



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA CHAPINGO

DEPARTAMENTO DE ENSEÑANZA, INVESTIGACIÓN Y
SERVICIO EN ZOOTECNIA

PROGRAMA DE POSGRADO EN PRODUCCIÓN ANIMAL

IMPACTO DE LAS EVALUACIONES GENÉTICAS EN MÉXICO

TESIS

Que como requisito parcial

para obtener el grado de:

DOCTOR EN CIENCIAS EN INNOVACIÓN GANADERA

Presenta:

NEON LARIOS SARABIA

Bajo la supervisión de:

RODOLFO RAMÍREZ VALVERDE, Ph.D.



Chapingo, Estado de México, mayo de 2020.

IMPACTO DE LAS EVALUACIONES GENÉTICAS EN MÉXICO

Tesis realizada por NEON LARIOS SARABIA bajo la supervisión del Comité Asesor indicado, aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

DOCTOR EN CIENCIAS EN INNOVACIÓN GANADERA

DIRECTOR:

Ph.D. RODOLFO RAMÍREZ VALVERDE

ASESOR:

Ph.D. RAFAEL NÚÑEZ DOMÍNGUEZ

ASESOR:

Ph.D. JOSÉ GUADALUPE GARCÍA MUÑIZ

ASESOR:

Ph.D. AGUSTÍN RUÍZ FLORES

LECTOR EXTERNO:

Dr. JOEL DOMÍNGUEZ VIVEROS

Contenido

Lista de cuadros.....	iv
Lista de figuras.....	vi
Agradecimientos	vii
Datos biográficos	viii
Resumen general.....	ix
General abstract	x
1. INTRODUCCIÓN GENERAL	1
2. INVESTIGACIÓN ASOCIADA CON LAS EVALUACIONES GENÉTICAS DE BOVINOS PRODUCTORES DE LECHE EN MÉXICO	4
3. IMPACTO DE LAS EVALUACIONES GENÉTICAS EN LAS TENDENCIAS GENÉTICAS DE BOVINOS JERSEY Y SUIZO AMERICANO EN MÉXICO	20
4. TENDENCIAS GENÉTICAS DE POBLACIONES BOVINAS PARA CARNE EN MÉXICO.....	46
5. TENDENCIAS GENÉTICAS DE POBLACIONES OVINAS DE PELO EN MÉXICO.....	55
6. DISCUSIÓN GENERAL	64

LISTA DE CUADROS

Cap.Cdro.	Título	Pág.
2.1	Repetibilidades (r_e) y heredabilidades (h^2) estimadas para producción de leche de poblaciones bovinas productoras de leche en México.	8
2.2	Repetibilidades (r_e) y heredabilidades (h^2) estimadas para características relacionadas (curva de la lactancia y calidad de la leche) con la producción de leche en poblaciones bovinas productoras de leche en México.	9
2.3	Repetibilidades (r_e) y heredabilidades (h^2) estimadas para características reproductivas en poblaciones bovinas productoras de leche en México.	10
2.4	Heredabilidades (h^2) estimadas para características de conformación en poblaciones de bovinos lecheros Holstein de registro en México.	11
2.5	Repetibilidades (r_e) y heredabilidades (h^2) estimadas para características funcionales en poblaciones bovinas productoras de leche en México.	11
3.1	Estadísticos descriptivos y número de grupos contemporáneos (nGC) para producción de leche ajustada a 305 (PL305) y 210 (PL210) días.	26
3.2	Estadísticos descriptivos de los valores fenotípicos (kg) y genéticos (kg) usados en la estimación de tendencias genéticas para producción de leche por lactancia ¹ .	27

Cap.Cdro.	Título	Pág.
3.3	Tendencias genéticas ¹ estimadas para producción de leche por lactancia ² en poblaciones de bovinos Jersey y Suizo Americano en México, antes (AEG) y después (DEG) de las evaluaciones genéticas.	33
3.4	Tendencias genéticas ¹ estimadas para producción de leche por lactancia ² en la raza Jersey, por origen de los padres de las vacas, antes (AEG) y después (DEG) de las evaluaciones genéticas.	36
3.5	Tendencias genéticas ¹ para producción de leche por lactancia ² , por grupos de hatos, en poblaciones de bovinos Jersey y Suizo Americano de México.	40
4.1	Estadísticos descriptivos y número de grupos contemporáneos (nGC) de las variables analizadas.	49
4.2	Modelos utilizados y heredabilidad directa (h^2_d), materna (h^2_m) y correlación entre efectos directos y maternos (r_{dm}) estimadas en poblaciones bovinas para carne en México.	50
4.3	Tendencias genéticas en razas bovinas productoras de carne en México.	51
5.1	Estadísticos descriptivos y parámetros genéticos de las variables analizadas.	58
5.2	Periodo de estudio y tendencias fenotípicas en razas ovinas de pelo en México.	59
5.3	Tendencias genéticas en razas ovinas de pelo en México.	59

LISTA DE FIGURAS

Cap.Fig.	Título	Pág.
3.1	Tendencias genéticas para producción de leche por lactancia (PL), ajustadas a 305 (PL305) y 210 (PL210) días en poblaciones de bovinos Jersey (a) y Suizo Americano (b) de México.	30
3.2	Tendencias genéticas, por origen de los progenitores, para producción de leche por lactancia (PL), en poblaciones de bovinos Jersey (a) y Suizo Americano (b) de México.	35
3.3	Tendencias genéticas de sementales (ponderadas y sin ponderar) para producción de leche por lactancia (PL) en poblaciones de bovinos Jersey (a) y Suizo Americano (b) de México.	38
5.1	Tendencias genéticas para peso al nacimiento directo (PNd), peso al destete directo (PDd), peso al destete materno (PDm), y ganancia diaria posdestete (GDP) en razas ovinas de pelo en México.	61

AGRADECIMIENTOS

A todos aquellos que con su colaboración hicieron posible la realización de este estudio.

A la Universidad Autónoma Chapingo y al Posgrado en Producción Animal por la oportunidad que me brindaron para mi formación profesional.

Al Ph.D. Rodolfo Ramírez Valverde por el apoyo en la elaboración de este documento.

A las diferentes Asociaciones Mexicanas de Criadores de Ganado de Registro por facilitar la información para la presente investigación.

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

DATOS BIOGRÁFICOS



DATOS PERSONALES

NOMBRE	Neon Larios Sarabia
LUGAR DE NACIMIENTO	Mecapalapa, Pantepec, Puebla.
CURP	LASN800811HPLRRN09
PROFESIÓN	Ingeniero Agrónomo Especialista en Zootecnia
CÉDULA PROFESIONAL	10123710

DESARROLLO ACADÉMICO

2016-2019	Doctorado en Ciencias en Innovación Ganadera. Posgrado en Producción Animal, Departamento de Enseñanza, Investigación y Servicio en Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo.
2007-2008	Maestro en Ciencias en Innovación Ganadera. Posgrado en Producción Animal, Departamento de Enseñanza, Investigación y Servicio en Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo.
1998-2002	Ingeniero Agrónomo Especialista en Zootecnia. Departamento de Enseñanza, Investigación y Servicio en Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo.

RESUMEN GENERAL

IMPACTO DE LAS EVALUACIONES GENÉTICAS EN MÉXICO¹

La implementación de las evaluaciones genéticas (EG) nacionales fue un paso importante en el mejoramiento genético de las poblaciones bovinas y ovinas mexicanas, y a más de una década de iniciadas, se esperarían avances significativos en el progreso genético. Así, la presente investigación cuantificó las tendencias genéticas en poblaciones bovinas lecheras (Suizo Americano y Jersey), para carne (Angus, Brangus Negro, Brangus Rojo, Hereford, Limousin, Salers y Suizo Europeo), y en ovinos de pelo (Katahdin, Dorper y Pelibuey); antes y después de la implementación de las EG. Además, se analizaron las principales causas del cambio genético estimado. Se realizó una revisión documental para conocer y analizar los resultados de las investigaciones asociadas con las EG de poblaciones de bovinos en México. Se encontró que la estimación de parámetros genéticos ha sido documentada extensamente, con estimadores de suficiente magnitud para su uso en el diseño e implementación de programas de mejoramiento genético. El progreso genético estimado para producción de leche fue positivo, pero bajo en Suizo Americano y negativo en Jersey; en ambas razas, éste se redujo después del inicio de las EG nacionales, por lo que se concluye que éstas no han tenido un impacto positivo importante. En bovinos para carne también se estimaron tendencias genéticas de baja magnitud para variables de crecimiento, principalmente para los pesos al destete y al año. En ovinos se determinaron tendencias apropiadas para Katahdin y Pelibuey; sin embargo, en Dorper existen características de crecimiento con un rango amplio para mejora. En las razas bovinas estudiadas, los cambios observados por el proceso de selección a través de los años muestran que es necesario ajustar los objetivos y las estrategias de selección, con el fin de maximizar la ganancia genética en los próximos años.

Palabras clave: mejoramiento genético, tendencias genéticas, valor genético, bovinos, ovinos.

¹ Tesis de Doctorado en Ciencias en Innovación Ganadera, Posgrado en Producción Animal, Universidad Autónoma Chapingo
Autor: Neon Larios Sarabia
Director de tesis: Rodolfo Ramírez Valverde, Ph.D.

GENERAL ABSTRACT

IMPACT OF GENETIC EVALUATIONS IN MEXICO²

The implementation of national genetic evaluations (GE) was an important achievement in the genetic improvement of Mexican cattle and sheep populations, and more than a decade after it began, significant advances in the genetic progress should be expected. Thus, this research estimates the genetic trends on dairy cattle (Brown Swiss and Jersey), beef cattle (Angus, Black Brangus, Red Brangus, Hereford, Limousin, Salers and Braunvieh), and hair sheep (Katahdin, Dorper and Pelibuey) breeds; before and after the implementation of the GE. In addition, the main causes of the estimated genetic change were analyzed. A literature review was carried out to know and analyze the research results associated with the GE of cattle populations in Mexico. The estimation of genetic parameters has been extensively studied, with estimators of sufficient magnitude to use in the design and implementation of genetic improvement programs. The estimated genetic progress for milk yield was positive but low for Brown Swiss, and negative for Jersey; in both breeds, it decreased after the start the national GE, so it was concluded that they have not had a significant positive impact. The genetic trends of low magnitude were also found in beef cattle for growth traits, mainly for weaning and yearling weights. For sheep, appropriate genetic trends were estimated for Katahdin and Pelibuey; however, for Dorper there is a wide range of opportunities to improve growth traits. For the cattle breeds studied, the genetic trends obtained by the selection process over the years show that it is necessary to adjust the selection objectives and strategies to maximize genetic progress in the future.

Key words: genetic improvement, genetic trends, breeding value, cattle, sheep.

² Doctoral Thesis in Livestock Innovation, Graduate Program in Animal Production, Universidad Autónoma Chapingo
Author: Neon Larios Sarabia
Advisor: Rodolfo Ramírez Valverde, Ph.D.

1. INTRODUCCIÓN GENERAL

Las evaluaciones genéticas (EG) para poblaciones bovinas mexicanas iniciaron en 1976, mediante con un convenio de colaboración entre el Departamento de Agricultura de los EE.UU. y la Asociación Holstein de México; y en 1999 el INIFAP hizo la primera evaluación genética de bovinos Holstein en México (Valencia, Ruíz, Montaldo, Keown, & Van Vleck, 1999). A partir de entonces, se han realizado EG nacionales periódicas para la mayoría de las razas bovinas lecheras y para carne: Holstein, Jersey, Suizo Americano, Charolais, Charbray, Simmental, Simbrah, Beefmaster, Brangus, Salers, Suizo Europeo, Angus, Cebú, Santa Gertrudis, Hereford, Chianina, Romagnola, Braford, Droughtmaster, Tropicarne, Suiz-Bú y Holando Cebú (CONARGEN, 2016). Lo anterior permitió que los criadores dispusieron de una herramienta objetiva para seleccionar animales.

La estimación de tendencias genéticas permite cuantificar el progreso genético de una población. Algunos resultados sobre tendencias genéticas en poblaciones lecheras mexicanas muestran ganancias genéticas de baja magnitud. Para producción de leche (PL) por lactancia en Holstein se publicaron valores de 29 kg año⁻¹ (Valencia et al., 1999). Posteriormente, para el periodo 2007 a 2011 también se reportaron pequeños incrementos en los valores genéticos (Toledo, Ruiz, Vázquez, Berruecos, & Elzo, 2014). En Jersey se estimaron tendencias genéticas positivas pero pequeñas para PL y producción de grasa, 10.67 y 0.21 kg año⁻¹, respectivamente (Larios, 2009).

Estudios en poblaciones bovinas para carne se han realizado en Tropicarne (Domínguez-Viveros, Núñez-Domínguez, Ramírez-Valverde, & Ruíz-Flores, 2003), Simmental (Rosales-Alday, Elzo, Montaño, & Vega, 2004), Brahman (Parra-Bracamonte, Martínez-González, García-Esquivel, González-Reyna, Briones-Encinia, & Cienfuegos-Rivas, 2007), Brangus y Salers (Domínguez-Viveros, Rodríguez-Almeida, Ortega-Gutiérrez, & Flores-Mariñelarena, 2009), y en una parte de la población Charolais (Parra-Bracamonte, Lopez-Villalobos, Morris, Sifuentes-Rincón, & Lopez-Bustamante, 2016). La mayoría de estos

estudios muestran cambios genéticos positivos, pero marginales, para características de crecimiento, antes de las EG nacionales.

La implementación de las EG fue un paso importante para el progreso genético de las poblaciones bovinas mexicanas, y después de varios años se esperarían avances significativos en el progreso genético de estas poblaciones. Los pocos estudios con estimaciones de tendencias genéticas han reportado periodos anteriores a la implementación de las EG nacionales, por lo que se desconoce el impacto que han tenido éstas en las principales poblaciones bovinas nacionales. Así, la presente investigación cuantificó el progreso genético de las poblaciones de bovinos de las razas productoras de leche Suizo Americano y Jersey; de las razas bovinas para carne Angus, Brangus Negro, Brangus Rojo, Suizo Europeo, Hereford, Limousine y Salers; y ovinas de pelo Katahdin, Dorper y Pelibuey; antes y después de la implementación de las EG nacionales; además se analizaron las principales causas del cambio genético estimado.

El segundo capítulo de esta tesis consiste en una revisión de los principales resultados de las investigaciones asociadas con las EG de poblaciones de bovinos productores de leche en México, a partir de los artículos relacionados con las EG publicados en revistas científicas en los 20 años más recientes.

El tercer capítulo cuantifica el progreso genético y analiza las principales causas del cambio genético estimado de las poblaciones mexicanas de bovinos lecheros de las razas Jersey y Suizo Americano, antes y después de la implementación de las EG nacionales.

El cuarto capítulo cuantifica el progreso genético de las poblaciones bovinas de registro productoras de carne: Angus, Brangus Negro, Brangus Rojo, Hereford, Limousin, Salers y Suizo Europeo; analizando las principales causas del cambio genético, antes y después de la implementación de las EG nacionales.

Finalmente, como resultado del trabajo realizado en la Estancia de Investigación, en la Universidad Autónoma de Chihuahua, en el quinto capítulo se presenta un

estudio de estimación de tendencias genéticas para poblaciones ovinas de pelo de las razas Katahdin, Dorper y Pelibuey. Este trabajo contribuye al análisis del impacto de las evaluaciones genéticas en el mejoramiento genético de las poblaciones de ganado en México.

Literatura citada

- CONARGEN. (2016). Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios, Página Principal. www://conargen.mx Consultada el 10 de diciembre de 2016.
- Domínguez-Viveros, J., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., & Ruíz-Flores, A. (2003). Evaluación genética de variables de crecimiento en bovinos Tropicarne. II. Tendencias genéticas. *Agrociencia*, 37, 337-343.
- 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.
- Larios S., N. (2009). *Caracterización del hato bovino Jersey de registro en México*. Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, Méx. 125 p.
- Parra-Bracamonte, G. M., Lopez-Villalobos, N., Morris, S. T., Sifuentes-Rincón, A. M., & Lopez-Bustamante, L. A. (2016). Genetic trends for live weight traits reflect breeding strategies in registered Charolais farms in Mexico. *Tropical Animal Health and Production*, 48(8), 1729-1738.
- 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.
- Rosales-Alday, J., Elzo, M. A., Montaña Bermúdez, M., & Vega Murillo, 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.
- Toledo A., H. O., Ruiz L., F. J., Vázquez P., C. G., Berruecos V., J. M., & Elzo, M. A. (2014). Tendencias genéticas y fenotípicas para producción de leche de ganado Holstein en dos modalidades de control de producción. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 5(4), 471-485.
- Valencia P., M., Ruíz L., F. J., Montaldo V., H., Keown, J. F., & Van Vleck, L. D. (1999). Evaluación genética para la producción de leche en ganado Holstein en México. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 37(3), 1-8.

Este Capítulo fue publicado en *Tropical and Subtropical Agroecosystems*

2. INVESTIGACIÓN ASOCIADA CON LAS EVALUACIONES GENÉTICAS DE BOVINOS PRODUCTORES DE LECHE EN MÉXICO

Neon Larios-Sarabia¹, Rodolfo Ramírez-Valverde^{1*}, Rafael Núñez-Domínguez¹,
José Guadalupe García-Muñiz¹

¹Posgrado en Producción Animal, Universidad Autónoma Chapingo

Km 38.5 carretera México-Texcoco, Chapingo, México 56230

*Autor de correspondencia:

rodolfov@correo.chapingo.mx



Revisión [Review]

**INVESTIGACIÓN ASOCIADA CON LAS EVALUACIONES GENÉTICAS
DE BOVINOS PRODUCTORES DE LECHE EN MÉXICO[†]**
**[RESEARCH ASSOCIATED WITH GENETIC EVALUATIONS OF DAIRY
CATTLE IN MEXICO]**
**Neon Larios-Sarabia, Rodolfo Ramírez-Valverde*, Rafael Núñez-Domínguez
and José Guadalupe García-Muñiz**

*Posgrado en Producción Animal, Universidad Autónoma Chapingo
Km 38.5 carretera México-Texcoco, Chapingo, México 56230. E mail:
rodolfov@correo.chapingo.mx*

** Corresponding author*

RESUMEN

El objetivo de la presente revisión es proveer un panorama general de los principales resultados de las investigaciones asociadas con las evaluaciones genéticas de poblaciones de bovinos productores de leche en México, con el fin de identificar el trabajo científico realizado y las áreas de oportunidad en investigación futura. Se revisaron artículos publicados en revistas científicas para los 20 años más recientes (1997-2017). Los temas de estudio están relacionados con: efecto de factores ambientales, estimación de parámetros y tendencias genéticas, metodologías para realizar evaluaciones genéticas, flujo de material genético e interacción genotipo por ambiente, y estudios asociados con genética molecular. La estimación de parámetros genéticos ha sido extensamente documentada para producción de leche, con estimadores de suficiente magnitud para su uso en el diseño e implementación de programas de mejoramiento genético. Aunque se tienen avances en la publicación de estudios relacionados con las evaluaciones genéticas, aún se requiere mejorar aspectos elementales en relación con la generación de bases de datos más completas y confiables, y con el uso de los valores genéticos predichos en programas nacionales de mejoramiento genético animal. Se requiere documentar el estudio de metodologías más precisas de evaluación genética, especialmente para poblaciones y características poco estudiadas.

Palabras clave: Interacción genotipo por ambiente; parámetros genéticos; tendencias genéticas; valor genético.

SUMMARY

The objective of this review is to provide an outlook of the main findings of the research associated with genetic evaluations of dairy cattle populations in Mexico, and to identify the work performed by researchers and opportunity areas for future research. The review included papers published in scientific journals for the last 20 years (1997-2017). The study topics are related with: effect of environmental factors, estimation of genetic parameters and genetic trends, flow of genetic material and genotype by environment interaction, and studies associated with molecular genetics. The estimation of genetic parameters has been extensively studied for milk yield, with estimators of sufficient magnitude to design and implement genetic improvement programs. Even though there is progress in the publication of studies related with genetic evaluations, the improvement of basic issues related with more complete and reliable databases, and with the use of predicted genetic values in national animal breeding programs is needed. It is required to document the study of more accurate methodologies of genetic evaluation, especially for populations and traits less studied.

Keywords: Genotype by environment interaction; genetic parameters; genetic trends; breeding value.

INTRODUCCIÓN

Las evaluaciones genéticas (EG) son el proceso por el cual se estima el valor genético (VG) de los animales, lo que implica la partición del comportamiento observado en varios efectos, de acuerdo con un modelo que incluye los principales factores genéticos y ambientales. Las predicciones para los VG se obtienen mediante ecuaciones de modelos mixtos, para las cuales se requiere de datos de pedigrí, información de

los efectos no genéticos y registros de comportamiento de los animales (Garrick y Golden, 2009).

Las primeras EG para poblaciones mexicanas de bovinos lecheros se realizaron en la raza Holstein a partir de 1976, mediante un convenio de colaboración entre el Departamento de Agricultura de EE. UU. y la Asociación Holstein de México; después, con recursos e infraestructura mexicanos se realizó (1999) la primera EG en México (Valencia *et al.*, 1999). Periódicamente se realizan EG nacionales para las

[†] Submitted April 17, 2018 – Accepted April 30, 2019. This work is licensed under a CC-BY 4.0 International License.
ISSN: 1870-0462

razas lecheras Holstein (HO), Jersey (JE), Suizo Americano (SE) y Criollo Lechero Tropical (CT), y de doble propósito Suiz-Bú (SB), Taurindicus (TA) y Holando Cebú (HC) (CONARGEN, 2016). Las instituciones responsables de las EG para las diversas poblaciones son: Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP; HO, TA y HC), Universidad Autónoma Chapingo (UACH; JE y SA), Colegio de Postgraduados (CP; CT) y Universidad Autónoma de Tamaulipas (UAT; SB). INTERBULL (2001) recomienda realizar EG al menos anualmente, aunque su publicación ha sido intermitente en la mayoría de las poblaciones mexicanas.

La implementación de las EG en México ha requerido del esfuerzo conjunto entre asociaciones de criadores, sectores gubernamentales e instituciones de investigación. En este sentido, la investigación en México ha sido fundamental para la consolidación práctica de las EG. La información generada en estas investigaciones es importante para soportar técnicamente las EG de bovinos y es el marco de referencia necesario para definir estrategias de mejoramiento genético en el país. El objetivo de la presente revisión es proveer un panorama general de los principales resultados de las investigaciones asociadas con las evaluaciones genéticas de poblaciones de bovinos productores de leche en México, con el fin de identificar el trabajo realizado y las áreas de oportunidad en investigación futura.

METODOLOGÍA

Se revisaron artículos científicos relacionados directa o indirectamente con la información para generar EG de poblaciones bovinas productoras de leche en México, particularmente los artículos publicados en revistas científicas para los 20 años más recientes (1997-2017), comprendiendo 46 artículos relacionados con bovinos lecheros y de doble propósito.

Para la caracterización de las publicaciones, los artículos se sistematizaron en una base de datos y se registró la información por tema, raza y característica estudiada. Los resultados de las publicaciones se concentraron en diferentes bases de datos de acuerdo con los temas de estudio reportados. La clasificación de los artículos por tema de estudio consideraron las categorías: efecto de factores ambientales, estimación de parámetros y tendencias genéticas, metodologías para realizar evaluaciones genéticas, flujo de material genético e interacción genotipo por ambiente, y estudios asociados con genética molecular.

