1	0.12	0.05
DMPG	72.1	-18.7		85.3	182.1			409.1	730.0	0.09	
DCMPG	62.6	1.0	-124.2	26.7	13.2			455.3	434.7	0.14	0.00
DI <sub>SCG</sub>	128.4					76.9		388.5	593.9	0.21	
DMI <sub>SCG</sub>	99.6	19.6				74.1		394.8	588.2	0.16	0.03
DCMI <sub>SCG</sub>	163.7	21.5	-8.4			78.4		351.3	606.7	0.26	0.03
DMPI <sub>SCG</sub>	82.1	-20.6		77.2		71.0		369.4	579.2	0.14	-0.03
DCMPI <sub>SCG</sub>	61.4	2.2	-81.6	89.5		64.5		404.2	540.4	0.05	0.00
DI <sub>SH</sub>	127.0						0	433.7	560.8	0.22	
DMI <sub>SH</sub>	93.1	25.5					0	438.0	556.6	0.16	0.04
DCMI <sub>SH</sub>	188.4	20.6	-0.6				84.6	353.8	646.9	0.29	0.03
DMI <sub>SH</sub>	82.4	-16.6		76.7			0	408.0	550.5	0.15	-0.03
DCMI <sub>SH</sub>	6.1	2.8	-97.8	209.4			6.4	427.9	555.1	0.01	0.01

<sup>z</sup> $\sigma_d^2$  = varianza genética aditiva directa;  $\sigma_m^2$  = varianza genética aditiva materna  $\sigma_{dm}$  = covarianza entre efectos genéticos aditivos directo y materno;  $\sigma_{pe}^2$  = varianza del efecto materno de ambiente permanente;  $\sigma_e^2$  = varianza residual.

<sup>2</sup>D = efecto genético aditivo directo; M = efecto genético aditivo materno; C = covarianza entre los efectos genéticos aditivos directo y materno; P = efecto materno de ambiente permanente; G = efecto de grupo contemporáneo considerado como efecto aleatorio; I<sub>SCG</sub> = interacción semental por grupo contemporáneo; I<sub>SH</sub> = interacción semental por ható.

Apéndice 3. Prueba de proporción de verosimilitud para la comparación entre los modelos propuestos para los pesos al nacimiento y al destete.

Contrastes <sup>z</sup>		2 log L	2 log L'	P <sup>y</sup>	D <sup>x</sup>	P-value
Modelo 1	Modelo 2					
<i>Peso al nacimiento</i>						
D	DM	-3336.08	-3333.94	1	2.14	0.14
D	DCM	-3336.08	-3327.26	2	8.82	0.01
D	DMP	-3336.08	-3333.94	2	2.14	0.23
D	DCMP	-3336.08	-3326.92	3	9.16	0.03
D	DG	-3336.08	-3659.68	1	-323.6	1
D	D <sub>ISGC</sub>	-3336.08	-3294.36	1	41.72	<0.001
D	D <sub>ISH</sub>	-3336.08	-3327.14	1	8.94	0.003
D <sub>ISGC</sub>	DM <sub>ISGC</sub>	-3294.36	-3692.60	1	-398.24	1
D <sub>ISGC</sub>	DCM <sub>ISGC</sub>	-3294.36	-3290.38	2	3.98	0.14
D <sub>ISGC</sub>	DMP <sub>ISGC</sub>	-3294.36	-3292.44	2	1.92	0.39
D <sub>ISGC</sub>	DCMP <sub>ISGC</sub>	-3294.36	-3290.90	3	3.46	0.33
<i>Peso al destete</i>						
D	DM	-3403.66	-3402.94	1	0.72	0.40
D	DMP	-3403.66	-3398.00	2	5.66	0.06
D	DG	-3403.66	-3885.94	1	-482.28	1
D	D <sub>ISGC</sub>	-3403.66	-3399.86	1	3.80	0.05
D	D <sub>ISH</sub>	-3403.66	-3403.66	1	0	1
D <sub>ISGC</sub>	DM <sub>ISGC</sub>	-3399.86	-3395.42	1	4.44	0.04
D <sub>ISGC</sub>	DMP <sub>ISGC</sub>	-3399.86	-3395.18	2	4.68	0.10

<sup>z</sup>D = efecto genético aditivo directo; M = efecto genético aditivo materno; C = covarianza entre los efectos genéticos aditivos directo y materno; P = efecto materno de ambiente permanente; G = efecto de grupo contemporáneo considerado como efecto aleatorio; I<sub>SCG</sub> = interacción semental por grupo contemporáneo; I<sub>SH</sub> = interacción semental por ható.

<sup>y</sup>P = diferencia en el número de parámetros entre modelos comparados.

<sup>x</sup>D = diferencia en el valor calculado de 2 log L entre modelos comparados.