Caracterización de las publicaciones

Los artículos consultados sobre temas asociados con las evaluaciones genéticas de bovinos productores de

leche han sido publicados principalmente en la Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias-Técnica Pecuaria en México (20%), Journal of Dairy Science (13%), Veterinaria México (11%), Agrociencia (9%), y los restantes (47%) en 14 revistas del extranjero y 3 nacionales. Los estudios han considerado principalmente las poblaciones HO (57%), SA (15%) y JE (11%), utilizando información tanto de hatos de registro (65%) como comerciales (26%). Dichos estudios se han enfocado principalmente en la estimación de parámetros genéticos (37%), el desarrollo de metodologías para EG (24%) y la estimación de interacción genotipo por ambiente (22%). Las características más estudiadas están relacionadas con producción de leche (PL; 61%) y en menor frecuencia con fertilidad, conformación y calidad de leche. Los investigadores con mayor cantidad de contribuciones están adscritos a: INIFAP; Universidad Nacional Autónoma de México; UACH; y Universidad de Guanajuato. De acuerdo con Ramírez-Valverde *et al.* (2014a), en los últimos años el número de especialistas en mejoramiento genético animal ha aumentado considerablemente en el país y actualmente existen instituciones con cuadros técnicos capacitados para la planeación, ejecución y seguimiento de programas y líneas de investigación en esta área del conocimiento.

Efecto de factores ambientales

En México, la selección de ganado está centrada en identificar los mejores animales por sus características fenotípicas externas (Hernández-Hernández *et al.*, 2016a). Ramírez-Valverde *et al.* (2016) determinaron la asociación entre la jerarquización de animales con base en el fenotipo y sus VG para PL, en animales SA de México. La jerarquización de animales usando los resultados de juzgamiento en pista y las evaluaciones genéticas estuvo asociada pero en baja magnitud (0.17), concluyendo que la selección de animales con base en su juzgamiento en pista sólo puede usarse como herramienta complementaria a la evaluación genética. Lo anterior evidencia la ventaja de realizar evaluaciones genéticas, ya que en las evaluaciones visuales se tienen ocultos efectos ambientales diferentes entre animales.

Para realizar EG, los primeros pasos consisten en remover o minimizar la variación debida a factores ambientales. Para remover la variación ambiental se recomienda incluir en el modelo de evaluación los principales efectos asociados o utilizar factores de ajuste (FA). INTERBULL (2001) recomienda usar FA para efectos que necesiten ajustes multiplicativos, y los que requieran ajustes aditivos deberán incluirse en el modelo. En las EG de bovinos lecheros en México, se realizan ajustes para producción de leche, grasa y proteína a 305 d, con excepción de la raza SA, la cual se ajusta a 210 d (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b;

2016); mientras que algunas publicaciones reportan ajustes por equivalente maduro y número de ordeños (Valencia *et al.*, 2008a; Ramírez-Valverde *et al.*, 2010; 2014b; Toledo *et al.* 2014a). INTERBULL (2001) sugiere que los FA se actualicen al menos cada generación. Al respecto, Valencia *et al.* (2000) actualizaron los FA en HO para edad y mes de parto, y encontraron diferencias significativas en PL usando los FA calculados en comparación con los usados rutinariamente en las EG. Los autores indicaron que en la medida en que los sistemas de manejo cambien y se incrementen los niveles de producción, se requerirá modificar los FA a utilizar.

En el proceso de generación de las EG, es necesario hacer análisis estadísticos preliminares, con el fin de determinar los efectos fijos relevantes, y así seleccionar el modelo más apropiado para predecir con mayor precisión los VG de la característica de interés (Ríos-Utrera *et al.*, 2012). En general, los principales factores ambientales ($p < 0.05$) para las características relacionadas con PL, han sido hato, año, y época de parto (Hernández-Reyes *et al.*, 2001; Palacios-Espinosa *et al.*, 2001; Parra-Bracamonte *et al.*, 2005), mismos que se han usado para conformar los grupos contemporáneos (GC). En condiciones tropicales, Hernández-Hernández *et al.* (2016b) estimaron que el número de lactancia, el año y la época de parto fueron efectos fijos importantes en PL por lactancia de ganado SB. El ajuste por edad de la vaca se ha incluido como covariable y en algunas ocasiones se ha considerado el número de parto como clase (López-Ordaz *et al.*, 2009; Santellano-Estrada *et al.*, 2011; Toledo *et al.*, 2014a). Para época del año, en algunos estudios la PL se ajustó por edad de la vaca-mes de parto (Cienfuegos-Rivas *et al.*, 1999; Valencia *et al.*, 1999; Valencia *et al.*, 2004a). Otros factores incluidos como efectos fijos han sido tipo (manual o mecánico) o número de ordeños (Montaldo *et al.*, 2010; Toledo *et al.*, 2014a).

En características diferentes a las relacionadas con PL se han utilizado otros efectos ambientales importantes; por ejemplo, en la evaluación de características relacionadas con la conformación de los animales se ha incluido la etapa de la lactancia y la ronda de calificación (Pérez y Ruiz, 1998; Moro y Ruiz, 1999; Valencia *et al.*, 2008a); en variables de longevidad, se ha incluido PL como covariable (Valencia *et al.*, 2004b; Valencia *et al.*, 2008a); en variables de fertilidad, como intervalo entre partos (IEP) y edad al primer parto (EPP) se ha considerado la covariable edad de la vaca al parto (Montaldo *et al.*, 2010; Ríos *et al.*, 2010).

La definición de GC ha sido importante para ajustar varios factores ambientales de forma simultánea. El modelo para las EG requiere que los GC estén conectados en forma apropiada, para evitar cuantificar como diferencias ambientales a las diferencias

genéticas entre GC (Tarrés *et al.*, 2010). Por tanto, es importante evaluar la conectividad de los datos entre GC, la cual es favorecida con el uso generalizado de inseminación artificial. Magaña-Valencia *et al.* (2013) determinaron que el método más apropiado para determinar conectividad en EG de bovinos es el número de lazos genéticos directos totales debido a sementales y hembras comunes. En los estudios revisados, los pocos que indicaron el análisis de conectividad (Ramírez-Valverde *et al.*, 2010; Ruíz-Flores *et al.*, 2011) emplearon el programa AMC (Roso y Schenkel, 2006), el cual considera el total de lazos genéticos en función del número y tipo de relaciones de parentesco entre animales en diferentes GC.

Aunque muchos de los estudios de investigación relacionados con los resultados de las EG han considerado los principales efectos ambientales, se requiere mejorar aspectos elementales en relación con la generación de bases de datos más completas y confiables.

Metodologías para realizar evaluaciones genéticas

En México se han estudiado diversos modelos para mejorar las predicciones de los VG, como son: inclusión de diferentes efectos fijos o aleatorios, uso de modelos uni- o multivariados y uso de modelos del día de prueba o regresión aleatoria. Los programas más utilizados para realizar EG han sido MTDFREML (Valencia *et al.*, 2008a; Ramírez-Valverde *et al.*, 2010; Ríos-Utrera *et al.*, 2012), ASREML (López-Ordaz *et al.*, 2009; Montaldo *et al.*, 2010; Toledo *et al.*, 2014) y AIREML (Santellano-Estrada *et al.*, 2011).

Aunque la selección del mejor modelo depende de cada característica a evaluar, los estudios muestran que para características relacionadas con PL, además de los efectos aditivos directos, la mayoría (las que incluyen varias lactancias) incluyen al ambiente permanente materno. Otro efecto aleatorio algunas veces incluido en el análisis de PL, es el grupo genético (padres desconocidos) (Valencia *et al.*, 1999). Ruíz-Flores *et al.* (2011) modelaron la inclusión de la covariable del coeficiente de consanguinidad de los animales para las EG de JE y SE; sin embargo, el efecto no fue importante en PL por lactancia, concluyendo que los niveles de consanguinidad no fueron suficientemente grandes para considerar su inclusión en los modelos rutinarios de EG.

El uso de modelos univariados ha sido común y en pocos casos se han utilizado modelos multivariados. Para características relacionadas con PL, López-Ordaz *et al.* (2009) compararon modelos univariados y multivariados, obteniendo estimadores de parámetros genéticos similares con ambas metodologías.

Los modelos de regresión aleatoria en México han sido explorados para PL en CT (Santellano-Estrada *et al.*, 2008; Santellano-Estrada *et al.*, 2011). Estos modelos permiten analizar datos longitudinales, tomados en cualquier longitud de intervalos de tiempo, por lo que son de utilidad cuando los registros son escasos, como en sistemas de producción con bovinos lecheros tropicales (Santellano-Estrada *et al.*, 2008).

Aunque en varias publicaciones se muestran algunas variantes de modelación para atender casos específicos de las poblaciones e información disponible, es notorio que la investigación ha sido realizada en las principales razas de bovinos lecheros con EG; sin embargo, se requiere documentar el trabajo que se realiza en razas sintéticas (SB, TA y HC). Asimismo, para algunas poblaciones se requiere probar metodologías más precisas para la EG de PL, como el uso de la metodología del día de prueba.

Estimación de parámetros genéticos

La estimación de parámetros genéticos es importante, ya que son indispensables para el diseño e implementación de programas de mejoramiento genético, así como para evaluar el progreso genético de programas en marcha (Ríos *et al.*, 2007). En México existen varios estudios que han estimado parámetros genéticos en diversas poblaciones bovinas, principalmente en hatos de registro y para características relacionadas con PL.

Los estimadores de repetibilidad (r_e) y heredabilidad (h^2) para PL en poblaciones bovinas lecheras de México se muestran en la Tabla 1. Las estimaciones correspondieron a HO, JE, SA y CT; los estimadores de r_e y h^2 en PL (PL en 305 d, total y diaria) han fluctuado entre 0.23 y 0.46 (promedio 0.37) y entre 0.11 y 0.34 (promedio 0.22), respectivamente.

Tabla 1. Repetibilidades (r_e) y heredabilidades (h^2) estimadas para producción de leche de poblaciones bovinas productoras de leche en México.

Característica / Fuente / Clase	TH ¹	Raza ²	NR (hatos) ³	r_e	h^2
<i>Producción de leche por lactancia ajustada a 305 d</i>					
Valencia <i>et al.</i> , 1999					
Lactancia 1	R	HO	80,486 (269)	-	0.29
Palacios-Espinosa <i>et al.</i> , 2001	C	HO	2,618 (1)	-	0.26 ± 0.09
Valencia <i>et al.</i> , 2004a					
Centro	R	HO	51,468	0.43	0.23 ± 0.01
Norte	R	HO	13,420	0.46	0.31 ± 0.02
Sur	R	HO	21,924	0.40	0.18 ± 0.02
Valencia <i>et al.</i> , 2004b					
Lactancia 1	R	HO	47,609 (142)	-	0.25 ± 0.01
Valencia <i>et al.</i> , 2008a	R	HO	7,044 (72)	-	0.13 ± 0.03
López-Ordaz <i>et al.</i> , 2009	C	HO	1,568 (1)	0.33	0.28 ± 0.09
Montaldo <i>et al.</i> , 2010					
Lactancia 1	R	HO	13,201 (69)	-	0.17 ± 0.02
Lactancia 2	R	HO	10,761 (69)	-	0.19 ± 0.02
Lactancia 3	R	HO	6,800 (69)	-	0.12 ± 0.03
Ramírez-Valverde <i>et al.</i> , 2010					
Confinamiento	R	JE	3,341 (7)	0.40	0.27 ± 0.03
Pastoreo	R	JE	1,781 (6)	0.23	0.15 ± 0.03
Ruíz-Flores <i>et al.</i> , 2011 ⁴	R	SA	4,626	0.31	0.11
Ruíz-Flores <i>et al.</i> , 2011	R	JE	5,119	0.37	0.23
Santellano-Estrada <i>et al.</i> , 2011	R	CT	602 (4)	0.43 ± 0.07	0.24 ± 0.04
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012 ⁴	E	HO, SA	1,229 (1)	0.40	0.28 ± 0.08
Toledo <i>et al.</i> , 2014a	R, C	HO	163,885 (155)	0.39 ± 0.00	0.34 ± 0.01
Toledo <i>et al.</i> , 2014a					
Lactancia 1	R, C	HO	163,885 (155)	-	0.26 ± 0.01
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	92,981	0.35 ± 0.01	0.18 ± 0.01
<i>Producción de leche total por lactancia</i>					
Toledo <i>et al.</i> , 2014a	R, C	HO	163,885 (155)	0.33 ± 0.00	0.17 ± 0.01
<i>Producción de leche diaria</i>					
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012	E	HO, SA	1,227 (1)	0.40	0.29 ± 0.08

¹ TH = tipo de hato: de registro (R), comercial (C) y experimental (E). ² HO = Holstein, JE = Jersey, SA = Suizo Americano, CT = Criollo Lechero Tropical. ³ NR (hatos) = número de registros de comportamiento (número de hatos).

⁴ Producción de leche ajustada a 210 d de lactancia.

La investigación en variables relacionadas con la curva de lactancia ha sido escasa (Tabla 2) y con estimadores de r_e y h^2 , en general, ligeramente menores que los obtenidos para PL. Para largo de lactancia, producción al pico, días al pico y persistencia de la lactancia, se han obtenido estimadores de r_e y h^2 entre 0.11 y 0.28 (López-Ordaz *et al.*, 2009; Ríos-Utrera *et al.*, 2012). Usando un modelo de regresión aleatoria en CT, Santellano-Estrada *et al.* (2011) publicaron estimadores de r_e y h^2 para PL que variaron a lo largo de la lactancia entre 0.35 y 0.62, y entre 0.18 y 0.45, respectivamente; estos valores fueron mayores que los reportados para otros bovinos criollos en condiciones tropicales, lo que fue atribuido a la mejor estimación de las varianzas con la metodología de regresión aleatoria. Los resultados obtenidos son alentadores para explorar la posibilidad de modificar la forma de la lactancia de bovinos lecheros mexicanos.

Para producción de componentes de leche (grasa y proteína), sólo se han publicado estimaciones en hatos de registro HO y JE (Tabla 2). Los valores en estimadores de r_e han sido escasos y variables; sin embargo, en promedio han sido 0.32 y 0.29 para la producción de grasa y proteína, y de 0.42 y 0.37 para el porcentaje de grasa y proteína. Los estimadores de h^2 han fluctuado entre 0.11 y 0.23 para la producción de grasa y proteína (promedios de 0.17 y 0.21, respectivamente); mientras que para el porcentaje de grasa y proteína han variado entre 0.15 y 0.49 (promedios de 0.31 y 0.37, respectivamente). En general, los valores de ambos parámetros genéticos han sido mayores en HO que en JE y mayores en porcentajes que en producción, lo que sugiere el mayor énfasis de selección para producción que para componentes *per se* en esas poblaciones.

Tabla 2. Repetibilidades (r_e) y heredabilidades (h^2) estimadas para características relacionadas (curva de la lactancia y calidad de la leche) con la producción de leche en poblaciones bovinas productoras de leche en México.

Característica / Fuente / Clase	TH ¹	Raza ²	NR (hatos) ³	r_e	h^2
<i>Largo de la lactancia</i>					
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012	E	HO, SA	1,229 (1)	0.11	0.11 ± 0.05
<i>Producción diaria de leche al pico de la lactancia</i>					
López-Ordaz <i>et al.</i> , 2009	C	HO	1,568 (1)	0.24	0.28 ± 0.09
<i>Días al pico de la lactancia</i>					
López-Ordaz <i>et al.</i> , 2009	C	HO	1,568 (1)	-	0.17 ± 0.10
<i>Persistencia de la lactancia</i>					
López-Ordaz <i>et al.</i> , 2009	C	HO	1,568 (1)	0.15	0.12 ± 0.08
<i>Producción de leche a lo largo de la lactancia</i>					
Santellano-Estrada <i>et al.</i> , 2011	R	CT	602 (4)	0.35 - 0.62	0.18 - 0.30
<i>Producción de grasa en leche</i>					
Montaldo <i>et al.</i> , 2010					
Lactancia 1	R	HO	13,201 (69)	-	0.18 ± 0.02
Lactancia 2	R	HO	10,761 (69)	-	0.23 ± 0.02
Lactancia 3	R	HO	6,800 (69)	-	0.13 ± 0.03
Ruíz-Flores <i>et al.</i> , 2011	R	JE	5,119	0.24	0.12
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	92,981	0.39 ± 0.01	0.20 ± 0.01
<i>Producción de proteína en leche</i>					
Montaldo <i>et al.</i> , 2010					
Lactancia 1	R	HO	13,201 (69)	-	0.18 ± 0.02
Lactancia 2	R	HO	10,761 (69)	-	0.23 ± 0.02
Lactancia 3	R	HO	6,800 (69)	-	0.13 ± 0.03
Ruíz-Flores <i>et al.</i> , 2011	R	JE	5,119	0.20	0.11
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	92,981	0.38 ± 0.01	0.19 ± 0.01
<i>Porcentaje de grasa en leche</i>					
Ruíz-Flores <i>et al.</i> , 2011	R	JE	5,119	0.22	0.15
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	92,981	0.61 ± 0.00	0.46 ± 0.01
<i>Porcentaje de proteína en leche</i>					
Ruíz-Flores <i>et al.</i> , 2011	R	JE	5,119	0.24	0.24
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	92,981	0.59 ± 0.00	0.49 ± 0.01

¹ TH = tipo de hato: de registro (R), comercial (C) y experimental (E). ² HO = Holstein, JE = Jersey, SA = Suizo Americano. ³ NR (hatos) = número de registros de comportamiento (número de hatos).

En general, las características relacionadas con PL presentan valores razonablemente altos de r_e y posibilidades para utilizarse en el cálculo de la capacidad probable de producción para siguientes lactancias. Además, algunos autores (López-Ordaz *et al.*, 2009; Ríos-Utrera *et al.*, 2012; Toledo *et al.*, 2014a) indican que en poblaciones de bovinos lecheros mexicanos existe suficiente variación genética (h^2) para mejorar la producción y composición de leche mediante selección de animales sobresalientes.

Las características reproductivas han presentado valores bajos de r_e (0.03-0.19) y h^2 (0.00-0.013) en los diferentes estudios con poblaciones bovinas mexicanas (Tabla 3). Las características más estudiadas han sido IEP, días abiertos y días al primer servicio; los

promedios respectivos de r_e han sido 0.14, 0.15 y 0.11, mientras que los promedios de las h^2 han sido 0.03, 0.06 y 0.02. Los resultados anteriores muestran que para fertilidad se esperarían respuestas directas pequeñas a la selección (Estrada-León *et al.*, 2008; Montaldo *et al.*, 2010). Sin embargo, la importancia biológica y económica de este tipo de características hace que su mejoramiento por selección sea recomendable. En algunas características que combinan aspectos productivos y reproductivos (EPP y PL diaria por IEP), se han estimado h^2 de baja a moderada magnitud (0.06-0.32), por lo que algunos autores (Estrada-León *et al.*, 2008; Montaldo *et al.*, 2010) sugieren que se podrían esperar respuestas favorables a la selección en esas poblaciones.

Tabla 3. Repetibilidades (r_e) y heredabilidades (h^2) estimadas para características reproductivas en poblaciones bovinas productoras de leche en México.

Característica / Fuente / Clase	TH ¹	Raza ²	NR (hatos) ³	r_e	h^2
<i>Intervalo entre partos</i>					
Estrada-León <i>et al.</i> , 2008	C	SA	1,391 (1)	0.18 ± 0.09	0.11 ± 0.04
Montaldo <i>et al.</i> , 2010					
Lactancia 1	R	HO	6,524 (69)	-	0.01 ± 0.02
Lactancia 2	R	HO	4,501 (69)	-	0.02 ± 0.02
Lactancia 3	R	HO	2,576 (69)	-	0.01 ± 0.05
Ríos <i>et al.</i> , 2010	E	SA	399 (1)	0.12	0.03 ± 0.07
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	55,477	0.12 ± 0.01	0.03 ± 0.01
<i>Días abiertos</i>					
Estrada-León <i>et al.</i> , 2008	C	SA	1,235 (1)	0.19 ± 0.08	0.05 ± 0.03
López-Ordaz <i>et al.</i> , 2009	C	HO	1,568 (1)	0.12	0.13 ± 0.09
Ríos <i>et al.</i> , 2010	E	SA	495 (1)	0.14	0.00 ± 0.03
<i>Días al primer servicio</i>					
Estrada-León <i>et al.</i> , 2008	C	SA	1,479 (1)	0.07 ± 0.06	0.04 ± 0.03
Ríos <i>et al.</i> , 2010	E	SA	556 (1)	0.15	0.00 ± 0.05
<i>Días al primer calor</i>					
Ríos <i>et al.</i> , 2010	E	SA	561 (1)	0.16	0.02 ± 0.06
<i>Servicios por concepción</i>					
Estrada-León <i>et al.</i> , 2008	C	SA	1,174 (1)	0.07 ± 0.07	0.04 ± 0.03
<i>Tasa de concepción al primer servicio</i>					
Ríos <i>et al.</i> , 2010	E	SA	561 (1)	0.03	0.03 ± 0.03
<i>Edad al primer parto</i>					
Estrada-León <i>et al.</i> , 2008	C	SA	358 (1)	-	0.28 ± 0.08
Montaldo <i>et al.</i> , 2010	R	HO	13,201	-	0.28 ± 0.03
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	42,131	-	0.06 ± 0.01
<i>Largo de gestación</i>					
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012	E	HO, SA	843 (1)	0.08	0.08 ± 0.06
<i>Producción de leche diaria por intervalo entre partos</i>					
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012	E	HO, SA	929 (1)	0.32	0.32 ± 0.08

¹ TH = tipo de hatos: de registro (R), comercial (C) y experimental (E). ² HO = Holstein, SA = Suizo Americano. ³ NR (hatos) = número de registros de comportamiento (número de hatos).

Las características relacionadas con la conformación de los animales sólo han sido estudiadas en HO de registro, con estimadores de h^2 que han variado entre 0.05 y 0.31 (Tabla 4). Los mayores valores ($h^2 \geq 0.20$) han sido reportados para estatura, inserción de la ubre anterior, posición de tetas anteriores y profundidad de cuerpo, mientras que los menores valores han sido los relacionados con el sistema mamario; la característica de puntos finales ha presentado valores intermedios (0.13-0.18). Algunas características funcionales

también han sido estudiadas en bovinos lecheros de México (Tabla 5). Los estimadores de h^2 para eficiencia productiva y peso de la vaca al parto han sido de mediana magnitud (0.30-0.34), mientras que los de cuenta de células somáticas (CCS) y los relacionados con vida productiva de las vacas han sido de baja magnitud (0.10-0.11 y 0.00-0.12, respectivamente).

Tabla 4. Heredabilidades (h^2) estimadas para características de conformación en poblaciones de bovinos lecheros Holstein de registro en México.

Característica	Fuente	NR (hatos) ³	h^2
Estatura	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.31 ± 0.05
Profundidad de cuerpo	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.20 ± 0.04
Punta del anca	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.18 ± 0.04
Anchura del anca	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.14 ± 0.04
Ángulo de pezuñas	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.09 ± 0.03
Aplomos	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.11 ± 0.03
Calidad del hueso	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.07 ± 0.03
Inserción de ubre anterior	Pérez y Ruiz, 1998	2083 (46)	0.16
Inserción de ubre anterior	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.22 ± 0.04
Posición de tetas anteriores	Pérez y Ruiz, 1998	2083 (46)	0.13
Posición de tetas anteriores	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.20 ± 0.04
Ligamento medio suspensorio	Pérez y Ruiz, 1998	2083 (46)	0.12
Ligamento medio suspensorio	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.09 ± 0.03
Profundidad de ubre	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.06 ± 0.03
Textura de ubre	Pérez y Ruiz, 1998	2083 (46)	0.05
Puntos finales	Pérez y Ruiz, 1998	2083 (46)	0.13
Puntos finales	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.18 ± 0.04

¹ NR (hatos) = número de registros de comportamiento (número de hatos).

Tabla 5. Repetibilidades (r_e) y heredabilidades (h^2) estimadas para características funcionales en poblaciones bovinas productoras de leche en México.

Característica / Fuente / Clase	TH ¹	Raza ²	NR (hatos) ³	r_e	h^2
<i>Cuenta de células somáticas</i>					
Montaldo <i>et al.</i> , 2010					
Lactancia 1	R	HO	6,524 (69)	-	0.10 ± 0.02
Lactancia 2	R	HO	4,501 (69)	-	0.11 ± 0.02
Lactancia 3	R	HO	2,576 (69)	-	0.11 ± 0.03
<i>Habilidad de permanencia a los 48 meses de edad</i>					
Valencia <i>et al.</i> , 2004b	R	HO	47,609 (142)	-	0.03 ± 0.01
Valencia <i>et al.</i> , 2008a	R	HO	7,044 (72)	-	0.00 ± 0.02
<i>Eficiencia productiva⁴</i>					
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012	E	HO, SA	890 (1)	0.34	0.34 ± 0.08
<i>Peso de la vaca al parto</i>					
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012	E	HO, SA	1,164 (1)	0.49	0.30 ± 0.08
<i>Duración de vida productiva funcional (DVPF)⁵</i>					
Valencia <i>et al.</i> , 2004b	R	HO	47,609 (142)	-	0.04 ± 0.01
Abadía <i>et al.</i> , 2016	R	HO	36,507	-	0.12

¹ TH = tipo de hato: de registro (R), comercial (C) y experimental (E). ² HO = Holstein, SA = Suizo Americano. ³ NR (hatos) = número de registros de comportamiento (número de hatos). ⁴ Eficiencia productiva (*Producción de leche diaria por intervalo entre partos x 365*)/(*peso de la vaca al parto*)^{0.75}. ⁵ DVPF (días entre la fecha de primer parto y la fecha de desecho o censura).

Los estudios realizados en correlaciones genéticas (r_g), principalmente para características de conformación en HO, muestran diferentes grados de asociación entre características. Las características que han presentado las mayores r_g positivas son: PL y producción al pico de la lactancia (0.97; López-Ordaz *et al.*, 2009), puntos finales y textura de la ubre (0.86; Pérez y Ruiz, 1998; Moro y Ruiz, 1999), y estatura del animal y profundidad de cuerpo (0.86; Moro y Ruiz, 1999). Por el contrario, las características con las mayores r_g negativas son (Moro y Ruiz, 1999): puntos finales y punta del anca (-0.36), calidad de hueso y aplomos de patas (-0.39), y ángulo de pezuñas y aplomos de patas (-0.92). Por otra parte, entre las variables sin asociación destacan: PL y CCS (0.02; Montaldo *et al.*, 2010), estatura y habilidad de permanencia a 48 meses de edad (0.02; Valencia *et al.*, 2008a), PL y EPP (-0.01; Montaldo *et al.*, 2010), PL y puntos finales (-0.01; Valencia *et al.*, 2008a), y producción de proteína y CCS (-0.01; Montaldo *et al.*, 2010).

Las r_g estimadas tienen implicaciones en el mejoramiento genético. La r_g alta y positiva entre PL y producción al pico de lactancia, indica que la selección para mayor PL podría incrementar el pico de máxima producción, pudiendo con ello conducir a problemas metabólicos postparto (López-Ordaz *et al.*, 2009). La r_g alta entre habilidad de permanencia a 48 meses con vida productiva a la tercera lactancia y producción total de leche acumulada a la tercera lactancia, indica que la habilidad de permanencia a 48 meses podría utilizarse como indicador temprano de longevidad (Valencia *et al.*, 2004b). También las r_g altas entre habilidad de permanencia a 48 meses de edad con posición de pezones anteriores, profundidad de ubre, puntos finales y aplomos, y la incorporación de algunas de estas en los índices de selección en la primera lactancia, ayudarían a mejorar genéticamente la habilidad de permanencia a 48 meses de edad (Valencia *et al.*, 2008a). La r_g positiva entre EPP e IEP sugiere que las vacas que paren por primera vez a menor edad tendrán mejor desempeño reproductivo subsecuente; sin embargo, en un estudio con HO, Montaldo *et al.* (2010) estimaron estas r_g positivas pero pequeñas (0.05).

Por otro lado, también se han publicado r_g desfavorables entre características de PL con IEP (Cienfuegos-Rivas *et al.*, 2006; Montaldo *et al.*, 2010) o CCS (Montaldo *et al.*, 2010). Adicionalmente, López-Ordaz *et al.* (2009) estimaron un antagonismo entre PL en la primera lactancia y características reproductivas, obteniendo r_g positivas entre días abiertos y PL a 305 días, producción al pico de lactancia, persistencia de la lactancia y días al pico de lactancia, aunque el antagonismo disminuyó para lactancias posteriores.

Aunque los parámetros genéticos son estimados en función de varianzas y covarianzas, las cuales varían

en el tiempo y espacio, y son únicas para la población y característica en estudio (Falconer y Mackay, 1996), los estimadores obtenidos en los estudios realizados en el país dan idea de posibles valores en poblaciones expuestas a condiciones similares. En resumen, la estimación de parámetros genéticos de poblaciones bovinas lecheras mexicanas, especialmente h^2 , ha sido extensamente estudiada, con estimadores de suficiente magnitud para su uso en el diseño e implementación de programas de mejoramiento genético. Actualmente, los estudios de parámetros genéticos se justifican principalmente para poblaciones y características poco estudiadas. A nivel mundial, existe un reconocido crecimiento del papel de la genética en características funcionales, como las enfermedades y vida productiva, que están provocando la inclusión de estrategias para mejorar la salud y el bienestar animal en los programas de selección; por lo que es recomendable su estudio en las poblaciones de bovinos productores de leche del país.

Estimación de tendencias genéticas

La estimación de tendencias genéticas es importante para los criadores de ganado, ya que permite cuantificar y analizar el comportamiento de los VG a través de los años, como resultado de la selección practicada por los criadores, para redefinir y mejorar los esquemas actuales de selección (Domínguez-Viveros *et al.*, 2003). En México se han publicado pocos estudios sobre tendencias genéticas para PL. En ganado HO de registro, Valencia *et al.* (1999) estimaron ganancias genéticas para PL por lactancia de 29 kg año⁻¹ (1970 - 1997). Posteriormente, Toledo *et al.* (2014b) realizaron un estudio con hatos HO de registro y comerciales, donde analizaron las tendencias genéticas (2007-2011), estimando un progreso genético mayor que los reportes previos y concluyeron que probablemente se debió al efecto combinado de la importación de material genético (principalmente semen de EE. UU.) y de la selección de sementales en los programas de mejoramiento genético mexicanos. De acuerdo con Santellano-Estrada *et al.* (2011), en CT se reportaron ganancias genéticas anuales para PL por lactancia (0.94% de la media fenotípica) menores que en HO, aunque mayores en vacas que en sementales (11.0 vs 7.7 kg año⁻¹), lo que explican dado el esquema de selección utilizado, ya que la selección de los animales candidatos a sementales se basó en identificar las vacas con mejor comportamiento, esquema de selección denominado de madres de toro. Estos pequeños aumentos reportados en México, contrastan con los aumentos sustanciales obtenidos en países con programas de mejoramiento genético establecidos (Powell y Norman, 2006; Shook, 2006), por lo que existe un potencial importante en el mejoramiento genético de las poblaciones bovinas lecheras de México.

En general, se tiene poca documentación formal de la magnitud de las tendencias genéticas en los años recientes para las poblaciones de bovinos lecheros en México, lo que limita la evaluación del progreso genético específico obtenido en estas poblaciones, y pone en duda el impacto y uso que han tenido los resultados derivados de las EG.

Flujo de material genético e interacción genotipo por ambiente

El desarrollo del hato lechero nacional se ha basado fuertemente en importación de animales, semen y embriones, principalmente de EE. UU. y Canadá, situación documentada para las principales razas lecheras, como HO (Valencia *et al.*, 1999; Cienfuegos-Rivas *et al.*, 1999; Valencia *et al.*, 2008b; Toledo *et al.*, 2014b), SA (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b) y JE (Larios-Sarabia *et al.*, 2011; Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b).

En un estudio con 264 hatos HO de registro y comerciales, se encontró que la proporción de toros mexicanos (con registro en México) representó tan solo 20.5%; además, los promedios de habilidades de transmisión predichas (HTP) para PL fueron menores para los toros mexicanos que para los extranjeros (Valencia *et al.*, 1999). En otro estudio con hatos HO de registro, los sementales padres de las vacas analizadas fueron 21.6% de México, 64.0% de EE. UU. y 14.4% de Canadá (Cienfuegos-Rivas *et al.*, 2006). Un estudio más reciente en HO, Toledo *et al.* (2014b) documentaron la proporción de sementales utilizados en los hatos que participan en el Plan Nacional de Mejoramiento Genético (hatos comerciales y hatos de registro), los cuales fueron 70% de EE. UU., 13% de países europeos y de Nueva Zelanda, 9% de Canadá y sólo 8% de sementales mexicanos; además de la mayor proporción, los sementales extranjeros también presentaron VG superiores a los nacionales. Los autores sugieren que estas diferencias genéticas en los sementales de los países exportadores, reflejan el mayor tiempo de selección y tamaño de las poblaciones con registros de producción, lo que les permite ejercer una mayor presión de selección de los sementales en las pruebas de progenie (Valencia *et al.*, 1999; Toledo *et al.*, 2014b). Toledo *et al.* (2014b) estimaron las tendencias genéticas de PL con los promedios ponderados para sementales de acuerdo con el país de origen, notando que los sementales extranjeros de mayor VG fueron más utilizados que los mexicanos durante los años analizados (2007-2011), lo que ha permitido el incremento de las ganancias genéticas anuales en la población nacional. Los autores concluyeron que de continuar con las importaciones de material genético, éstas influirán, junto con la selección interna de sementales y vacas, las tendencias genéticas para la PL en México.

Ramírez-Valverde *et al.* (2014b) indicaron la dificultad para definir el criterio usado por los criadores de México para seleccionar el germoplasma importado, aunque los autores señalan que probablemente se habría considerado la apariencia externa de los animales y otros, como el precio del germoplasma. Lo anterior, después de encontrar, en SA y JE, que los promedios de las HTP para PL del germoplasma importado fueron ligeramente positivos en México y negativos en EE. UU. y Canadá, lo que sugirió que el material genético importado está por debajo de la base genética del país que se importa y que los criadores posiblemente estén adquiriendo germoplasma basados en algún criterio diferente al de la PL. Además, se encontró que los promedios de VG en los países exportadores para otras características diferentes a PL, también fueron negativos para la mayoría de los casos en ambas razas, por lo que la adquisición de material genético pudo haberse realizado con criterios diferentes a los VG de cualquier característica evaluada en México. La alta importación de material genético, además de crear dependencia tecnológica, provoca otros riesgos, ya que no todo el material genético importado identificado como superior en el país de origen será el mejor en el país importador, como en las condiciones ambientales de los hatos en México.

Existe interacción genotipo por ambiente (IGA) cuando las diferencias en comportamiento de los genotipos se expresan de diferente manera en diferentes ambientes (Robertson, 1959), ya sean países, niveles de producción, sistemas de manejo, etc. En México se han utilizado diferentes indicadores para detectar IGA. La forma más utilizada ha sido mediante la r_g de una cierta característica en dos ambientes diferentes, usando los registros de las hijas de sementales distribuidos en ambos ambientes y estimando la correlación observada entre los VG en ambos ambientes (Montaldo y Pelcastre-Cruz, 2012, Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). Algunas estimaciones han usado el método que corrige la correlación mediante las confiabilidades (Calo *et al.*, 1973). Con estimadores de r_g menores que 0.8 se considera la presencia de IGA biológicamente importante, como lo sugirió Robertson (1959).

Otros indicadores de IGA que han sido utilizados son la frecuencia de coincidencia en la jerarquización, con base en los VG de los sementales en diferentes ambientes, estimado comúnmente en los sementales de más alta jerarquización, con el fin de analizar los cambios de los animales en los diferentes ambientes (Cienfuegos-Rivas *et al.*, 1999, Ramírez-Valverde *et al.*, 2010); el coeficiente de correlación entre los VG predichos (r_{vg}) de los animales estimados en cada par de ambientes (Ramírez-Valverde *et al.*, 2010); y la respuesta correlacionada a la selección estimada por regresión de los VG ($b_{x/y}$) de la característica en un

ambiente sobre los VG obtenidos en el segundo ambiente (Cienfuegos-Rivas *et al.*, 1999; Cienfuegos-Rivas *et al.*, 2006; Montaldo *et al.*, 2009).

Los resultados de r_g entre ambientes distintos, definidos como países, muestran presencia de IGA, principalmente entre México y EE. UU. Cienfuegos-Rivas *et al.* (1999) estimaron r_g entre genotipos individuales HO y regiones de México y los EE. UU. entre 0.60 y 0.72, mientras que Montaldo *et al.* (2009) publicaron valores entre México y EE. UU. de 0.74, y entre México y Canadá de 0.77. En otras razas como SA y JE también se han estimado r_g menores que 0.8, entre VG individuales en México y EE. UU. (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). Recientemente, Montaldo *et al.* (2017) no encontraron efectos de IGA para PL entre México y Canadá o EE. UU., lo que explicaron fue debido a los manejos y ambientes similares en los países; sin embargo, para producción de grasa y proteína estimaron efectos de IGA entre México y los dos países, mientras que para fertilidad (IEP y EPP) estimaron efectos de IGA entre México y Canadá.

Los resultados de r_g entre ambientes distintos, definidos como regiones geográficas, sistemas de alimentación o regiones climáticas de México, también muestran la presencia de IGA. Con HO, en México se estimaron valores de $r_g < 0.8$ entre la región norte y sur (0.38), y entre norte y centro (0.73; Valencia *et al.*, 2008b). En JE bajo diferentes sistemas de alimentación (estabulado y pastoreo), se estimó una r_g de 0.76 (Ramírez-Valverde *et al.*, 2010), lo que sugiere que los animales seleccionados en ambientes favorables no necesariamente tienen un buen comportamiento en condiciones de alimentación menos favorables.

En HO, Valencia *et al.* (1999) y Cienfuegos-Rivas *et al.* (1999) encontraron una reordenación en la jerarquización de los sementales con EG para PL en México y EE. UU. En JE, Ramírez-Valverde *et al.* (2010), aunque estimaron una r_g de 0.76, que sugiere la presencia de IGA (por sistema de alimentación), los resultados de r_{vg} y la frecuencia de coincidencia en la jerarquización de los primeros 100 sementales indicaron una baja a moderada reordenación de los mejores sementales.

Los resultados de Cienfuegos-Rivas *et al.* (1999) mostraron diferencias en la respuesta a la selección ($b_{x/y}$) de las hijas de sementales en México y EE. UU., por lo que sugirieron que la PL de las hijas de toros HO de EE. UU. fue menor en México que en los EE. UU. Adicionalmente, Cienfuegos-Rivas *et al.* (2006) identificaron asociaciones genéticas entre PL y fertilidad que difieren entre lo estimado para México y EE. UU., en donde la $b_{x/y}$ (-5.3 d por 1,000 kg) y r_g (-0.20) fueron favorables entre PL y EPP en los hatos mexicanos, pero desfavorables entre PL en EE. UU. y EPP en México ($b_{x/y} = 7.2$ d por 1,000 kg y $r_g = 0.18$).

Estas diferencias en la dirección de la respuesta predicha en la fertilidad sugieren la presencia de IGA, aunque los autores mencionan que también podrían deberse a un manejo reproductivo diferencial de los hatos.

En general, los estudios con poblaciones de bovinos lecheros en México han reportado cierto grado de IGA, considerando diferentes ambientes: entre México y EE. UU. (Valencia *et al.*, 1999; Cienfuegos-Rivas *et al.*, 1999; Cienfuegos-Rivas *et al.*, 2006; Montaldo *et al.*, 2009; Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b; Montaldo *et al.*, 2017) y entre ambientes en México (Valencia *et al.*, 2008b; Ramírez-Valverde *et al.*, 2010). Los resultados indican que la magnitud de la IGA tiende a aumentar cuando las diferencias en los ambientes se incrementan (Cienfuegos *et al.*, 1999; Valencia *et al.*, 2008b; Montaldo *et al.*, 2009; Ramírez-Valverde *et al.*, 2010; Montaldo *et al.*, 2017).

Las diferencias en las r_g obtenidas en los diferentes ambientes se explican principalmente por las diferencias en alimentación, clima, tamaño de hatos, nivel de producción y manejo entre los ambientes contrastados (Cienfuegos-Rivas *et al.*, 2006; Valencia *et al.*, 2008b; Ramírez-Valverde *et al.*, 2010; Montaldo *et al.*, 2017), en donde los promedios fenotípicos y las varianzas heterogéneas posiblemente conllevan a obtener diferentes parámetros genéticos y a ser las principales causas de la presencia de IGA (Ramírez-Valverde *et al.*, 2010).

La IGA puede impactar negativamente una gran proporción de hatos con sistemas de producción poco intensivos (no sólo para PL); mermando las ganancias genéticas y con ello los ingresos económicos con el uso de inseminación artificial de toros seleccionados (Valencia *et al.*, 2008b). La presencia significativa de IGA entre países puede reducir los potenciales beneficios de la importación de material genético superior, lo que justifica la implementación de programas de mejoramiento en México. Es importante evaluar la IGA para considerarla en el diseño de programas de mejoramiento genético, sobre todo cuando se lleven a cabo importaciones de material genético de países con grandes diferencias ambientales (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). Hernández-Hernández *et al.* (2016a) concluyeron que en México se requieren estudios adicionales orientados a la identificación de factores ambientales específicos relacionados con IGA.

Estudios asociados con genética molecular

La caracterización genética-molecular de las poblaciones locales representa la base para el diseño de programas de selección, destinados a fijar las variantes alélicas asociadas favorablemente con las características de interés para los ganaderos (Parra-

Bracamonte *et al.*, 2007). En poblaciones bovinas lecheras mexicanas, los estudios con tecnología molecular asociados con las EG se han realizado principalmente para identificar polimorfismos, y determinar frecuencias alélicas y genotípicas de proteínas de la leche vinculadas con calidad.

Diversas variantes alélicas de proteínas de la leche se han identificado en poblaciones CT, HO (Meza-Nieto *et al.*, 2010), JE (Zepeda-Batista *et al.*, 2014) y Gyrholando (Pacheco *et al.*, 2011). Estos pocos estudios muestran la diversidad de las caseínas y el potencial de incluirse en programas de mejoramiento para características de calidad de leche (Zepeda-Batista *et al.*, 2014). Rosendo-Ponce y Becerril-Pérez (2015) mencionaron que se tienen identificados los genotipos de los sementales CT para K-caseína y los resultados serán incluidos en las EG.

Para β -lactoglobulina se han publicado diferentes frecuencias genotípicas entre razas; el genotipo BB fue más frecuente en CT mientras que el AB lo fue en HO, por lo que la leche de vacas CT podría presentar características fisicoquímicas y tecnológicas diferentes a la de Holstein (Meza-Nieto *et al.*, 2010); en JE el alelo B presentó la mayor frecuencia (Zepeda-Batista *et al.*, 2014). Para K-caseína, en la cual algunas de sus variantes alélicas han sido asociadas con diferentes características de calidad y producción en la industria láctea, en JE el alelo B fue el más común, lo que sugiere cierta selección genética indirecta de este alelo, debido a que los alelos relacionados con baja producción de sólidos (A y E) se encontraron con menores frecuencias que las del alelo B (Zepeda-Batista *et al.*, 2014); mientras que en Gyrholando el alelo más frecuente fue A (0.83), seguido por el B (0.13) (Pacheco *et al.*, 2011). Para β -caseína en JE, Zepeda-Batista *et al.* (2014) estimaron al alelo A2 y al genotipo A2A2 como los más frecuentes, lo que representa un distintivo importante de esta raza. Por otro lado, Duijfhuis-Rivera *et al.* (2014) reportaron que diferentes genotipos β - y κ -caseína no se encontraron asociados con PL en un hato HO mexicano. En un meta-análisis con varias razas de bovinos lecheros en el mundo, Zepeda-Batista *et al.* (2017) indicaron que en HO y JE se ha mostrado la mayor influencia del genotipo AA de k-caseína que los otros genotipos en las características analizadas (producción y composición de la leche).

Recientemente, la incorporación de los SNP (polimorfismos de un solo nucleótido) ha permitido incrementar exponencialmente el número de marcadores moleculares distribuidos a lo largo del genoma, evaluar el efecto de los SNP en características de importancia económica y utilizar las asociaciones SNP-fenotipo en ecuaciones para predecir el valor genómico de los animales (Meuwissen *et al.*, 2001; 2016). Aunque esta tecnología se comenzó a aplicar en

bovinos HO, JE y SA en 2009 en los EE. UU. (Wiggans *et al.*, 2011), en México los estudios relacionados con bovinos lecheros son escasos (García-Ruiz *et al.*, 2015a; 2015b).

Considerando el costo de la genotipificación del ganado con arreglos de alta densidad de SNP, una alternativa es investigar la posibilidad de utilizar arreglos de SNP de baja densidad, en un mayor número de animales dado que son más económicos, y así lograr mayor confiabilidad en las predicciones de valores genómicos. García-Ruiz *et al.* (2015a) estudiaron el efecto del tamaño de la población de referencia y del parentesco de los animales en la población de referencia sobre la imputación de los genotipos Holstein mexicanos; estos autores encontraron que al aumentar el tamaño de la población de referencia y la disponibilidad de ancestros genotipados, se mejora la exactitud de la imputación.

En un estudio sobre diversidad genética de la población HO de México, García-Ruiz *et al.* (2015b) encontraron diferencias en la composición genética entre los estratos convencionales con los de bajos ingresos, debidas a los cruzamientos con JE y SA en el estrato de bajos ingresos, por lo que los autores recomiendan estratificar la población al considerarse la realización de estudios genómicos. El estudio también indicó la relación de la población nacional con las de Canadá y EE. UU., las cuales comparten muchos ancestros en común, por lo que se podrían establecer programas conjuntos de mejoramiento genético; donde dicha integración sería más sencilla con el estrato convencional, debido a su mayor similitud.

En bovinos, la mayoría de las características económicamente importantes son genéticamente complejas, lo que significa que son poli-génicas. En el país, se requiere investigación para incorporar herramientas de genómica asistida para su adición a programas ordenados de mejoramiento genético que consideren características no comunes, pero de gran importancia económica como fertilidad, longevidad, resistencia a enfermedades y características del producto.

CONCLUSIONES

Aunque se tienen avances en la publicación de estudios relacionados con las evaluaciones genéticas de bovinos lecheros en México, aún se requiere mejorar aspectos elementales en relación con la generación de bases de datos más completos y confiables, y con el uso de los resultados de las evaluaciones en programas nacionales de mejoramiento genético animal. La investigación ha sido realizada en las principales razas de bovinos lecheros con evaluaciones genéticas nacionales. La estimación de parámetros genéticos ha sido extensamente documentada para producción de

leche, con estimadores de suficiente magnitud para el diseño e implementación de programas de mejoramiento genético. Sin embargo, se requiere documentar el estudio de metodologías más precisas, especialmente para poblaciones y características poco estudiadas. Asimismo, se requiere evaluar la interacción genotipo por ambiente de casos específicos, dadas las evidencias con importaciones de material genético desde países con grandes diferencias ambientales. Finalmente, se requiere investigación para incorporar a la genética molecular como una herramienta adicional en programas de mejoramiento genético tradicional.

Agradecimientos

Los autores agradecen al CONACyT por la beca otorgada al primer autor para realizar sus estudios de Doctorado en Ciencias.

REFERENCIAS

- Abadía R., J.R., Ruíz L., F.J., Vega M., V.E., Montaldo, H.H. 2016. Análisis genético para vida productiva en ganado Holstein de México. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*. 7:1-14. <http://www.scielo.org.mx/pdf/rmcp/v7n1/2448-6698-rmcp-7-01-00001-en.pdf>.
- Calo, L.L., McDowell, R.E., Van Vleck, L.D., Miller, P.D. 1973. Genetic aspects of beef production among Holstein-Friesians pedigree selected for milk production. *Journal of Animal Science*. 37:676-682. <https://doi.org/10.2527/jas1973.373676x>.
- Cienfuegos-Rivas, E.G., Oltenacu, P.A., Blake, R.W., Schawager, S.J., Castillo-Juarez, H., Ruiz, F.J. 1999. Interaction between milk yield of Holstein cows in Mexico and the United States. *Journal of Dairy Science*. 82:2218-2223. DOI: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(99\)75468-8](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(99)75468-8).
- Cienfuegos-Rivas, E.G., Blake, R.W., Oltenacu, P.A., Castillo-Juarez, J.H. 2006. Fertility responses of Mexican Holstein cows to US sire selection. *Journal of Dairy Science*. 89:2755-2760. DOI: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72352-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72352-9).
- CONARGEN. 2016. Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios, Página Principal. Disponible en: [www://conargen.mx](http://www.conargen.mx). Fecha de consulta: 10 de diciembre de 2016.
- Domínguez-Viveros, J., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., Ruíz-Flores, A. 2003. Evaluación genética de variables de crecimiento en bovinos Tropicarne: II. Tendencias Genéticas. *Agrociencia*. 37:337-343. <http://www.redalyc.org/pdf/302/30237403.pdf>.
- Duifhuis-Rivera, T., Lemus-Flores, C., Ayala-Valdovinos, M.Á., Sánchez-Chiprés, D.R., Galindo-García, J., Mejía-Martínez, K., González-Covarrubias, E. 2014. Polymorphisms in beta and kappa-casein are not associated with milk production in two highly technified populations of Holstein cattle in Mexico. *The Journal of Animal & Plant Sciences*. 24(5):1316-1321. <https://pdfs.semanticscholar.org/51b1/2ff6034dc5282eba63a91d5c7f0bf2fb7920.pdf>.
- Estrada-León, R.J., Magaña, J.G., Segura-Correa, J.C. 2008. Genetic parameters for reproductive traits of Brown Swiss cows in the tropics of Mexico. *Journal of Animal and Veterinary Advances*. 7:124-129. <https://www.cabdirect.org/cabdirect/FullTextPDF/2006/20063169917.pdf>.
- Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed. Longman, Essex, UK. 464 p.
- García-Ruiz, A., Ruiz-Lopez, F.J., Wiggans, G.R., Van Tassell, C.P., Montaldo, H.H. 2015a. Effect of reference population size and available ancestor genotypes on imputation of Mexican Holstein genotypes. *Journal of Dairy Science*. 98:3478-3484. <https://doi.org/10.3168/jds.2014-9132>.
- García-Ruiz, A., Ruiz-López, F.J., Van Tassell, C.P., Montaldo, H.H., Huson, H.J. 2015b. Genetic differentiation of Mexican Holstein cattle and its relationship with Canadian and U.S. Holsteins. *Frontiers in Genetics*. 6:1-7.
- Garrick, D.J. and Golden, B.L. 2009. Producing and using genetic evaluations in the United States beef industry of today. *Journal of Animal Science*. 87(E. Suppl.): E11-E18. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00007>.
- Hernández-Hernández, N., Martínez-González, J.C., Parra-Bracamonte, G.M., González-Reyna, A., Cienfuegos-Rivas, E.G., Hernández-Meléndez, J. 2016a. Importancia de la interacción genotipo x ambiente en rasgos de producción en ganado lechero. *Ciencia UAT*. 10(2):72-78. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-78582016000100072.
- Hernández-Hernández, N., Martínez-González, J.C., Parra-Bracamonte, G.M., Cienfuegos-Rivas, E.G., Hernández-Meléndez, J. 2016b. Producción de Leche de Suiz-Bú, una Raza de Doble Propósito en el Trópico Mexicano. *Revista de Investigaciones Veterinarias del*

- Perú. 27(4):722-728.
<http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v27i4.11505>
- Hernández-Reyes, E., Segura-Correa, V.M., Segura-Correa, J.C., Osorio-Arce, M.M. 2001. Intervalo entre partos, duración de la lactancia y producción de leche en un hato de doble propósito en Yucatán, México. *Agrociencia*. 35:699-705.
<http://www.redalyc.org/pdf/302/30234604.pdf>.
- INTERBULL (International Bull Evaluation Service). 2001. Guidelines for National & International Genetic Evaluation Systems in Dairy Cattle with Focus on Production Traits. *Interbull Bull*. 28. Disponible en: http://agtr.ilri.cgiar.org/documents/Library/docs/Interbull/bulletin28_files/InterbullGuidelines-2001.pdf. Fecha de consulta: 15 de diciembre de 2017.
- Larios-Sarabia, N., Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., García-Muñiz, J.G., Ruíz-Flores, A. 2011. Caracterización técnica, social y económica de las empresas del hato bovino Jersey de registro en México. *Agricultura, Sociedad y Desarrollo*. 8:229-247.
<http://www.scielo.org.mx/pdf/asd/v8n2/v8n2a4.pdf>.
- López-Ordaz, R., Castillo-Juárez, H., Montaldo, H.H. 2009. Covarianzas genéticas y fenotípicas para días abiertos y características de la curva de lactancia en vacas Holstein en el norte de México. *Veterinaria México*. 40:343-356.
<http://www.scielo.org.mx/pdf/vetmex/v40n4/v40n4a1.pdf>.
- Magaña-Valencia, F., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., Rodríguez-Almeida, F.A. 2013. Conectividad en evaluaciones genéticas de animales: 2. Comparación de metodologías. *Agrociencia*. 47:781-794.
<http://www.scielo.org.mx/pdf/agro/v47n8/v47n8a4.pdf>.
- Meuwissen, T.H., Hayes, B.J., Goddard, M.E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense markers maps. *Genetics*. 157(4):1819-1829.
<http://www.genetics.org/content/genetics/157/4/1819.full.pdf>.
- Meuwissen, T., Hayes, B., Goddard, M. 2016. Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. *Animal Frontiers*. 6(1):6-14.
<https://doi.org/10.2527/af.2016-0002>.
- Meza-Nieto, M.A., González-Córdoba, A.F., Becerril-Pérez, C.M., Ruíz-López, F.J., Díaz-Rivera, P., Vallejo-Cordoba, B. 2010. Polimorfismo genético de la B-lactoglobulina en la leche de vaca Holstein y Criollo Lechero Tropical. *Agrociencia*. 44:531-539.
<http://www.scielo.org.mx/pdf/agro/v44n5/v44n5a3.pdf>.
- Montaldo, H.H., Núñez-Soto, S.G., Ruiz-López, F.J., Castillo-Juárez, H. 2009. Selection response for milk production in conventional production systems in Mexico, using genetic evaluations of Holstein sires from Canada and the United States. *Journal of Dairy Science*. 92:5270-5275.
 DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2145>.
- Montaldo, H.H., Castillo-Juárez, H., Valencia-Posadas, M., Cienfuegos-Rivas, E.G., Ruiz-López, F.J. 2010. Genetic and environmental parameters for milk production, udder health, and fertility traits in Mexican Holstein cows. *Journal of Dairy Science*. 93:2168-2175.
 DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2050>.
- Montaldo, H.H., Pelcastre-Cruz, A., Castillo-Juárez, H., Ruiz-López, F.J., Filippo, M. 2017. Genotype × environment interaction for fertility and milk yield traits in Canadian, Mexican and US Holstein cattle. *Spanish Journal of Agricultural Research*. 15:e0402.
<https://doi.org/10.5424/sjar/2017152-10317>.
- Moro, M.J. y Ruiz L., F.J. 1999. Estimación de parámetros genéticos para características de conformación en bovinos Holstein en México. *Técnica Pecuaria en México*. 37:41-53.
- Pacheco C., V.I., Lourenco J., D.L., Parra B., G.M., Martínez G., J.L., Sifuentes R., A.M. 2011. Convenient genotyping of nine bovine K-casein variants. *Electronic Journal of Biotechnology*. 14(4):1-6.
<http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=173322387012>.
- Palacios-Espinosa, A., Rodríguez-Almeida, F., Jiménez-Castro, J., Espinoza-Villavicencio, J.L., Núñez-Domínguez, R. 2001. Evaluación genética de un hato Holstein en Baja California Sur, utilizando un modelo animal con mediciones repetidas. *Agrociencia*. 35:347-353.
<http://www.redalyc.org/html/302/30200309/>.
- Parra-Bracamonte, G.M., Magaña, J.G., Delgado, R., Osorio-Arce, M.M., Segura-Correa, J.C. 2005. Genetic and non-genetic effects on productive and reproductive traits of cows in dual-purpose herds in southeastern Mexico. *Genetics and Molecular Research*. 4:482-490.
- Parra-Bracamonte, G.M., Sifuentes-Rincón, A.M., Cienfuegos-Rivas, E.G., Tewolde-Medhin, A., Martínez-González, J.C. 2007. Polimorfismo en el gen de la μ -calpaína en ganado Brahman de registro de México. *Archivos Latinoamericanos*

- de Producción Animal. 15:33-38.
www.alpa.org.ve/ojs.index.php.
- Pérez, N.I. y Ruiz L., F.J. 1998. Estimación de parámetros genéticos para algunas características de conformación de ubre y puntos finales en ganado Holstein de registro en México. *Técnica Pecuaria en México*. 36:25-34.
- Powell, R.L. y Norman, H.D. 2006. Major advances in genetic evaluation techniques. *Journal of Dairy Science*. 89:1337-1348. DOI: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72201-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72201-9).
- Ramírez-Valverde, R., Peralta-Aban, J.A., Núñez-Domínguez, R., Ruíz-Flores, A., García-Muñiz, J.G., García-Peniche, T.B. 2010. Genotype by feeding system interaction in the genetic evaluation of Jersey cattle for milk yield. *Animal*. 4:1971-1975. <https://doi.org/10.1017/S175173111000128X>.
- Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., Fabián-Barrios, E. 2014a. Caracterización de las publicaciones sobre mejoramiento genético animal en México. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*. 1:59-72. <http://www.scielo.org.mx/pdf/era/v1n1/v1n1a7.pdf>.
- Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., Palacios-Jiménez, A.L., Jiménez-Carrasco, J.S. 2014b. Characterization of dairy cattle germplasm used in Mexico with national genetic evaluations in importing and exporting countries. *Livestock Science*. 167:51-57. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.05.028>.
- Ramírez-Valverde, R., Ramírez-Valverde, G., Núñez-Domínguez, R., Delgadillo-Zapata, R.A., Hernández-León, M. 2016. Association between genetic evaluation and show-ring judging for dairy and beef cattle. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*. 29:25-32. <http://dx.doi.org/10.17533/udea.rccp.v29n1a03>.
- Ríos U., A., Martínez V., G., Tsuruta, S., Bertrand, J.K., Vega M., V.E., Montañó B., M. 2007. Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento de ganado Charolais mexicano. *Técnica Pecuaria en México*. 45:121-130. <http://www.redalyc.org/pdf/613/61345201.pdf>.
- Ríos U., A., Calderón R., R.C., Rosete F., J.V., Lagunes L., J. 2010. Estimación de parámetros genéticos para características de fertilidad en ganado Suizo Pardo bajo condiciones subtropicales en México. *Veterinaria México*. 41:117-129. <http://www.scielo.org.mx/pdf/vetmex/v41n2/v41n2a5.pdf>.
- Ríos-Utrera, A., Calderón-Robles, R.C., Galavíz-Rodríguez, J.R., Vega-Murillo, V.E., Lagunes-Lagunes, J. 2012. Análisis genético de la producción láctea de vacas Holstein y Pardo Suizo en pastoreo intensivo en condiciones subtropicales. *Revista Científica, FCV-LUZ*. 22:545-552. <http://www.redalyc.org/pdf/959/95925106008.pdf>.
- Robertson, A. 1959. The sampling variance of the genetic correlation coefficient, *Biometrics*. 1:469-485. DOI: 10.2307/2527750.
- Rosendo-Ponce, A. y Becerril-Pérez, C.A. 2015. Avance en el conocimiento del bovino criollo lechero tropical de México. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*. 2(5):233-243. <http://www.scielo.org.mx/pdf/era/v2n5/v2n5a12.pdf>.
- Roso, V.M. y Schenkel, F.S. 2006. AMC- A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. *Proceedings the of 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil. August 13-18*.
- Ruíz-Flores, A., García-Munguía, C.A., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., López-Ordaz, R., García-Muñiz, J.G. 2011. Inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos de evaluación genética de bovinos Jersey y Suizo Americano en México. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*. 2:381-391. <http://www.scielo.org.mx/pdf/rmcp/v2n4/v2n4a3.pdf>.
- Santellano-Estrada, E., Becerril-Pérez, C.M., De Alba, J., Chang, Y.M., Gianola, D., Torres-Hernández, G., Ramírez-Valverde, R. 2008. Inferring genetic parameters of lactation in Tropical Milking Criollo cattle with random regression test-day models. *Journal of Dairy Science*. 91:4393-4400. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0351>.
- Santellano-Estrada, E., Becerril-Pérez, C.M., Mei-Chang, Y., Gianola, D., Torres-Hernández, G., Ramírez-Valverde, R., Domínguez-Viveros, J., Rosendo-Ponce, A. 2011. Caracterización de la lactancia y evaluación genética del ganado Criollo Lechero Tropical utilizando un modelo de regresión aleatoria. *Agrociencia*. 45:165-175. <http://www.scielo.org.mx/pdf/agro/v45n2/v45n2a3.pdf>.

- Shook, G.E. 2006. Major advances in determining appropriate selection goals. *Journal of Dairy Science*. 89:1349-1361. DOI: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72202-0](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72202-0).
- Tarrés, J., Fina, M., Piedrafita, J. 2010. Connectedness among herds of beef cattle bred under natural service. *Genetics Selection Evolution*. 42:6-15. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-42-6>.
- Toledo A., H.O., Ruiz L., F.J., Vázquez P., C.G., Berruecos V., J.M., Elzo, M.A. 2014a. Parámetros genéticos para producción de leche de ganado Holstein en dos modalidades de control de producción. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*. 5:443-457. <http://www.scielo.org.mx/pdf/rmcp/v5n4/v5n4a5.pdf>.
- Toledo A., H.O., Ruiz L., F.J., Vázquez P., C.G., Berruecos V., J.M., Elzo, M.A. 2014b. Tendencias genéticas y fenotípicas para producción de leche de ganado Holstein en dos modalidades de control de producción. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*. 5:471-485. <http://www.scielo.org.mx/pdf/rmcp/v5n4/v5n4a7.pdf>.
- Valencia P., M., Ruíz L., F.J., Montaldo V., H., Keown, J.F., Van Vleck, L.D. 1999. Evaluación genética para la producción de leche en ganado Holstein en México. *Técnica Pecuaria en México*. 37:1-8.
- Valencia P., M., Ruíz L., F.J., Montaldo V., H., Trejo, V.B., Keown, J.F., Van Vleck, L.D. 2000. Estimación de factores de corrección edad-mes de parto para producción de leche en ganado Holstein en México. *Técnica Pecuaria en México*. 38:9-18. <http://www.redalyc.org/pdf/613/61338104.pdf>.
- Valencia P., M., Ruíz L., F.J., Montaldo, H.H. 2004a. Genetic and environmental variance components for milk yield across regions, time periods and herd levels for Holstein cattle in Mexico. *Revista Científica, FCV-LUZ*. 14:404-411. <http://www.redalyc.org/pdf/959/95914504.pdf>.
- Valencia P., M., Ruíz L., F.J., Montaldo V., H.H. 2004b. Estimación de parámetros genéticos para características de longevidad y producción de leche en ganado Holstein en México. *Interciencia*. 29:52-56.
- Valencia P., M., Montaldo V., H.H., Ruíz L., F.J. 2008a. Parámetros genéticos para características de conformación, habilidad de permanencia y producción de leche en ganado Holstein en México. *Técnica Pecuaria en México*. 46:235-248. <http://www.redalyc.org/pdf/613/61346302.pdf>.
- Valencia, M., Montaldo, H.H., Ruíz, F. 2008b. Interaction between genotype and geographic region for milk production in Mexican Holstein cattle. *Archivos de Zootecnia*. 57:457-463. <http://www.redalyc.org/pdf/495/49515034007.pdf>.
- Wiggans, G.R., VanRaden, P.M., Cooper, T.A. 2011. The genomic evaluation system in the United States: Past, present, future. *Journal of Dairy Science*. 94:3202-3211. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2010-3866>.
- Zepeda-Batista, J.L., Alarcón-Zúñiga, B., Ruíz-Flores, A., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R. 2014. Polymorphism of three milk protein genes in Mexican Jersey cattle. *Electronic Journal of Biotechnology*. 18:1-4. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ejbt.2014.10.002>.
- Zepeda-Batista, J.L., Saavedra-Jiménez, L.A., Ruíz-Flores, A., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R. 2017. Potential influence of κ -casein and β -lactoglobulin genes in genetic association studies of milk quality traits. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 30:1684-1688. doi:10.5713/ajas.16.0481.

3. IMPACTO DE LAS EVALUACIONES GENÉTICAS EN LAS TENDENCIAS GENÉTICAS DE BOVINOS JERSEY Y SUIZO AMERICANO EN MÉXICO

Neon Larios-Sarabia¹, Rodolfo Ramírez-Valverde¹, Rafael Núñez-Domínguez¹,
José G. García-Muñiz^{1*}, Agustín Ruíz-Flores¹

¹Universidad Autónoma Chapingo, Departamento de Zootecnia, Posgrado en
Producción Animal. Chapingo, México.

*Autor de correspondencia:

E-mail: jgarciamppa@hotmail.com

Impacto de las evaluaciones genéticas en las tendencias genéticas de bovinos Jersey y Suizo Americano en México

Impact of genetic evaluations on the genetic trends of Jersey and Brown Swiss cattle in Mexico

Neon Larios-Sarabia¹, Rodolfo Ramírez-Valverde¹, Rafael Núñez-Domínguez¹, José G. García-Muñoz^{1*}, Agustín Ruíz-Flores¹

Palabras clave: valor genético; mejoramiento genético; producción de leche

Keywords: breeding value; genetic improvement; milk production

Recepción: 01-02-20XX / Aceptación 01-02-20XX

Resumen

Introducción: El hato bovino lechero especializado nacional presenta pocas estimaciones de tendencias genéticas estimadas en años recientes. Esta falta de información limita la evaluación del progreso genético obtenido y la estimación del impacto de las evaluaciones genéticas (EG) nacionales. Los objetivos del estudio fueron cuantificar el progreso genético de las poblaciones bovinas lecheras Jersey y Suizo Americano, antes y después de la implementación de las EG nacionales, así como analizar las principales causas del cambio genético estimado.

Método: Se utilizaron las bases de datos genealógicos y productivos de las respectivas asociaciones nacionales de criadores de ganado de registro. Se analizaron los valores genéticos de producción de leche (PL) ajustada a 305 y 210 días de lactancia, para los años de 1994-2015 y 1986-2016, para Jersey y Suizo Americano, respectivamente. Las tendencias genéticas se estimaron mediante la regresión ponderada por el número de animales de los valores genéticos sobre los años de nacimiento. Para analizar el progreso genético, las tendencias se estimaron por periodos (considerando el inicio de las EG nacionales), rutas de selección, origen de los padres, hatos y por promedios ponderados de los sementales.

Resultados: En ambas razas las tendencias genéticas generales y por periodo para PL fueron significativamente diferentes de cero ($p < 0.001$). En Jersey la tendencia fue $-21.3 \text{ kg año}^{-1}$ para el periodo completo, con una tendencia positiva antes de las EG nacionales (28.1 kg año^{-1}) y negativa

¹Universidad Autónoma Chapingo, Departamento de Zootecnia, Posgrado en Producción Animal. Chapingo, México.

E-mail: jgarciamppa@hotmail.com

© Universidad De La Salle Bajío (México)

(-49.0 kg año⁻¹) después de éstas. En Suizo Americano la tendencia general fue 2.4 kg año⁻¹; antes de las EG nacionales fue positiva, pero de baja magnitud (3.2 kg año⁻¹); después de las EG la tendencia se redujo aún más (0.43 kg año⁻¹). En ambas razas el mejoramiento genético antes y después de las EG nacionales no cambió su estructura en cuanto a las rutas de selección o el origen de los progenitores. Las mayores diferencias entre los promedios ponderados y los no ponderados fueron en aquellos años de mayor progreso genético, a diferencia de los últimos 10 años. También, se encontraron hatos con diferentes objetivos de selección a la mayoría de los criadores de la raza, y su exclusión (Jersey) o inclusión (Suizo Americano) del hato nacional de registro contribuyó con la caída del progreso genético para PL en el segundo periodo.

Conclusión: El progreso genético para PL de las poblaciones estudiadas ha sido bajo en Suizo Americano y negativo en Jersey, en ambas razas éste se redujo después del inicio de las EG nacionales, por lo que éstas no han tenido un impacto positivo determinante en el progreso genético para PL en estas poblaciones. Los resultados indican la necesidad de reestructurar el programa nacional de mejoramiento genético de las poblaciones estudiadas, con la participación conjunta de los actores involucrados en el sector.

Abstract

Introduction: The national specialized dairy herd has few estimates of genetic trends made in recent years. This lack of information limits the evaluation of both the genetic progress obtained and the estimation of the impact of national genetic evaluations (GE). The aims of this study were to estimate the genetic progress for Jersey and Brown Swiss dairy cattle populations, before and after the implementation of the national GE, and to analyze the main causes of the estimated genetic change.

Method: The genealogical and productive databases of the respective national associations of registered dairy cattle breeders were used. Breeding values for milk yield (MY), adjusted to 305 and 210 days in lactation, were analyzed for the periods 1994-2015 and 1986-2016, for Jersey and Brown Swiss, respectively. Genetic trends were estimated by weighted regression by the number of animals of breeding values over the years of birth. To analyze the genetic progress, trends were

estimated by periods (considering the year of start of the national GE), selection paths, origin of parents, herds, and by weighted averages of the sires' breeding values.

Results: In both breeds the general and per period genetic trends for MY were significantly different from zero ($p < 0.001$). For Jersey, the trend for the whole period was $-21.3 \text{ kg year}^{-1}$, with a positive trend before the national GE ($28.1 \text{ kg year}^{-1}$) and negative ($-49.0 \text{ kg year}^{-1}$) after them. For the Brown Swiss breed, the general trend was 2.4 kg year^{-1} ; before the national GE the genetic trend was positive but of low magnitude (3.2 kg year^{-1}); after the GE the genetic trend was reduced even further ($0.43 \text{ kg year}^{-1}$). In both breeds the genetic improvement before and after the national GE did not affect their structure in terms of the selection paths or origin of parents. The largest differences between weighted and unweighted averages were for those years with high genetic progress, unlike the last 10 years that showed the lowest genetic progress. Also, herds with selection objectives different to the majority of herds were found, and their exclusion (Jersey) or inclusion (Brown Swiss) from the national registered herd contributed significantly to decline the genetic progress for MY in the second period.

Conclusion: The genetic improvement of MY for the populations studied has been positive but low for Brown Swiss and negative for Jersey. The genetic progress in both breeds decreased after the implementation of the national GE, so they have not had a positive impact on genetic improvement of MY in these populations. The results indicate the need to restructure the national genetic improvement program of the dairy populations studied, with the joint participation of the actors involved in the sector.

Introducción

El progreso genético de una población puede cuantificarse estimando la respuesta a la selección o la tendencia genética. Esta última evalúa los cambios genéticos obtenidos a través de los años por el proceso de selección. Para los criadores de ganado, es imprescindible conocer las tendencias genéticas de la población en un programa de mejoramiento genético, con el fin de evaluar y dar seguimiento al progreso genético obtenido, y en su caso, ajustar los objetivos de selección que maximicen dicho progreso (Domínguez-Viveros *et al.*, 2003; Missanjo *et al.*, 2012).

Diversos estudios en varios países han estimado tendencias genéticas en razas bovinas lecheras con programas estructurados de mejoramiento genético, como Holstein (Pezeshkian *et al.*, 2016; Konkruka *et al.*, 2017; Kudinov *et al.*, 2018), Gyr (Canaza-Cayo *et al.*, 2016) y Jersey (Nizamani y Berger, 1996). Así mismo, con el fin de indagar sobre el origen del progreso genético, se han reportado diferentes formas de calcular las tendencias genéticas tales como por periodos (Canaza-Cayo *et al.*, 2016), por vías de selección (Nizamani y Berger, 1996; Canaza-Cayo *et al.*, 2016), por origen de los animales (Pezeshkian *et al.*, 2016; Konkruka *et al.*, 2017), con promedios ponderados por el número de progenie (Toledo *et al.*, 2014; Canaza-Cayo *et al.*, 2016; Pezeshkian *et al.*, 2016) e, incluso, a nivel de hatos (Sarakul *et al.*, 2011).

Las razas Holstein, Suizo Americano y Jersey constituyen principalmente el hato bovino lechero especializado nacional y los estudios sobre tendencias genéticas en estas poblaciones muestran ganancias genéticas de baja magnitud. Para producción de leche por lactancia (PL) en Holstein se reportaron valores de 29 kg año⁻¹ (1970-1997; Valencia *et al.*, 1999), posteriormente para el periodo 2007 a 2011 también se reportó un incremento en los valores genéticos (Toledo *et al.*, 2014). En Jersey se encontraron tendencias genéticas positivas pero pequeñas para PL y producción de grasa por lactancia, con 10.67 y 0.21 kg año⁻¹, respectivamente (1990-2008; Larios, 2009). Estas pocas estimaciones realizadas en periodos no tan recientes limitan la evaluación del progreso genético obtenido y del impacto de las evaluaciones genéticas nacionales en las principales poblaciones de bovinos productores de leche en México.

Las primeras evaluaciones genéticas (EG) realizadas en México para poblaciones de bovinos lecheros iniciaron en 1999, en ganado Holstein, por el Centro Nacional de Investigación

en Fisiología y Mejoramiento Animal del INIFAP (Valencia *et al.*, 1999). En 2004, la Universidad Autónoma Chapingo inició las EG para las razas Jersey y Suizo Americano (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). La implementación de estas EG es un paso importante en el mejoramiento genético de las poblaciones bovinas mexicanas, y a más de una década de llevarlas a cabo, se esperarían avances significativos en el progreso genético de esas poblaciones.

Se ha documentado que gran parte de la investigación sobre mejoramiento genético en México se ha enfocado en temas relacionados con EG en bovinos. Sin embargo, hasta antes de este estudio no existía una evaluación del progreso genético para producción de leche de las poblaciones Jersey y Suizo Americano, como resultado de la implementación de evaluaciones genéticas (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014a; Larios-Sarabia *et al.*, 2019). En este escenario, los objetivos de la presente investigación fueron cuantificar el progreso genético de las poblaciones bovinas lecheras Jersey (JE) y Suizo Americano (SA), antes y después de la implementación de las EG nacionales; además de analizar las principales causas del cambio genético estimado.

Método

Origen y características de los datos

Se utilizaron las bases de datos genealógicos y productivos de la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Jersey de Registro A. C. y la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro. Para JE la información de pedigrí incluyó 22,480 animales nacidos entre 1953 y 2016, 1,623 sementales y 11,011 vientres con crías registradas. Los registros de comportamiento productivo considerados en el análisis fueron 11,925, provenientes de 6,499 vacas nacidas entre 1992 y 2015 en 24 hatos. Para SA, el pedigrí fue 165,947 animales nacidos entre 1929 y 2017, e incluyó 5,441 sementales y 59,817 vientres con crías registradas, además de 9,420 registros productivos de 5,923 vacas nacidas entre 1984 y 2015 en 202 hatos.

Se analizó la PL ajustada a 305 (PL305) y 210 (PL210) días para JE y SA, respectivamente. Los registros de PL ajustados fuera del intervalo de confianza de $\pm 3\sigma$ se descartaron del análisis. El grupo contemporáneo (GC) se definió combinando los efectos de hato, año y época de parto (lluvias y seca); y para PL210, además se incluyó régimen alimenticio. Posteriormente se

determinó la conectividad entre GC usando el programa AMC (Roso y Schenkel, 2006), con el fin de descartar del análisis los GC no conectados genéticamente. El número final de observaciones y GC utilizados en la estimación de componentes de (co)varianza, parámetros y valores genéticos se presentan en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Estadísticos descriptivos y número de grupos contemporáneos (nGC) para producción de leche ajustada a 305 (PL305) y 210 (PL210) días.
Table 1. Descriptive statistics and number of contemporary groups (nGC) for lactation milk yield adjusted to 305 (PL305) and 210 (PL210) days.

Característica	N	Promedio	Desv. Est.	Mínimo	Máximo	nGC
PL305 (kg)	11,419	6,854.2	2,273.0	908.5	13,841.0	151
PL210 (kg)	8,565	3,380.4	970.1	800.9	6,682.4	722

Estimación de componentes de (co)varianza y valores genéticos

Para estimar los parámetros genéticos y predecir los valores genéticos de los animales, se utilizó el programa de máxima verosimilitud restringida, sin el uso de derivadas y multivariado ASReml (Gilmour *et al.*, 2015). Para el análisis de las características se utilizó el modelo animal univariado siguiente:

$$y = Xb + Zu + Wp + e$$

Donde y es el vector de registros de comportamiento para la variable estudiada; b es el vector de efectos fijos, que incluyó el GC, y los efectos lineal y cuadrático de edad de la vaca al parto; u es el vector de efectos genéticos aditivos directos; p es el vector de efectos de ambiente permanente de la vaca; e es el vector de efectos residuales; X , Z , y W son las matrices de incidencia que asocian los vectores correspondientes con y . La heredabilidad estimada para PL fue 0.23 ± 0.02 y 0.22 ± 0.03 , para JE y SA, respectivamente.

Estimación de tendencias

Las tendencias genéticas y fenotípicas se estimaron con el procedimiento REG del programa SAS (SAS, 2017), mediante regresión ponderada por el número de animales de los valores genéticos y productivos de los animales, sobre los años de nacimiento, respectivamente. Para analizar el

progreso genético obtenido, también se estimaron tendencias genéticas por periodos, vías de selección, origen, hatos y por promedios ponderados de los sementales. Se analizaron los datos productivos de 1994-2014 y 1990-2013, y los valores genéticos de 1994-2015 y 1986-2016, para JE y SA. Los estadísticos descriptivos de los datos utilizados se presentan en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Estadísticos descriptivos de los valores fenotípicos (kg) y genéticos (kg) usados en la estimación de tendencias genéticas para producción de leche por lactancia¹.

Table 2. Descriptive statistics of phenotypic (kg) and genetic (kg) values used in estimating genetic trends for lactation milk yield¹.

Tendencias ²	Jersey			Suizo Americano		
	N	Promedio	Desv. Est.	N	Promedio	Desv. Est.
Fenotípica	11,350	6,856.11	2,274.59	8,560	3,379.29	968.67
Genética	14,581	86.11	416.50	142,220	45.76	62.84
<i>Por periodos</i>						
Anterior a las EG	8,824	198.97	373.52	42,777	66.88	57.86
Posterior a las EG	5,757	-86.88	419.65	99,443	36.67	62.71
<i>Por vía de selección</i>						
PT	201	113.21	449.63	2,458	55.05	75.28
PV	643	135.95	427.44	3,390	51.90	70.55
MT	455	134.22	398.09	29,328	40.53	67.17
MV	5,467	90.23	363.16	36,827	37.39	63.91
<i>Por origen de padres</i>						
Nal-Nal	3,554	-65.40	513.43	58,687	38.44	62.66
Ext-Nal	7,164	176.12	399.92	66,413	55.40	64.30
Ext-Ext	2,333	72.50	297.53	11,220	44.67	53.77
<i>Por sementales</i>						
No ponderados	2,428	125.87	475.80	13,393	48.67	81.44
Ponderados	12,525	114.72	703.67	82,120	57.07	96.32

¹ Jersey = producción ajustada a 305 d, Suizo Americano = producción ajustada a 210 d.

² EG = evaluaciones genéticas, PT = padres de toros, PV= padres de vacas, MT = madres de toros, MV = madres de vacas, Nal = origen de padre nacional, y Ext = origen de padre extranjero.

¹ Jersey = production adjusted to 305 d, Brown Swiss = production adjusted to 210 d.

² EG = genetic evaluations, PT = sires of bulls, PV= sires of cows, MT = dams of bulls, MV = dams of cows, Nal = origin of sire, national, and Ext = origin of sire, foreigner.

Los resultados de las primeras EG nacionales (sumario de sementales) para ambas razas se publicaron en 2004. Se consideró el 2006 como año de referencia para evaluar el impacto de las EG nacionales, dado que a partir de 2006 los animales nacidos en 2004 estarían disponibles como candidatos para ser seleccionados. Por consiguiente, tomando como referencia 2006, se definieron los periodos anterior y posterior a la implementación de las EG nacionales. Las tendencias genéticas por cada una de las cuatro vías de selección (Rendel y Robertson, 1950) se calcularon para: padres de toros (PT), padres de vacas (PV), madres de toros (MT) y madres de vacas (MV). Las tendencias por origen de los padres se realizaron clasificando a cada animal en tres grupos principales: hijos de ambos progenitores nacionales (Nal-Nal), hijos de ambos progenitores extranjeros (Ext-Ext), e hijos de un progenitor nacional y uno extranjero (Ext-Nal); en JE también se estimaron por origen de los padres de las vacas (PV y MV), clasificándolas como de origen nacional (Nal) o extranjero (Ext) de acuerdo con la nacionalidad de los padres.

El promedio no ponderado proporciona una estimación del mérito genético de los toros o vacas disponibles como reproductores, en cambio, el promedio ponderado se interpreta como una medida representativa del valor genético de los toros o vacas utilizados como progenitores de toros o vacas (Nizamani y Berger, 1996). Así, las diferencias entre los promedios ponderados y no ponderados ayudan a explicar las diferencias en el uso de toros y la representación de vacas por año en la población. Estas diferencias indican el tipo de toros y vacas que fueron elegidos predominantemente como progenitores en la población, y su impacto en los promedios genéticos anuales (Koonawootrittriron *et al.*, 2009). El promedio ponderado del valor genético de los sementales se estimó mediante:

$$\bar{X}_{ij} = \sum_{i=1}^n n_{ij} \hat{S}_i / n_{.j}$$

Donde \bar{X}_{ij} es el promedio ponderado del valor genético del i -ésimo semental en el j -ésimo año; n_{ij} el número de hijas del i -ésimo semental en el j -ésimo año; y \hat{S}_i el valor genético del i -ésimo semental (Hintz *et al.*, 1978).

Para el análisis de tendencias genéticas entre los hatos, éstos se agruparon con base en los coeficientes de regresión de cada hato (b) y el periodo de registro de animales (debido a que no

todos los hatos presentaron animales en todos los años), posteriormente se obtuvo la tendencia genética de cada grupo.

Resultados y discusión

Tendencias fenotípicas

Las tendencias fenotípicas por año de nacimiento para PL fueron diferentes de cero ($p < 0.0001$); en JE fue negativa (-132.7 ± 4.5 kg año⁻¹) y en SA fue positiva (51.3 ± 2.1 kg año⁻¹). En México, Valencia *et al.* (1999) estimaron ganancias anuales en Holstein de 151 kg año⁻¹ para el periodo 1970-1997. En Costa Rica (Vargas y Gamboa, 2008) encontraron para JE cambios anuales de 76.4 kg año⁻¹. Otros estudios en Holstein presentaron tendencias mayores en Irán (Yaeghoobi *et al.*, 2011) y Costa Rica (Vargas y Gamboa, 2008); aunque también se reportaron valores menores en Irán (Pezeshkian *et al.*, 2016) y Tailandia (Sarakul *et al.*, 2011; Konkrua *et al.*, 2017). En general, las tendencias fenotípicas en este estudio para SA estuvieron dentro del rango de tendencias publicado en otras poblaciones; sin embargo, para JE fue en un extremo negativo.

Las tendencias negativas en JE podrían atribuirse a factores ambientales adversos como enfermedades, alimentación deficiente, condiciones climáticas adversas, entre otras (Katok y Yanar, 2012). Sin embargo, también podrían atribuirse a cambios en la selección de reproductores, orientados explícitamente a mejorar características asociadas negativamente con volumen de producción de leche. En un estudio de caracterización del mejoramiento genético realizado por criadores de JE en México, Larios-Sarabia *et al.* (2011) mencionan que los criadores manifestaron considerar como criterios más utilizados en la selección de reproductores, aquellos relacionados con características de conformación externa de los animales.

Tendencias genéticas

Las tendencias genéticas por año de nacimiento para PL en los periodos completos estudiados fueron -21.3 ± 0.6 y 2.4 ± 0.02 kg año⁻¹ (Figura 1), y representan -0.31 y 0.07% del promedio fenotípico de las poblaciones JE y SA, respectivamente. En JE la tendencia fue positiva (28.1 ± 1.3 kg año⁻¹) antes de las EG nacionales. Sin embargo, ésta descendió considerablemente después de

las EG de los animales ($-49.0 \pm 1.8 \text{ kg año}^{-1}$), afectando y haciendo negativa la tendencia del periodo general. Lo anterior sugiere posibles énfasis en selección para características diferentes a PL (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b), y poco uso de las EG de sus animales por parte de los criadores en fechas posteriores al inicio de las EG para PL305. Por su parte, en SA antes de las EG, el progreso, aunque positivo, fue de baja magnitud ($3.2 \pm 0.04 \text{ kg año}^{-1}$); posterior a las EG, las tendencias genéticas se redujeron aún más ($0.43 \pm 0.1 \text{ kg año}^{-1}$), por lo que el efecto de contar con EG en la tendencia general fue bajo. Las tendencias genéticas generales y por periodos fueron diferentes de cero ($p < 0.001$), con mayor variabilidad en la respuesta anual para JE que para SA. En general, estos resultados sugieren ausencia de impacto en PL para estas poblaciones, aun disponiendo de EG en sus animales. Lo anterior no es tan extraño, dada la utilización de estas razas para producir derivados de la leche, y considerando su ventaja de alta producción en componentes de la leche.

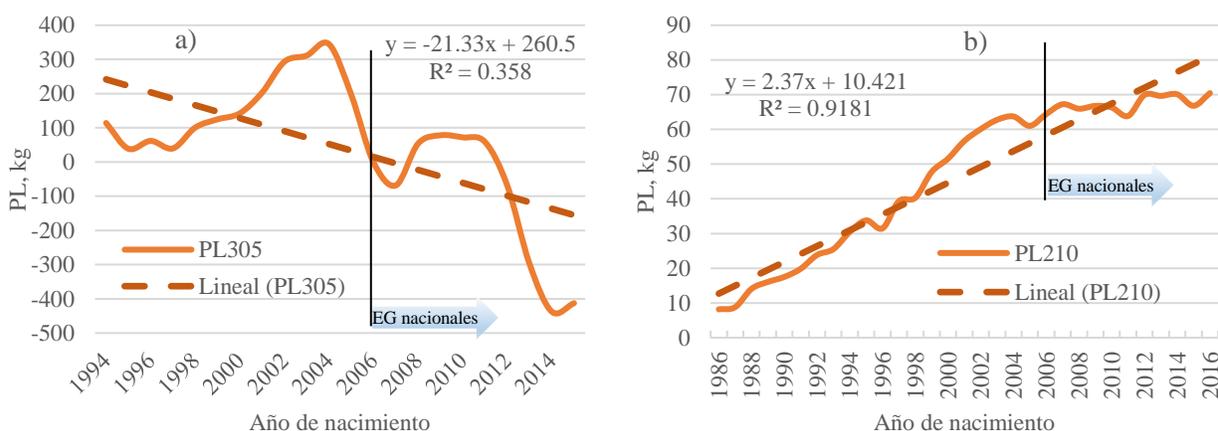


Figura 1. Tendencias genéticas para producción de leche por lactancia (PL), ajustadas a 305 (PL305) y 210 (PL210) días en poblaciones de bovinos Jersey (a) y Suizo Americano (b) de México.

Figure 1. Genetic trends for lactation milk yield (PL), adjusted to 305 (PL305) and 210 (PL210) days in Jersey (a) and Brown Swiss (b) cattle populations of Mexico.

En la misma población JE, pero sólo para el periodo 1990-2008, Larios (2009) publicó incrementos de 10.7 kg año^{-1} , mientras que en Costa Rica Vargas y Gamboa (2008) estimaron 7.9 kg año^{-1} (1987-2007). En otras poblaciones bovinas lecheras de registro y comerciales también se han publicado tendencias positivas bajas ($< 20 \text{ kg año}^{-1}$); en Tailandia con Holstein y cruza

(Koonawootrittriron *et al.*, 2009; Sarakul *et al.*, 2011; Konkruera *et al.*, 2017), Irán con Holstein (Yaeghoobi *et al.*, 2011; Naderi, 2016; Pezeshkian *et al.*, 2016), Polonia con Holstein (Kruszyński *et al.*, 2013), Costa Rica con Holstein (Vargas y Gamboa, 2008), y Brasil con Girolando (Canaza-Cayo *et al.*, 2015; 2016). Por el contrario, en México Valencia *et al.* (1999) reportaron ganancias anuales de 29 kg año⁻¹ en Holstein, y en Rusia Kudinov *et al.* (2018) estimaron 55.8 kg año⁻¹ en las poblaciones Black and White y Holstein.

Valores de tendencias genéticas mucho mayores para JE se han reportado en Canadá, con 48.4 kg año⁻¹ (2005-2015; CDN, 2018), y los EE. UU., con 77.0±3.7 (1960-1987; Nizamani y Berger, 1996) y 77.6 kg año⁻¹ (1994-2016; AIPL, 2018). En SA se estimaron tendencias de 28.2 kg año⁻¹ en Canadá (2005-2015; CDN, 2018), y 66.3 kg año⁻¹ en los EE. UU. (1979-2016; AIPL, 2018). En estos países con programas de mejoramiento genético bien establecidos se reportan mejoras considerables, que contrastan con los pequeños aumentos estimados en México. Considerando que los parámetros genéticos (h^2) estimados en las poblaciones del presente estudio (0.23 y 0.22 para JE y SA) muestran una variabilidad genética suficiente para mejorar PL mediante programas de selección, se podría asumir que existe un cierto potencial para el mejoramiento genético de estas poblaciones bovinas lecheras; sin embargo, los resultados obtenidos sugieren que los criadores han priorizado características diferentes a PL como criterios de selección, existiendo poco impacto y uso de las EG.

La tendencia genética para PL en las poblaciones mexicanas estudiadas fue positiva, pero baja en SA y negativa en JE, debido a que el progreso genético en ambas razas se redujo después del inicio de las EG nacionales (periodos 2006-2015 en JE y 2006-2016 en SA), y para JE el descenso fue considerable; lo que muestra que las EG nacionales no han tenido un impacto positivo en el progreso genético de PL en las razas estudiadas. Al contrario de estos resultados, en otras poblaciones sí se han documentado efectos positivos de programas de mejoramiento genético para PL. Por ejemplo, en Brasil con Girolando (Canaza-Cayo *et al.*, 2016) y en Tailandia con Holstein y cruza (Konkruera *et al.*, 2017) se reportaron impactos positivos.

En la Figura 1 se muestra el progreso bajo pero constante de SA, aunque a partir de 2005 el progreso tendió a reducirse; en cambio, JE mostró un cambio radical en los objetivos de selección

a partir de 2005, lo que resultó en la tendencia general negativa. En este aspecto, Larios-Sarabia *et al.* (2011) encontraron que casi el total de leche de estos hatos se comercializaba a la industria para su transformación, aunque sólo en la mitad recibían algún premio o castigo por calidad. Es posible que el cambio en los objetivos de selección se haya dado hacia la concentración de componentes de leche, dada la creciente importancia económica de los sólidos totales en leche, potenciando así las ventajas de esta raza en estos aspectos. Cabe destacar que en JE sólo en 2008 se realizaron EG para características de componentes de leche (grasa y proteína) y para 12 rasgos de conformación.

Tendencias genéticas por vías de selección

De acuerdo con las rutas en que pueden transmitirse los genes a la siguiente generación (Cuadro 3), en JE, sólo las rutas de selección de padres y madres de vacas (PV y MV) las tendencias fueron significativas ($p < 0.001$) y con dirección negativa, de éstas la ruta MV presentó tendencias significativas, positiva en el periodo anterior a las EG y negativa posterior a las EG; por lo que la selección de madres de vacas en los hatos explica la tendencia general. En la raza SA todas las rutas de selección fueron significativas ($p < 0.001$) y de valor similar (Cuadro 3), por lo que no se observan diferencias entre las rutas en su contribución a la tendencia general; además, el mejoramiento logrado en todas las rutas se debió básicamente a lo conseguido en el primer periodo, ya que en el segundo las tendencias fueron no significativas. En general, en ambas razas el mejoramiento genético antes y después de las EG nacionales fue similar para las diferentes vías de selección, por lo que la consideración de éstas no cambió la estructura del mejoramiento genético, pero sí tuvo un impacto negativo aparente en el progreso genético en la ruta MV de JE y en las cuatro de SA.

El programa de mejoramiento genético de JE en los EE. UU. mostró que la ruta PT tuvo la mayor ganancia genética para PL, explicada por la selección más intensa (Nizamani y Berger, 1996). Por su parte, el programa para Girolando en Brasil indicó que la mejora genética en PL de los últimos años se debió principalmente a la selección más intensa en las rutas PV y MT (Canaza-Cayo *et al.*, 2016). En este estudio, para JE el mejoramiento que se da por la vía de MV discrepa con los resultados encontrados en los hatos, donde prácticamente no hay selección de reemplazos y el criterio para seleccionar (o comprar) hembras es por características de conformación externa (Larios-Sarabia *et al.*, 2011). Los resultados entre los estudios con distintas razas muestran

diferentes pesos para las rutas de selección, indicando diferencias en la estructura de mejoramiento genético en las diferentes poblaciones.

Cuadro 3. Tendencias genéticas¹ estimadas para producción de leche por lactancia² en poblaciones de bovinos Jersey y Suizo Americano en México, antes (AEG) y después (DEG) de las evaluaciones genéticas.

Table 3. Genetic trends¹ estimated for lactation milk yield² in populations of Jersey and Brown Swiss cattle in Mexico, before (AEG) and after (DEG) the genetic evaluations.

Tendencia	Jersey			Suizo Americano		
	General	AEG	DEG	General	AEG	DEG
<i>Por ruta de selección³</i>						
PT	-10.0±5.5ns	-6.5±10.4ns	1.3±30.2ns	2.5±0.2*	3.7±0.3*	-0.3±1.3ns
PV	-10.0±2.8*	6.2±4.7ns	-10.2±13.7ns	2.5±0.2*	3.5±0.2*	-0.6±1.2ns
MT	4.1±4.2ns	16.4±6.9*	-26.9±21.5ns	2.6±0.1*	3.0±0.1*	-0.3±0.4ns
MV	-8.8±1.0*	15.5±2.0*	-22.9±3.8*	2.7±0.1*	3.06±0.1*	0.5±0.4ns
<i>Por origen del nacimiento de los progenitores⁴</i>						
Nal-Nal	-55.2±1.2*	21.8±3.4*	-88.8±3.0*	3.4±0.0*	3.6±0.1*	0.7±0.2*
Nal-Ext	-18.2±0.9*	34.6±2.2*	-1.3±2.4ns	1.4±0.0*	3.0±0.1*	0.3±0.1*
Ext-Ext	0.0±1.5ns	5.0±2.7ns	-26.7±8.1*	1.7±0.1*	2.8±0.1*	-0.2±0.5ns

¹Coefficiente de regresión y su error estándar (kg año⁻¹), y nivel de significancia: * p<0.05 y ns = no significativo.

²Producción de leche ajustada a 305 (Jersey) y 210 días (Suizo Americano).

³ PT = padres de toros, PV = padres de vacas, MT = madres de toros y MV = madres de vacas.

⁴ Nal = origen de padre nacional, y Ext = origen de padre extranjero.

¹Regression coefficient with standard error (kg year⁻¹), and level of significance: * p<0.05 and ns = not significant.

²Lactation milk yield adjusted to 305 (Jersey) and 210 days (Brown Swiss).

³ PT = sires of bulls, PV = sires of cows, MT = dams of bulls and MV = dams of cows.

⁴ Nal = origin of sire, national, and Ext = origin of sire, foreigner.

Dado el aparente impacto contraproducente de las EG nacionales para ambas razas encontrado en este estudio, otros factores pueden estar limitando el potencial del beneficio de la implementación de las EG en México. Se ha documentado en hatos de criadores JE que la selección de animales es reducida, con escaso uso de las EG nacionales y la comercialización de material genético no es la actividad principal de los criadores (Larios-Sarabia *et al.*, 2011).

A pesar de que las EG presentan ventaja ante la evaluación visual, la cual oculta efectos ambientales diferentes entre animales (Ramírez-Valverde *et al.*, 2016), en México aún existe una cultura de seleccionar animales por características fenotípicas externas, arraigadas a prácticas del pasado que limitan el uso de las EG. En JE se documentó que el criterio de selección (o compra) de reproductores contempla características de conformación externa (Larios-Sarabia *et al.*, 2011). Aunque la selección con base en su juzgamiento en pista (apariencia externa) de los animales tiene una asociación con los resultados de las EG nacionales, esta relación es de baja magnitud, por lo que la selección de animales por su apariencia externa se recomienda sólo como una herramienta complementaria a la selección con base en las EG (Ramírez-Valverde *et al.*, 2016).

Tendencias genéticas por origen de los progenitores

El origen y desarrollo de las razas estudiadas se ha basado principalmente en las importaciones de animales vivos, semen y embriones de los EE. UU. y Canadá (Larios-Sarabia *et al.*, 2011; Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b); aunque en los últimos años, el número de animales extranjeros registrados en México se ha reducido considerablemente. En la Figura 2, se muestra que el comportamiento de los promedios de los valores genéticos entre grupos de origen, en JE no presentaron diferencias entre ellos; en cambio, en SA los promedios de padres de origen extranjero fueron mayores que los de padres nacionales durante el primer periodo. Este comportamiento en SA muestra claramente los mayores valores genéticos promedio para PL de los animales con padres extranjeros en el primer periodo, dado que hasta 1998 se distingue una reducción de la tendencia de este grupo, con lo que las diferencias llegan a desaparecer en el segundo periodo. Los mayores valores genéticos del grupo con padres extranjeros se explican por la base genética mayor debido al progreso genético de los programas de mejoramiento de los países de origen, que benefició al progreso genético de la población nacional durante el primer periodo. Sin embargo, para el segundo periodo las políticas nacionales y la implementación de las EG promovieron la menor importación de germoplasma extranjero, lo que posiblemente afectó el progreso genético para PL de la población.

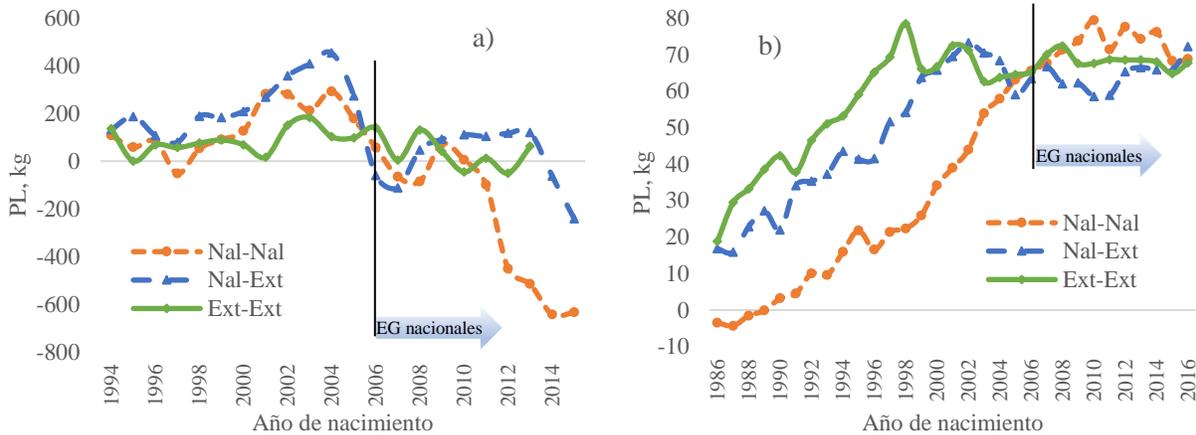


Figura 2. Tendencias genéticas, por origen de los progenitores, para producción de leche por lactancia (PL), en poblaciones de bovinos Jersey (a) y Suizo Americano (b) de México.
Figure 2. Genetic trends, by origin of parents, for lactation milk yield (PL) in Jersey (a) and Brown Swiss (b) cattle populations of Mexico.

Un comportamiento similar al obtenido en el presente estudio fue reportado por Konkruua *et al.* (2017) en una población lechera multirracial de Tailandia, donde la tendencia de vacas hijas de sementales nacionales (4.1 kg año^{-1}) fue mayor que la tendencia de hijas de sementales Holstein importados (0.6 kg año^{-1} ; $p=0.07$), aunque con promedios más bajos de valores genéticos, con lo que la superioridad de la población de ascendencia importada se redujo a través de los años. En otra población Iraní de ganado Holstein también se reportaron tendencias genéticas de sementales nacionales (0.6 kg año^{-1}) mayores que los sementales importados (-0.7 kg año^{-1}); aunque con menores valores genéticos promedio que los importados (Pezeshkian *et al.*, 2016).

Las tendencias genéticas por grupo de origen de ambos progenitores en JE fueron negativas ($p<0.001$) para animales con ambos progenitores nacionales, y con un progenitor nacional y uno extranjero (Cuadro 3). Esto sugiere que los progenitores nacionales de las vacas son los que contribuyen mayormente a la tendencia negativa general en la población JE. Sin embargo, el análisis por periodos (antes y después de las EG) resultó en menores ganancias genéticas en el segundo periodo en los tres grupos de origen de los progenitores, aunque con mayor diferencia para cuando ambos progenitores son nacionales, mostrando el impacto negativo aparente para PL de las EG nacionales. En la raza SA las tendencias genéticas generales de los grupos por origen fueron significativas ($p<0.001$) con valores positivos pero muy bajos; y el análisis por periodos arroja ganancias genéticas menores en el segundo periodo en los tres grupos de origen de los progenitores.

En el análisis específico por el lado de las vacas (Cuadro 4), las tendencias por origen de los progenitores nacionales indican las mayores ganancias genéticas negativas en ambas rutas, debido principalmente a las tendencias negativas del segundo periodo de estudio. Esto aun cuando en los cuatro grupos se registraron menores ganancias genéticas en el segundo periodo.

El mejoramiento genético de los hatos en SA podría haberse estado beneficiando con las importaciones de material genético. Sin embargo, una estrategia de mejoramiento genético basada sólo en la importación de germoplasma no es una buena alternativa (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). Un primer aspecto está relacionado con el criterio de selección utilizado por los criadores de registro para seleccionar el material importado, aunque difícil de definir, se sugiere estar considerando la apariencia externa de los animales o el precio del germoplasma, pero no los valores genéticos de PL u otras características evaluadas genéticamente. Lo anterior, después de que Ramírez-Valverde *et al.* (2014b) encontraron en JE y SA que la mayoría de los criadores mexicanos estuvieron importando germoplasma de valor genético menor (para PL y otras características evaluadas genéticamente) que el promedio del país de origen y también del importador; lo que no debería ocurrir si el objetivo principal de selección en México fuese PL.

Cuadro 4. Tendencias genéticas¹ estimadas para producción de leche por lactancia² en la raza Jersey, por origen de los padres de las vacas, antes (AEG) y después (DEG) de las evaluaciones genéticas.

Table 4. Estimated genetic trends¹ for lactation milk yield in the Jersey breed, by origin of sire of cow, before (AEG) and after (DEG) the genetic evaluations.

Tendencia²	General	AEG	DEG
PV x Nal	-56.2±1.2*	21.7±3.3*	-90.8±3.0*
PV x Ext	-8.9±0.8*	35.3±1.6*	-5.2±2.3*
MV x Nal	-35.0±0.7*	28.4±1.9*	-50.2±1.9*
MV x Ext	2.9±1.8ns	4.8±3.2ns	-41.3±10.3*

¹Coefficiente de regresión y su error estándar (kg año⁻¹), y nivel de significancia: * p<0.05 y ns = no significativo.

²PV = padres de vacas, MV= madres de vacas, Nal =origen de padre nacional y Ext= origen de padre extranjero.

¹Regression coefficient with standard error (kg year⁻¹), and level of significance: * p<0.05 and ns = not significant.

²PV = sires of cows, MV= dams of cows, Nal =origin of sire, national, and Ext= origin of sire, foreigner.

Los inconvenientes de la estrategia de importación, además de incrementar la dependencia tecnológica, es que no todo el material genético identificado como superior en el país de origen necesariamente será el más adecuado para las condiciones de producción en México (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b; Larios-Sarabia *et al.*, 2019). El uso de germoplasma de alto valor genético importado de países con condiciones tan contrastantes (como los EE. UU.) a las de México puede reducir la respuesta esperada, especialmente para las poblaciones JE y SA mexicanas (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). Lo anterior, debido a la presencia significativa de interacción genotipo por ambiente reportada en poblaciones JE y SA, la cual se magnifica cuando las diferencias en los ambientes se incrementan (Ramírez-Valverde *et al.*, 2010; Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b).

La importación de germoplasma depende de la capacidad técnica y económica de los criadores para importar, al elegir los mejores animales candidatos de acuerdo con su entorno (ambiental y socioeconómico) y objetivos de selección, por lo que esta estrategia conlleva un alto grado de riesgo (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b).

Con el fin de promover estrategias sustentables de mejoramiento genético en las poblaciones bovinas lecheras, Ramírez-Valverde *et al.* (2014b) recomiendan para países importadores, como México, continuar con las EG de los recursos locales (junto con los importados). Las EG nacionales permiten evaluar el germoplasma nacional y compararlo objetivamente con el importado, además de considerar objetivos de producción específicos (Larios-Sarabia *et al.*, 2011). Por otra parte, es importante considerar una posible interacción genotipo por ambiente para incluirla en el diseño de programas de mejoramiento genético, sobre todo, cuando se importe material genético de países con grandes diferencias ambientales; además de evaluar el impacto del germoplasma importado en el progreso genético y económico del país importador como México, analizando las diferentes estrategias de importación (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b).

Tendencias genéticas de sementales ponderados por progenie

En la Figura 3 se muestran las tendencias genéticas de los sementales, ponderadas y no ponderadas por el número de hijas. Los mayores promedios ponderados respecto a los no ponderados fueron en los años de mayor progreso genético (1998-2004 en JE y 1992-2004 en SA), debido a la mayor

frecuencia en el uso de sementales con mayor valor genético para PL. Posteriormente, en JE se presentaron comportamientos opuestos, lo que contribuyó a la tendencia genética general negativa; en SA no se aprecian grandes diferencias entre promedios antes y después de las EG, reflejándose en la ganancia casi nula de los 10 años más recientes. Así, la intensidad de uso de sementales de mayor valor genético para PL se reflejó en el progreso genético de la población en el primer periodo, lo cual no ocurrió después del inicio de las EG nacionales.

En otras poblaciones de ganado lechero también se estudió la frecuencia en el uso de sementales en función del valor genético para PL, mediante la comparación de los promedios ponderados y no ponderados. Koonawootrittriron *et al.* (2009) no encontraron un patrón definido en las diferencias entre ambos tipos de promedios a través de los años (para sementales y vacas), en hatos comerciales de Tailandia. Con ello infirieron la falta de una estrategia clara para elegir a los padres y madres en pro del mejoramiento genético, es decir, el valor genético para PL no fue un criterio importante. Por su parte, Nizamani y Berger (1996) en la población JE de registro de los EE. UU. (1960-1987) encontraron las mayores diferencias entre los promedios ponderados y no ponderados para las rutas PT y PV, sugiriendo el uso más frecuente de los mejores sementales.

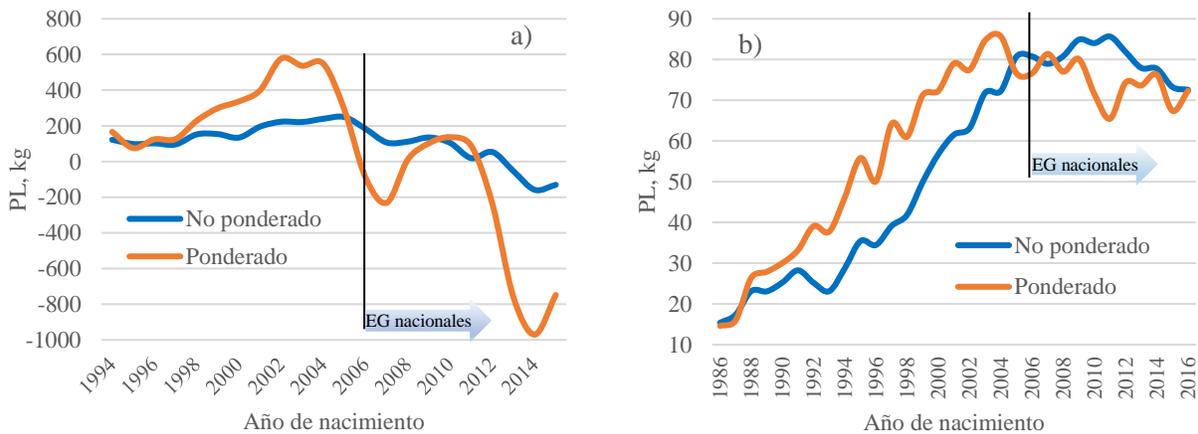


Figura 3. Tendencias genéticas de sementales (ponderadas y sin ponderar) para producción de leche por lactancia (PL) en poblaciones de bovinos Jersey (a) y Suizo Americano (b) de México.

Figure 3. Genetic trends of sires (weighted and unweighted) for lactation milk yield (PL) in Jersey (a) and Brown Swiss (b) cattle populations of Mexico.

Utilizando poblaciones Holstein comercial y de registro mexicanas, Toledo *et al.* (2014) en los cinco años analizados (2007-2011) observaron para la población de registro, que las diferencias entre ambos promedios se redujeron al final del periodo, debido al incremento del promedio no ponderado y reducción del promedio ponderado; infiriendo que estos ganaderos seleccionan homogéneamente a los sementales de alto valor genético. En cambio, en la población comercial las diferencias entre ambos promedios se incrementaron ligeramente con los años, debido a la reducción del promedio no ponderado, con lo que sugieren que a pesar de seleccionar sementales de valor genético variado y en promedio de calidad decreciente, usaron con mayor frecuencia aquellos de mayor valor genético. Así, un programa de mejoramiento genético no sólo requiere la identificación de los mejores individuos de la población, que se logra con las EG, sino que además requiere una estrategia efectiva de difusión de ese material genético a los hatos.

Tendencias genéticas por hatos

Las razas estudiadas presentan gran adaptación a ambientes diversos, en México los hatos se manejan en diferentes climas y sistemas de producción, desde los tropicales en pastoreo hasta los templados en confinamiento total (Larios-Sarabia *et al.*, 2011; Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). El análisis por grupo de hatos muestra en JE, que el grupo de hatos de mayor contribución (por número promedio de animales registrados anualmente) presentó una tendencia genética significativa positiva alta, pero sólo con animales registrados hasta 2005 (**Cuadro 5**) y los siguientes dos grupos de mayor contribución presentaron una tendencia genética significativa negativa, con participación hasta 2015. Por lo anterior, la salida del primer grupo de hatos con alta población de animales registrados en 2006 provocó la caída del progreso genético de la población JE para PL en el segundo periodo. Por su parte, en SA los dos grupos de hatos de mayor contribución presentaron tendencia genética significativa positiva, aunque baja, con animales registrados en todo el periodo de estudio (**Cuadro 5**), y el tercer grupo de mayor contribución presentó tendencia genética significativa negativa, casi cero, y con participación a partir de 1997. Por lo anterior, la inclusión de este tercer grupo contribuyó al detrimento del progreso genético de la población SA en el segundo periodo.

Los resultados de ambas razas señalan que existieron grupos grandes de hatos con diferentes objetivos de selección a la mayoría de los mismos, y que su exclusión (JE) o inclusión

(SA) en los años cercanos al inicio de las EG nacionales podrían haber contribuido en gran parte al comportamiento en las tendencias genéticas de las poblaciones lecheras en México, y con la caída del progreso genético para PL en el periodo posterior a las EG, y no como consecuencia directa de la implementación de las EG.

Las diferencias en educación, experiencia, toma de registros y decisiones entre los productores en las unidades de producción pueden crear diferencias en el mejoramiento genético entre los hatos y afectar el progreso genético de la población (Sarakul *et al.*, 2011). En Tailandia, Sarakul *et al.* (2011) agruparon hatos por tendencia genética (positiva, negativa y nula) y evaluaron las características de productores y hatos, en una muestra pequeña de hatos, encontrando diferencias significativas sólo en el grado de estudios de los productores. Las grandes diferencias en el progreso genético entre los grupos de hatos muestran la variabilidad en los objetivos de selección entre éstos, principalmente en la población JE.

Cuadro 5. Tendencias genéticas¹ para producción de leche por lactancia², por grupos de hatos, en poblaciones de bovinos Jersey y Suizo Americano de México.

Table 5. Genetic trends¹ for lactation milk yield², by groups of herds, in Jersey and Brown Swiss cattle populations of Mexico.

Grupo	Jersey			Suizo Americano		
	$b \pm EE$	ARA ³	Periodo	$b \pm EE$	ARA ³	Periodo
1	85.7±3.5*	174.7	1994-2005	2.9±0.0*	1425.7	1979-2016
2	-42.0±1.5*	124.1	1994-2015	2.2±0.1*	992.0	1979-2016
3	-23.4±2.9*	58.3	1995-2015	-0.5±0.1*	575.9	1997-2016
4	9.0±5.5ns	25.4	2001-2015	2.8±0.1*	359.4	1993-2016
5	12.6±6.4*	19.4	1998-2011	0.9±0.2*	247.2	1979-2001
6	-13.2±26.7ns	10.3	2000-2005	1.1±0.4*	33.0	1990-2016
7	9.3±20.6ns	10.3	1995-2001	3.5±0.4*	26.5	1987-2014
8				-13.7±2.7*	25.7	2011-2016

¹Coefficiente de regresión y su error estándar (kg año⁻¹), y nivel de significancia: * p<0.05 y ns = no significativo.

²Producción de leche ajustada a 305 (Jersey) y 210 días (Suizo Americano).

³Animales registrados anualmente (promedio).

¹Regression coefficient with standard error (kg year⁻¹), and level of significance: * p<0.05 and ns = not significant.

²Lactation milk yield adjusted to 305 (Jersey) and 210 days (Brown Swiss).

³Animals registered annually (average).

Dado el progreso genético limitado para PL en las poblaciones lecheras estudiadas con la implementación de las EG nacionales, se requiere replantear el programa nacional de mejoramiento genético con la participación conjunta del sector gubernamental, instituciones de investigación y organizaciones de productores comprometidos con el sector bovino lechero (Valencia *et al.*, 1999). Se requiere una definición clara de objetivos y criterios de selección, así como el registro de características de comportamiento adicionales, considerando las tendencias en la demanda de leche y productos lácteos. Se necesita la asesoría y capacitación de los criadores para seleccionar animales reproductores basados en los resultados de las EG nacionales, y utilizar las características fenotípicas externas únicamente como herramienta complementaria (Ramírez-Valverde *et al.*, 2016); además, sobre cómo seleccionar los animales importados para sus hatos (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b), y, sobre todo, concientizarlos sobre el papel que juegan como ganaderos de registro en el mejoramiento genético de la ganadería del país (Larios-Sarabia *et al.*, 2011).

Conclusiones

El progreso genético para producción de leche por lactancia (PL) de las poblaciones bovinas estudiadas ha sido de magnitud baja, positivo en Suizo Americano y negativo en Jersey. El análisis de tendencias genéticas, antes y después de implementar las evaluaciones genéticas, muestra que posiblemente las evaluaciones se han utilizado poco, por lo que no han tenido un impacto positivo determinante para el progreso genético de PL en las poblaciones estudiadas. Los resultados específicos por vías de selección, origen de los progenitores, tipos de hatos, y sementales ponderados por la progenie generada, explican parcialmente algunas de las posibles causas colaterales de la poca respuesta a la selección. En años recientes, con disponibilidad de evaluaciones genéticas nacionales para PL, se detectan posibles cambios en la política de importación de germoplasma del extranjero (disminución), y en los objetivos de selección a nivel particular de hatos por parte de los criadores hacia características diferentes a PL.

Los resultados sugieren replantear el programa nacional de mejoramiento genético de las poblaciones bovinas estudiadas con la participación conjunta de los actores involucrados en el sector. En dicho programa, deben definirse claramente los objetivos de selección consensuados y pertinentes con las tendencias en el mercado de leche y productos lácteos, además de considerar una estrategia efectiva para la disseminación de los animales de mayor valor genético, identificados

en las evaluaciones genéticas nacionales, y contemplar la asesoría y capacitación de los ganaderos, dado el importante rol que tienen como criadores de registro en el desarrollo genético del hato lechero nacional.

Agradecimientos

Los autores agradecen a la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Jersey de Registro A. C. y la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro, por facilitar la información productiva y genealógica para este estudio; asimismo, al CONACyT por la beca otorgada al primer autor para realizar sus estudios de Doctorado en Ciencias.

Referencias

- AIPL. (2018). Genetic evaluations available from AIPL. Retrieved December 20, 2018, from <https://www.uscdcb.com/what-we-can-do-for-you/trends-stats/>
- Canaza-Cayo, A. W., Cobuci, J. A., Lopes, P. S., de Almeida Torres, R., Martins, M. F., dos Santos Daltro, D., Barbosa da Silva, M. V. G. (2016). Genetic trend estimates for milk yield production and fertility traits of the Girolando cattle in Brazil. *Livestock Science*, 190, 113-122. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2016.06.009>
- Canaza-Cayo, A. W., Lopes, P. S., Barbosa da Silva, M. V. G., de Almeida Torres, R., Martins, M. F., Arbex, W. A., Cobuci, J. A. (2015). Genetic parameters for milk yield and lactation persistency using random regression models in Girolando cattle. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 28(10), 1407-1418. <https://doi.org/10.5713/ajas.14.0620>
- CDN. (2018). Heritability estimates used for genetic evaluation in Canada. Retrieved December 20, 2018, from https://www.cdn.ca/files_ge_articles.php
- Domínguez-Viveros, J., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., Ruíz-Flores, A. (2003). Evaluación genética de variables de crecimiento en bovinos Tropicarne. II. Tendencias Genéticas. *Agrociencia*, 37, 337-343.
- 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. UK.
- Hintz, R. L., Everett, R. W., Van Vleck, L. D. (1978). Estimation of genetic trends from cow and sire evaluations. *Journal of Dairy Science*, 61(5), 607-613.

- Katok, N., y Yanar, M. (2012). Milk traits and estimation of genetic, phenotypic and environmental trends for milk and milk fat yields in Holstein Friesian cows. *International Journal of Agriculture and Biology*, 13, 311-314.
- Konkruea, T., Koonawootrittriron, S., Elzo, M. A., Suwanasopee, T. (2017). Genetic parameters and trends for daughters of imported and Thai Holstein sires for age at first calving and milk yield. *Agriculture and Natural Resources*, 51(5), 420-424. <https://doi.org/10.1016/j.anres.2017.12.003>
- Koonawootrittriron, S., Elzo, M. A., Thongprapi, T. (2009). Genetic trends in a Holstein × other breeds multibreed dairy population in Central Thailand. *Livestock Science*, 122(2), 186-192. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.08.013>
- Kruszyński, W., Pawlina, E., Szewczuk, M. (2013). Genetic analysis of values, trends and relations between conformation and milk traits in Polish Holstein-Friesian cows. *Archives Animal Breeding*, 56(1), 536-546. <https://doi.org/10.7482/0003-9438-56-052>
- Kudinov, A. A., Juga, J., Mäntysaari, E. A., Strandén, I., Saksa, E. I., Smaragdov, M. G., Uimari, P. (2018). Developing a genetic evaluation system for milk traits in Russian Black and White dairy cattle. *Agricultural and Food Science*, 27(2), 85-95. <https://doi.org/10.23986/afsci.69772>
- Larios-Sarabia, N., Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., García-Muñiz, J. G. (2019). Investigación asociada con las evaluaciones genéticas de bovinos productores de leche en México. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 22, 315-329.
- Larios-Sarabia, N., Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., García-Muñiz, J. G., Ruíz-Flores, A. (2011). Caracterización técnica, social y económica de las empresas del hato bovino Jersey de registro en México. *Agricultura, Sociedad y Desarrollo*, 8(2), 229-247.
- Larios S., N. (2009). Caracterización del hato bovino Jersey de registro en México. Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, Méx. 125 p.
- Missanjo, E. M., Imbayarwo-Chikosi, V. E., Halimani, T. E. (2012). Genetic trends production and somatic cell count for Jersey cattle in Zimbabwe born from 1994 to 2005. *Tropical Animal Health and Production*, 44(8), 1921-1925. <https://doi.org/10.1007/s11250-012-0157-6>
- Naderi, Y. (2016). Estimation of genetic parameters for milk yield, somatic cell score, and fertility traits in Iranian Holstein dairy cattle. *IIOAB Journal*, 7(8), 122-129.

- Nizamani, A. H., y Berger, P. J. (1996). Estimates of genetic trend for yield traits of the registered Jersey population. *Journal of Dairy Science*, 79, 487-494. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(96\)76390-7](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(96)76390-7)
- Pezeshkian, Z., Shadparvar, A. A., Joezy-Shekalgorabi, S. (2016). Estimation of genetic trends for test-day milk yield by the logarithmic form of wood function using a random regression model. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 6(1), 43-51.
- Ramírez-Valverde, R., Peralta-Aban, J. A., Núñez-Domínguez, R., Ruíz-Flores, A., García-Muñiz, J. G., García-Peniche, T. B. (2010). Genotype by feeding system interaction in the genetic evaluation of Jersey cattle for milk yield. *Animal*, 4(12), 1971-1975. <https://doi.org/10.1017/S175173111000128X>
- Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., Fabián-Barrios, E. (2014a). Caracterización de las publicaciones sobre mejoramiento genético animal en México. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*, 1(1), 59-72.
- Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., Palacios-Jiménez, A. L., Jiménez-Carrasco, J. S. (2014b). Characterization of dairy cattle germplasm used in Mexico with national genetic evaluations in importing and exporting countries. *Livestock Science*, 167(1), 51-57. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.05.028>
- Ramírez-Valverde, R., Ramírez Valverde, G., Núñez-Domínguez, R., Delgadillo Zapata, R. A., Hernández León, M. (2016). Association between genetic evaluation and show-ring judging for dairy and beef cattle. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 29(1), 25-32. <https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v29n1a03>
- Rendel, J. M., y Robertson, A. (1950). Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle. *Journal of Genetics*, 50(1), 1-8.
- Roso, V. M., y Schenkel, F. S. (2006). AMC-a computer program 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, pp. 26-27.
- Sarakul, M., Koonawootrittriron, S., Elzo, M. A., Suwanasopee, T. (2011). Factors influencing genetic change for milk yield within farms in Central Thailand. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 24(8), 1031-1040. <https://doi.org/10.5713/ajas.2011.10401>
- SAS. (2017). *SAS/STAT User's guide (Release 6.4)*. SAS Inst. Inc., Cary, NC, USA.

- Toledo A., H. O., Ruiz L., F. J., Vázquez P., C. G., Berruecos V., J. M., Elzo, M. A. (2014). Tendencias genéticas y fenotípicas para producción de leche de ganado Holstein en dos modalidades de control de producción. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 5(4), 471-485.
- Valencia P., M., Ruíz L., F. J., Montaldo V., H., Keown, J. F., Van Vleck, L. D. (1999). Evaluación genética para la producción de leche en ganado Holstein en México. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 37(3), 1-8.
- Vargas L., B., y Gamboa Z., G. (2008). Genetic trends, genotype-environment interaction and inbreeding in Holstein and Jersey dairy cattle from Costa Rica. *Técnica Pecuaria en México*, 46(4), 371-386.
- Yaeghoobi, R., Doosti, A., Noorian, A. M., Bahrami, A. M. (2011). Genetic parameters and trends of milk and fat yield in Holstein's dairy cattle of west provinces of Iran. *International Journal of Dairy Science*, 6(2), 142-149. <https://doi.org/10.3923/ijds.2011.142.149>

Este Capítulo fue publicado en *Revista Mexicana de Agroecosistemas*

4. TENDENCIAS GENÉTICAS DE POBLACIONES BOVINAS PARA CARNE EN MÉXICO

Larios-Sarabia N.¹, Ramírez-Valverde R.^{1*}, Domínguez-Viveros J.², Núñez-
Domínguez R.¹, García-Muñiz J.G.¹

¹Posgrado en Producción Animal, Universidad Autónoma Chapingo, km 38.5
carretera México-Texcoco, Chapingo, Méx. 56230.

²Facultad de Zootecnia y Ecología, Universidad Autónoma de Chihuahua.
Periférico Francisco R. Almada km 1. Chihuahua, Chih., Méx. 31453.

*Autor de correspondencia:

rodolfov@correo.chapingo.mx



TENDENCIAS GENÉTICAS DE POBLACIONES BOVINAS PARA CARNE EN MÉXICO

[GENETIC TRENDS OF MEXICAN BEEF CATTLE POPULATIONS]

Larios-Sarabia N.¹, R. Ramírez-Valverde^{1§}, J. Domínguez-Viveros², R. Núñez-Domínguez¹, J. G. García-Muñiz¹

¹Posgrado en Producción Animal, Universidad Autónoma Chapingo, km 38.5 carretera México-Texcoco, Chapingo, Méx. 56230. ²Facultad de Zootecnia y Ecología, Universidad Autónoma de Chihuahua. Periférico Francisco R. Almada km 1. Chihuahua, Chih., Méx. 31453. [§]Autor para correspondencia: (rodolfov@correo.chapingo.mx).

RESUMEN

El objetivo de la investigación fue estimar las tendencias genéticas para las razas bovinas productoras de carne Angus (AN), Brangus Negro (BN), Brangus Rojo (BR), Suizo Europeo (SE), Hereford (HE), Limousin (LI) y Salers (SA), a partir de las bases de datos genealógicas y productivas de las asociaciones mexicanas de criadores de ganado de registro. Las características estudiadas fueron peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD) y peso al año (PA). Para estimar los parámetros genéticos y predecir los valores genéticos de los animales, se utilizaron modelos mixtos univariados y bivariados con los programas ASReml y MTDFREML. Para PN y PD, además de los efectos directos, se consideraron los maternos y de ambiente permanente de las madres (excepto para PN en AN y SA). Las tendencias genéticas se estimaron con el procedimiento REG de SAS, mediante regresión ponderada (por el número de animales) de los valores genéticos sobre los años de nacimiento. Con excepción de SA para PN directo, las tendencias genéticas estimadas de los efectos aditivos para crecimiento fueron positivas y de baja magnitud; los cambios en BN para PD directo fueron de mayor magnitud; para los efectos maternos las tendencias fueron cercanas a cero para PN (excepto en BN) y negativas de valor bajo para PD (excepto en BN y HE). En estos resultados destaca el comportamiento de la raza BN, con ganancias genéticas en PN materno, PD directo y PD materno de mayor magnitud que las demás razas. En general, las tendencias genéticas para las variables de crecimiento muestran que la selección aplicada por los criadores de ganado de registro en México de las razas estudiadas ha generado progresos genéticos de baja magnitud.

Palabras clave: Evaluaciones genéticas, ganancia genética, valor genético.

ABSTRACT

The objective of this study was to estimate the genetic trends for Angus (AN), Black Brangus (BN), Red Brangus (BR), Braunvieh (SE), Hereford (HE), Limousin (LI) and Salers (SA) beef cattle breeds in Mexico, using the genealogical and performance databases of the cattle breeders associations. The traits studied were birth (PN), weaning (PD) and yearling weight (PA). To estimate the genetic parameters and predict the genetic values of the animals, univariate and bivariate mixed models were fitted with the ASReml and MTDFREML programs. For PN and PD,



in addition to the direct effects, the maternal effects and the permanent environmental of dams were considered (except for PN in AN and SA). The genetic trends were estimated using the REG procedure of SAS, using weighted regression (by the number of animals) of the genetic values over the years of birth. The estimated genetic trends for the additive effects were positive but small, except for PN direct in SA; the changes were larger for PD direct in BN. The genetic trends for maternal effects were very close to zero for PN (except in BN) and negative low values for PD (except in BN and HE). In the BN breed, the genetic gains for PN maternal, PD direct and PD maternal were larger than the other breeds. In general, the genetic trends for growth traits show that the selection applied by breeders of the cattle breeds studied in Mexico has resulted in genetic progress of low magnitude.

Index words: Breeding value, genetic evaluations, genetic gain.

INTRODUCCIÓN

Los criadores de ganado de registro tienen el objetivo de maximizar la ganancia genética por unidad de tiempo, para las características de importancia económica en un programa de mejoramiento genético (Dangar y Pravin, 2018). La implementación de evaluaciones genéticas (EG) en poblaciones bovinas mexicanas para carne como herramienta para identificar a los individuos genéticamente superiores, iniciaron en 2001 para las razas Simmental y Simbrah, actualmente se realizan EG nacionales periódicas para varias de estas poblaciones (CONARGEN, 2016).

La implementación de las EG es un paso importante en el mejoramiento genético de las poblaciones bovinas mexicanas, y a casi dos décadas de llevarlas a cabo se esperarían avances significativos en el progreso genético de estas poblaciones. El progreso genético de una población puede obtenerse estimando la tendencia genética para la característica de interés, en la cual se evalúa el cambio obtenido por el proceso de selección a través de los años. La estimación de tendencias genéticas permite a los criadores evaluar el progreso genético, y en su caso redefinir los objetivos de selección para maximizar el cambio genético, con base en la utilización de los valores genéticos predichos (Domínguez-Viveros *et al.*, 2003; Malhado *et al.*, 2008).

Los estudios sobre tendencias genéticas en poblaciones bovinas de registro para carne en México, se han realizado en Tropicarne (Domínguez-Viveros *et al.*, 2003), Simmental (Rosales-Alday *et al.*, 2004), Brahman (Parra-Bracamonte *et al.*, 2007) Brangus, Salers (Domínguez-Viveros *et al.*, 2009) y Charolais (Parra-Bracamonte *et al.*, 2016). Estos estudios aislados muestran cambios genéticos positivos para características de crecimiento pero marginales (Domínguez-Viveros *et al.*, 2003; Gaspar Manuel Parra-Bracamonte *et al.*, 2007; Rosales-Alday *et al.*, 2004); además de una amplia influencia de material genético importado (Domínguez-Viveros *et al.*, 2009; Parra-Bracamonte *et al.*, 2016; Parra-Bracamonte *et al.*, 2007; Rosales-Alday *et al.*, 2004).

Los estudios sobre tendencias genéticas han analizado periodos anteriores a la implementación de las EG, por lo que se desconoce el impacto que han tenido las EG en las poblaciones nacionales. Así, el objetivo de la presente investigación es cuantificar el progreso genético de las poblaciones



bovinas de registro productoras de carne Angus (AN), Brangus Negro (BN), Brangus Rojo (BR), Suizo Europeo (SE), Hereford (HE), Limousin (LI) y Salers (SA).

MATERIALES Y MÉTODOS

Se utilizaron bases de datos genealógicos y productivos de cada una de las asociaciones mexicanas de criadores de ganado de registro de las razas AN, BN, BR, SE, HE, LI y SA. La información de pedigrí estuvo conformada por 84,882; 75,532; 16,021; 187,294; 14,650; 56,565; y 16,153 animales para las razas AN, BN, BR, SE, HE, LI y SA, respectivamente. Las características estudiadas fueron PN (kg), PD (kg) ajustado a 205 días (SE a 240 días) y PA (kg). En el Cuadro 1 se presenta el número de registros productivos finales y los grupos contemporáneos (GC) utilizados en la estimación de componentes de (co)varianza, parámetros y valores genéticos para las variables analizadas en cada raza.

Cuadro 1. Estadísticos descriptivos y número de grupos contemporáneos (nGC) de las variables analizadas.

Raza ^X	Var. ^Y	N	Prom.±DE	nGC	Raza ^X	Var. ^Y	N	Prom.±DE	nGC
AN	PN	40,933	33.12±4.38	3,601	SE	PN	31,586	38.12±4.84	2,150
	PD	25,343	215.79±39.84	2,433		PD	21,817	235.32±43.01	1,889
	PA	13,292	333.87±64.64	1,442		PA	14,961	324.48±56.37	1,389
BN	PN	52,156	33.63±4.15	4,661	BR	PN	9,360	31.70±4.05	1,183
	PD	40,973	216.39±36.75	3,874		PD	7,218	233.96±38.45	879
	PA	15,393	349.59±66.38	1,683		PA	3,458	335.60±52.37	459
HE	PN	4,414	36.19±4.63	634	SA	PN	8,236	34.05±2.92	637
	PD	3,356	212.78±45.82	463		PD	7,331	202.31±31.81	564
	PA	1,730	319.45±58.05	259		PA	3,008	291.34±64.87	236
LI	PN	30,445	36.67±4.79	5,690	LI	PA	15,827	340.00±67.43	2,795
	PD	21,096	215.83±40.07	4,014					

^X AN: Angus; BN: Brangus Negro; BR: Brangus Rojo; SE: Suizo Europeo; HE: Hereford; LI: Limousin; y SA: Salers.

^Y PN: peso al nacimiento (kg); PD: peso al destete (kg); y PA: peso al año (kg).

Para estimar los parámetros genéticos y predecir los valores genéticos de los animales, se utilizaron los programas ASReml (Gilmour et al. 2009) para AN y SE; y MTDFREML (Boldman *et al.*, 1995) para las demás razas. Para el análisis de las características se utilizaron los siguientes modelos univariados y bivariados.

$$Y = Xb + Za + e \quad [1]$$

$$Y = Xb + Za + Mm + e \quad [2]$$

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} M_1 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ 0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_1 \\ 0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \quad [3]$$

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} M_1 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ 0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_1 \\ 0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} SGC_1 & 0 \\ 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} i_1 \\ 0 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}. \quad [4]$$



Donde **Y** es el vector de registros de comportamiento para cada variable; **b** es el vector de efectos fijos que incluye los efectos de GC, y edad de la madre al parto como covariable lineal y cuadrática; **a** es el vector de efectos genéticos aditivos directos; **m** es el vector de efectos genéticos aditivos maternos; **p** es el vector de efectos de ambiente permanente materno; **i** es el vector de efectos de la interacción semental (padre del animal) por GC; **e** es el vector de efectos residuales; y **X, Z, M, W** y **SGC** son las matrices de incidencia que asocian los vectores correspondientes con **Y**. En el Cuadro 2 se indican los modelos empleados en las diferentes características y los parámetros genéticos estimados.

Las tendencias genéticas fueron estimadas para las variables en cada raza, con el procedimiento REG del programa SAS (SAS 2002), mediante regresión ponderada (por el número de animales) de los valores genéticos de los animales en las características correspondientes sobre los años de nacimiento.

Cuadro 2. Modelos utilizados y heredabilidad directa (h^2_d), materna (h^2_m) y correlación entre efectos directos y maternos (r_{dm}) estimadas en poblaciones bovinas para carne en México.

Variable ^X	PN				PD				PA		
	Raza ^Y	Mod.	h^2_d	h^2_m	r_{dm}	Mod.	h^2_d	h^2_m	r_{dm}	Mod.	h^2_d
AN		1	0.19			4	0.15	0.05	-0.50	4	0.20
BN		2	0.20	0.08	-0.81	2	0.20	0.08	-0.75	1	0.22
BR		2	0.20	0.08	-0.75	2	0.20	0.08	-0.75	1	0.22
SE		1	0.24			3	0.20	0.04	-0.25	3	0.15
HE		2	0.40	0.07	-0.64	2	0.19	0.15	0	1	0.25
LI		2	0.13	0.15	-0.67	2	0.21	0.25	-0.69	1	0.20
SA		2	0.40	0.12	0	2	0.38	0.15	0	1	0.27

^X PN: peso al nacimiento; PD: peso al destete; y PA: peso al año. ^Y AN: Angus; BN: Brangus Negro; BR: Brangus Rojo; SE: Suizo Europeo; HE: Hereford; LI: Limousin; y SA: Salers.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las tendencias genéticas para las razas y variables estudiadas se presentan en el Cuadro 3; con excepción de peso al nacimiento materno (PNm) en HE y SA, todas fueron significativas ($p < 0.05$). En el peso al nacimiento directo (PNd) para AN y SE, las ganancias genéticas fueron positivas y pequeñas, entre 6 y 11 g año⁻¹, lo que representa entre 0.017 y 0.030% de la media fenotípica, aunque para SA fue negativa (-4 g año⁻¹, 0.012%). Por su parte, las tendencias genéticas de PNm fueron muy pequeñas e incluso cero ($p > 0.05$), excepto para el valor obtenido en BN (-9 g año⁻¹, -0.028%). Para la característica de PDd, los incrementos anuales fueron positivos y para la mayoría menores que 70 g año⁻¹ (0.034%), destacando BN con hasta 258 g año⁻¹ (0.119%). Por el contrario, los PDM fueron pequeñas y negativos, excepto en BN con hasta -123 g año⁻¹ (-0.057%), y HE con valor positivo (66 g año⁻¹; 0.031%). Para PA, las tendencias fueron positivas, de las cuales destacan las razas BN, BR y LI con ganancias mayores a 180 g año⁻¹ (0.05%).



Los resultados para las mismas poblaciones BN y SA obtenidos anteriormente para el periodo de 1992 a 2006 por Domínguez-Viveros *et al.* (2009), muestran ganancias genéticas menores en PNd para ambas razas, PDd en SA y PDm en BN, a las de este estudio. Por el contrario, ganancias genéticas mayores se encontraron en PNm para ambas razas y PDd en BN. Lo anterior muestra el sentido del progreso genético de los últimos años en PDd, reduciendo las ganancias genéticas en BN y aumentando en SA.

Cuadro 3. Tendencias genéticas en razas bovinas productoras de carne en México.

Raza ^W	PNd ^X (b±EE) ^Z	PNd (%) ^Y	PNm ^X (b±EE) ^Z	PNm (%) ^Y	PDd ^X (b±EE) ^Z	PDd (%) ^Y
AN	0.006±0.0005***	0.017			0.035±0.002***	0.016
BN	0.007±0.0004***	0.021	-0.009±0.0002***	-0.028	0.258±0.003***	0.119
BR	0.008±0.0010***	0.024	0.001±0.0004*	0.003	0.059±0.006***	0.025
SE	0.011±0.0002***	0.030			0.065±0.001***	0.028
HE	0.008±0.0020***	0.022	-0.001±0.0010ns	-0.002	0.058±0.008***	0.027
LI	0.008±0.0003***	0.023	-0.0022±0.0003***	-0.006	0.110±0.003***	0.051
SA	-0.004±0.0010**	-0.012	-0.0005±0.0005ns	-0.001	0.069±0.009***	0.034
Raza ^W	PDm ^X (b±EE) ^Z	PDm (%) ^Y	PA ^X (b±EE) ^Z	PA (%) ^Y		
AN	-0.005±0.0010***	-0.002	0.052±0.004***	0.015		
BN	-0.123±0.0020***	-0.057	0.181±0.004***	0.052		
BR	-0.021±0.0030***	-0.009	0.181±0.009***	0.054		
SE	-0.008±0.0002***	-0.003	0.052±0.001***	0.016		
HE	0.066±0.0070***	0.031	0.057±0.011***	0.018		
LI	-0.018±0.0030***	-0.008	0.190±0.004***	0.056		
SA	-0.032±0.0040***	-0.016	0.032±0.010**	0.011		

^W AN: Angus; BN: Brangus Negro; BR: Brangus Rojo; SE: Suizo Europeo; HE: Hereford; LI: Limousin; SA: Salers. ^X PNd: peso al nacimiento directo; PNm: peso al nacimiento materno; PDd: peso al destete directo; PDm: peso al destete materno; PA: peso al año. ^Y Ganancia genética anual como porcentaje de la media fenotípica. ^Z Coeficiente de regresión y su error estándar (kg año⁻¹), y nivel de significancia: * ($p \leq 0.05$), ** ($p \leq 0.01$), *** ($p \leq 0.001$) y ns: no significativo

El peso al nacimiento óptimo es aquel que favorece el crecimiento apropiado del becerro y el aprovechamiento de la leche materna, sin causar dificultades al parto (Domínguez-Viveros *et al.*, 2003), por lo que deben evitarse incrementos considerables de la característica. Al igual que en las poblaciones estudiadas, en otras se han encontrado tendencias bajas (cerca de cero) en Tropicarne (Domínguez-Viveros *et al.*, 2003) y Brahman (Parra-Bracamonte *et al.*, 2007) de México, e incluso negativas en Charolais de México de -0.016 kg año⁻¹ (Parra-Bracamonte *et al.*, 2016). Aunque también se reportan tendencias genéticas altas en Nellore de Brasil (0.073 kg año⁻¹; Chud *et al.*, 2014), y AN, LI y HE de Canadá (Sullivan *et al.*, 1999).

El PN está determinado además del potencial genético del becerro por los efectos maternos de la madre (Sahin *et al.*, 2012). Sin embargo, no en todos los estudios es considerado este efecto, y de ellos, frecuentemente se reportan tendencias genéticas no significativas como los obtenidos en HE y SA (Domínguez-Viveros *et al.*, 2009; Parra-Bracamonte *et al.*, 2007; Rasali *et al.*, 2005). Por el contrario, Domínguez-Viveros *et al.* (2009) reportaron en SA un valor positivo considerable



(0.03% del promedio fenotípico), similar al encontrado en BN de este estudio (0.028%), pero negativo.

De las características de crecimiento, PD es la más importante y para la cual se estudian ambos efectos (directos y maternos). Para PDD se reportan mayormente tendencias genéticas de baja magnitud, similares a las obtenidas en este estudio: en México para Brahman (Parra-Bracamonte *et al.*, 2007), en Brasil para las razas Nellore (Malhado *et al.*, 2008; Malhado *et al.*, 2010; Zuin *et al.*, 2012), y Hereford y Braford (Teixeira *et al.*, 2018). También se reportan tendencias mayores en México para Charolais (0.436 kg año⁻¹; Parra-Bracamonte *et al.*, 2016) y Brasil para Nellore (0.845 kg año⁻¹; Chud *et al.*, 2014).

Por otra parte, para PDM las tendencias genéticas negativas estimadas en este estudio, sólo en Brasil con las razas Hereford y Braford reportaron una tendencia negativa, aunque no significativa (Teixeira *et al.*, 2018). La mayoría de los estudios reportan valores bajos en poblaciones Nellore (Malhado *et al.*, 2008, 2010; Zuin *et al.*, 2012) y Tabapuã (Bernardes *et al.*, 2015), y en México con Brahman (Parra-Bracamonte *et al.*, 2007).

Las tendencias genéticas de PDD y PDM tuvieron comportamientos opuestos para las diferentes razas (excepto en HE). Estos resultados coinciden a los obtenidos para Tabapuã en Brasil (Campos *et al.*, 2016) y en BN en México (Domínguez-Viveros *et al.*, 2009). Esta situación se explica por las correlaciones negativas y altas entre los efectos aditivos directos y maternos (Araújo *et al.*, 2010; Campos *et al.*, 2016); y adicionalmente en el caso de poblaciones mexicanas se indica como consecuencia de la fuerte selección de sementales y semen por valores genéticos directos, vía importación, sin contemplar los efectos genéticos maternos (Domínguez-Viveros *et al.*, 2009; Rosales-Alday *et al.*, 2004). En Brasil, considerando Nellore registran tendencias genéticas positivas en ambos efectos (Malhado *et al.*, 2008; Malhado *et al.*, 2010; Zuin *et al.*, 2012).

Para PA se ha encontrado tendencias similares en Nellore (Brasil) para el efecto directo (Malhado *et al.*, 2008; Malhado *et al.*, 2010; Zuin *et al.*, 2012) y México en Tropicarne (0.209 kg año⁻¹; Domínguez-Viveros *et al.*, 2003) y Brahman (0.262 kg, Parra-Bracamonte *et al.*, 2007); aunque, Parra-Bracamonte *et al.* (2016) encontraron ganancias altas de 0.575 kg año⁻¹ en Charolais.

En general, las tendencias genéticas estimadas están dentro del rango de las reportadas en otras poblaciones. En estudios anteriores para poblaciones de México reportan también tendencias genéticas bajas. En ganado Tropicarne (Domínguez-Viveros *et al.*, 2003), Simmental (Rosales-Alday *et al.*, 2004), Brahman (Parra-Bracamonte *et al.*, 2007), y SA y BN (Domínguez-Viveros *et al.*, 2009) encontraron cambios genéticos directos positivos pero de baja magnitud; y para Simmental y Brahman se indican mayores incrementos en los últimos años de estudio. En dichos estudios asocian los mayores incrementos con la importación de material genético del extranjero (Domínguez-Viveros *et al.*, 2009; Parra-Bracamonte *et al.*, 2007; Rosales-Alday *et al.*, 2004). Las respuestas bajas pueden ser atribuidas, entre otros aspectos, a los diferentes criterios de selección por parte de los criadores, de los cuales no todos utilizan los valores genéticos para la selección de reemplazos (Domínguez-Viveros *et al.*, 2003) o a la adquisición de material genético. En este



sentido, Parra-Bracamonte *et al.* (2016) indican que las diferencias en criterios y objetivos de selección entre los hatos resultan en ganancias genéticas diferentes, por lo que las tendencias genéticas de la población general pueden mostrar una percepción diluida del progreso genético desde el punto de vista del criador.

CONCLUSIONES

Las tendencias genéticas de los efectos aditivos para crecimiento están en la dirección correcta, pero son de baja magnitud; para los efectos maternos fueron muy cercanas a cero en PN y negativas de valor bajo en PD. En los resultados destaca el comportamiento de la raza BN, con ganancias genéticas en PNm, PDD y PDM de mayor magnitud que las demás razas. En general, las tendencias genéticas obtenidas en las variables de crecimiento muestran que la selección aplicada por los criadores de ganado de registro en México ha generado progresos genéticos limitados (bajos y moderados).

LITERATURA CITADA

- Araújo, R., Nogara, P., Weber, T., Everling, D., Silva, J., & Almeida, M. 2010. Genetic parameters and phenotypic and genetic trends for weight at weaning and visual scores during this phase estimated for Angus-Nellore crossbred young bulls. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 39(11), 2398–2408. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982010001100012>.
- Bernardes, P. A., Grossi, D. A., Savegnago, R. P., Buzanskas, M. E., Urbinati, I., Bezerra, L. A. F. and D. P. Munari. 2015. Estimates of genetic parameters and genetic trends for reproductive traits and weaning weight in tabapuã cattle. *Journal of Animal Science*, 93(11), 5175–5185. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-9212>.
- Boldman, K. G., Kriese, L. A., Van Vleck, L. D., Van Tassell, C. P., & Kachman, S. D. 1995. A manual for use of MTDFREML: a set of programs to obtain estimates of variances and covariances. Lincoln: Agricultural Research Service.
- Campos, B. M., Silva, F. F., M. Filho, R., Malhado, C. H. M., & Carneiro, P. L. S. 2016. Parâmetros e ganhos genéticos em características de crescimento de bovinos Tabapuã da Bahia. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 68(4), 1043–1052. <https://doi.org/10.1590/1678-4162-8288>.
- Chud, T. C. S., Caetano, S. L., Buzanskas, M. E., Grossi, D. A., Guidolin, D. G. F., Nascimento, G. B., Munari, D. P. 2014. Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nellore beef cattle. *Livestock Science*, 170, 16–21. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.09.024>.
- CONARGEN. (2016). Página Principal. Retrieved December 10, 2016, from [www://conargen.mx](http://www.conargen.mx)
- Dangar, N., & Pravin, V. 2018. Reliable methods of estimation of genetic, phenotypic and environmental trend for production traits in gir cattle. *Indian Veterinary Journal*, 95(3), 35–39.
- Domínguez-Viveros, J., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., & Ruíz-Flores, A. (2003). Evaluación genética de variables de crecimiento en bovinos Tropicarne: II. Tendencias Genéticas. *Agrociencia*, 37, 337–343.
- 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.
- Gilmour, A. R., Gogel, B. J., Cullis, B. R., & Thompson, R. (2009). ASReml user guide release 3.0. VSN Int Ltd. UK.
- Malhado, C. H. M., Carneiro, P. L. S., Malhado, A. C. M., Martins Filho, R., Bozzi, R., & Ladle, R. J. 2010. Genetic improvement and population structure of the Nelore breed in Northern Brazil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 45(10), 1109–1116. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010001000009>.
- Malhado, C. H. M., Carneiro, P. L. S., Pereira, D. G., & Martins Filho, R. 2008. Progreso genético e estrutura populacional do rebanho Nelore no Estado da Bahia. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43(9), 1163–1169. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2008000900010>.
- Parra-Bracamonte, G. M., Lopez-Villalobos, N., Morris, S. T., Sifuentes-Rincón, A. M., & Lopez-Bustamante, L. A. 2016. Genetic trends for live weight traits reflect breeding strategies in registered Charolais Farms in Mexico. *Tropical Animal Health and Production*, 48(8), 1729–1738. <https://doi.org/10.1007/s11250-016-1150-2>.
- Parra-Bracamonte, Gaspar Manuel, 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. *FCV-LUZ*, 17(3), 262–267.
- Rasali, D. P., Crow, G. H., Shrestha, J. N. B., & Kennedy, A. D. 2005. Multiple trait estimates of genetic parameters for juvenile growth and calving traits in Canadian Angus cattle. *Canadian Journal of Animal Science*, 85, 309–316. <https://doi.org/10.4141/A04-053>.
- Rosales-Alday, J., Elzo, M. A., Montañó Bermúdez, M., & Vega Murillo, V. E. 2004. Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento predestete en la población mexicana de Simmental. *Técnica Pecuaria México*, 42(2), 171–180.
- Sahin, A., Ulutas, Z., Adkinson, A. Y., & Adkinson, R. W. 2012. Estimates of phenotypic and genetic parameters for birth weight of Brown Swiss calves in Turkey using an animal model. *Tropical Animal Health and Production*, 44(5), 1027–1034. <https://doi.org/10.1007/s11250-011-0036-6>.
- SAS. 2002. User's guide: statistics, version 9.1.3. Cary, NC: SAS Institute.
- Sullivan, P. G., Wilton, J. W., Miller, S. P., & Banks, L. R. 1999. Genetic Trends and Breed Overlap Derived from Multiple-Breed Genetic Evaluations of Beef Cattle for Growth Traits. *Journal of Animal Science*, 77(8), 2019–2027. <https://doi.org/10.2527/1999.7782019x>
- Teixeira, B. B. M., MacNeil, M. D., da Costa, R. F., Dionello, N. J. L., Yokoo, M. J., & Cardoso, F. F. 2018. Genetic parameters and trends for traits of the Hereford and Braford breeds in Brazil. *Livestock Science*, 208(May 2017), 60–66. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2017.12.008>
- Zuin, R. G., M. E. Buzanskas, S. L. Caetano, G. C. Venturini, D. G. F. Guidolin, D. A. Grossi and D. P. Munari, 2012. Genetic analysis on growth and carcass traits in Nelore cattle. *Meat Science*, 91(3), 352–357. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2012.02.018>. **RM-12**

Este Capítulo fue publicado en *Revista Mexicana de Agroecosistemas*

5. TENDENCIAS GENÉTICAS DE POBLACIONES OVINAS DE PELO EN MÉXICO

Larios-Sarabia N.¹, Domínguez-Viveros J.^{2*}, Ramírez-Valverde R.¹, Núñez-Domínguez R.¹, Rodríguez-Almeida F. A.², García-Muñiz J. G.¹

¹Posgrado en Producción Animal, Universidad Autónoma Chapingo, km 38.5 carretera México-Texcoco, Chapingo, Méx. 56230.

²Facultad de Zootecnia y Ecología, Universidad Autónoma de Chihuahua. Periférico Francisco R. Almada km 1. Chihuahua, Chih., Méx. 31453.

*Autor de correspondencia:

joeldguezviveros@yahoo.com.mx



TENDENCIAS GENÉTICAS DE POBLACIONES OVINAS DE PELO EN MÉXICO

[GENETIC TRENDS OF MEXICAN HAIR SHEEP POPULATIONS]

N. Larios-Sarabia¹, J. Domínguez-Viveros^{2§}, R. Ramírez-Valverde¹, R. Núñez-Domínguez¹, F. A. Rodríguez-Almeida², J. G. García-Muñiz¹

¹Posgrado en Producción Animal, Universidad Autónoma Chapingo, km 38.5 carretera México-Texcoco, Chapingo, Méx. 56230. ²Facultad de Zootecnia y Ecología, Universidad Autónoma de Chihuahua. Periférico Francisco R. Almada km 1. Chihuahua, Chih., Méx. 31453. [§]Autor para correspondencia: (joeldguezviveros@yahoo.com.mx).

RESUMEN

El objetivo del estudio fue cuantificar las tendencias genéticas de las poblaciones ovinas de pelo de las razas Katahdin, Dorper y Pelibuey. Se utilizaron las bases de datos genealógicas y productivas facilitadas por el Organismo de la Unidad Nacional de Ovinocultores. Las características de crecimiento analizadas fueron peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD) y ganancia diaria postdestete (GDP). La estimación de parámetros genéticos y predicción de valores genéticos se realizaron con modelos mixtos univariados (PN) y bivariados (PD y GDP), considerando los efectos aleatorios genéticos directos (d), genéticos maternos (m) y de ambiente permanente de las madres. Las tendencias fenotípicas y genéticas se estimaron mediante la regresión ponderada de los valores productivos y genéticos a través del tiempo, utilizando el procedimiento REG de SAS. Las tendencias fenotípicas fueron positivas y significativas ($p < 0.05$) para las variables de crecimiento analizadas (excepto PD en Dorper). La raza Katahdin registró ganancias genéticas considerables para PDd y GDP; sin embargo, también se registraron considerables cambios genéticos indeseables en PNd y PDM. Para Dorper, los esfuerzos en selección no se han enfocado en el crecimiento de los corderos (PDd y GDP). Para Pelibuey se aprecian cambios positivos de baja magnitud en PDd y GDP, y reducciones de PDM. Los resultados indican que la selección en características de crecimiento ha sido efectiva en algunas variables para Katahdin y Pelibuey; sin embargo, aún existe un rango amplio de mejora en Dorper y Pelibuey, además de evitar el deterioro de la habilidad materna en Katahdin y Pelibuey.

Palabras clave: Ganancia diaria postdestete, ganancia genética, peso al destete, valor genético.

ABSTRACT

The study aimed to quantify the genetic trends for hair sheep populations of the Katahdin, Dorper, and Pelibuey breeds. The genealogical and performance database utilized was provided by the Organismo de la Unidad Nacional de Ovinocultores. The growth traits analyzed were birth weight (PN), weaning weight (PD), and postweaning daily gain (GDP). Univariate (PN) and bivariate (PD and GDP) mixed linear models were fitted to estimate genetic parameters and to predict breeding values. Models fitted considered the direct genetic (d), maternal genetic (m) and permanent environmental effects of dams. The phenotypic and genetic trends were estimated by weighted regression of performance and genetic values over time, using the SAS REG procedure. The phenotypic trends were positive and significant ($p < 0.05$) for the studied growth traits (except PD in Dorper). The Katahdin breed achieved considerable genetic gains for PDd and GDP; however, there were also substantial undesirable genetic changes in PNd and PDM. For Dorper, the efforts in selection have not been focused on the growth of



the lambs (PDd and GDP). For Pelibuey, there are positive changes of low magnitude in PDd and GDP, and decreases in PDm. The results indicate that selection for growth traits has been effective in some traits for Katahdin and Pelibuey; however, there is still a wide range to improve in Dorper and Pelibuey, and to avoid the decline of maternal ability in Katahdin and Pelibuey.

Index words: Breeding value, genetic gain, postweaning daily gain, weaning weight.

INTRODUCCIÓN

Los criadores de animales de registro tienen como objetivo principal maximizar el mejoramiento genético de su población, a través de la selección de características de importancia económica (Dangar y Pravin 2018). En México, a partir de la creación de bases de datos por los criadores de las asociaciones de las razas especializadas y el trabajo conjunto con el sector gubernamental e instituciones académicas y de investigación, permitió la implementación de evaluaciones genéticas en poblaciones ovinas mexicanas. Así, desde 2010 se publican evaluaciones genéticas de manera regular para más de 10 razas ovinas (CONARGEN 2016). En estas evaluaciones genéticas, las características de crecimiento han sido las más analizadas, debido a su importancia económica, fácil registro de datos productivos y suficiente variabilidad genética aditiva para obtener progreso genético.

El progreso genético de una población puede obtenerse estimando la tendencia genética para la característica de interés, en la cual se evalúa el cambio obtenido por el proceso de selección a través de los años. La tendencia genética nos indica la dirección y la magnitud del cambio genético, con lo que les es posible a los criadores de animales de registro evaluar el progreso genético obtenido, y en su caso redefinir los objetivos de selección para maximizar el cambio genético (Farokhad et al. 2011; Mokhtari y Rashidi 2010; Roshanfekar 2014).

En México la ovinocultura de los últimos años ha cambiado la composición genética del rebaño nacional, con un incremento en la participación de ovinos de pelo, donde destacan las razas Katahdin, Dorper y Pelibuey, debido a su adaptación a diferentes ambientes y capacidad reproductiva (INIFAP 2013). En México no se han realizado estudios sobre tendencias genéticas de las poblaciones ovinas, por lo que se desconoce el impacto que han tenido las evaluaciones genéticas nacionales en el mejoramiento genético de las diferentes razas. Así, el objetivo de la presente investigación fue cuantificar las tendencias genéticas de las poblaciones ovinas de pelo de las razas Katahdin, Dorper y Pelibuey.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se utilizaron las bases de datos genealógicas y productivas de las razas Katahdin, Dorper y Pelibuey, proporcionadas por el Organismo de la Unidad Nacional de Ovinocultores. La información de pedigrí estuvo conformada por 69,782; 38,175; y 40,850 animales para las razas Katahdin, Dorper, y Pelibuey, respectivamente. Las características analizadas fueron el peso al nacimiento (PN, kg), registrado en las primeras 24 h de nacimiento del cordero; peso al destete (PD, kg), ajustado a 75 días; y ganancia diaria posdestete (GDP, g), entre el peso al destete y el peso a los 150 días. En el Cuadro 1 se presenta el número de registros productivos utilizados en la estimación de componentes de (co)varianza, parámetros y valores genéticos para las variables analizadas.



La estimación de parámetros genéticos y predicción de valores genéticos de los animales fueron realizados con el programa MTDFREML (Boldman et al. 1995); con modelos univariados (PN) y bivariados (PD con GDP). Los efectos fijos incluidos en los modelos fueron grupo contemporáneo, compuesto por rebaño, y año y época de nacimiento para PN, además del grupo de pesada al destete para PD; rebaño y grupo de pesada a los 150 días de edad para GDP. También se incluyeron, para todas las características, la combinación de sexo con número de corderos por parto y edad de la madre al parto como covariable lineal y cuadrática. El Cuadro 1 indica los componentes aleatorios de los modelos empleados en las diferentes características y los parámetros genéticos estimados.

Cuadro 1. Estadísticos descriptivos y parámetros genéticos de las variables analizadas.

Variable ^w	Estadísticos descriptivos				Modelo ^x	Parámetros genéticos ^y				
	No.	Prom.±DE	Mín.	Max.		h^2_d	h^2_m	r_{dm}	r_{dd}	c^2
<i>Katahdin</i>										
PN	52,649	3.86±0.95	1.10	6.60	DMC	0.16	0.08	-0.43		
PD	47,136	22.15±5.0	7.60	37.00	DMC	0.23	0.10	-0.40		
GDP	32,776	227.42±77.62	10.64	460.94	D	0.18			0.10	
<i>Dorper</i>										
PN	25,857	3.86±0.85	1.00	6.50	DMCP	0.14	0.04	-0.59		0.15
PD	22,403	24.82±5.36	5.66	42.07	DMCP	0.17	0.10	-0.45		0.11
GDP	17,854	213.27±73.84	10.64	451.61	D	0.22			0.08	
<i>Pelibuey</i>										
PN	25,129	2.96±0.62	1.00	4.90	DMC	0.18	0.14	-0.22		
PD	22,018	17.52±4.04	5.55	30.24	DMCP	0.20	0.09	-0.45		0.14
GDP	12,387	199.06±70.15	6.67	424.66	D	0.17			0.18	

^w PN: peso al nacimiento (kg), PD: peso al destete (kg), y GDP: ganancia diaria posdestete (g). ^x D: efectos genéticos directos; M: efectos genéticos maternos; C: covarianza entre efectos genéticos directos y maternos; P: efectos maternos de ambiente permanente. ^y h^2_d : heredabilidad directa; h^2_m : heredabilidad materna; r_{dm} : correlación genética entre efectos directos y maternos; c^2 : proporción de la varianza fenotípica por efectos maternos de ambiente permanente; r_{dd} : correlación genética entre efectos directos de PD y GDP.

Las tendencias fenotípicas y genéticas fueron estimadas con el procedimiento REG del programa SAS (SAS 2002), mediante regresión ponderada (por el número de animales) de los valores productivos y genéticos de los animales sobre los años de nacimiento, para las diferentes variables en cada raza.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las tendencias fenotípicas para las variables de crecimiento analizadas fueron positivas y significativas ($p < 0.05$) en las diferentes razas, excepto para PD en Dorper (Cuadro 2). La raza Katahdin registró los mayores incrementos fenotípicos en PN y GDP, y para esta última registró los mayores promedios para la mayoría de los años. Por su parte, la raza Pelibuey mostró los mayores cambios para PD, aunque los promedios fenotípicos fueron menores en las diferentes variables de crecimiento. Por el contrario, Dorper mostró cambios de baja magnitud en PN y GDP, pero con los mayores promedios fenotípicos.



Las tendencias genéticas estimadas para las razas de ovinos se presentan en la Figura 1 y Cuadro 3; con excepción de GDP en Dorper, todas fueron significativas ($p < 0.05$). Para PN directo (PNd), los cambios genéticos fueron positivos, Katahdin presentó el mayor valor de 12 g año^{-1} , lo que representa 0.30% de la media fenotípica; para las otras razas, los cambios genéticos fueron de baja magnitud ($< 0.10\%$ de la media fenotípica). Por otra parte, en PN materno (PNm), los cambios genéticos fueron bajos, cercanos a cero (entre -0.03 y 0.03% de la media fenotípica). Para PD directo (PDd), las tendencias genéticas fueron positivas, y Katahdin presentó un valor mayor (62 g año^{-1} ; 0.28%) que las otras razas ($< 0.01\%$), debido a la mayor ganancia genética en la segunda mitad del periodo de estudio. Por otra parte, el efecto materno de PD (PDM) en Katahdin y Pelibuey presentaron valores negativos, lo que fue diferente a lo estimado en Dorper, donde ambos efectos de PD presentan ganancias genéticas positivas. Para GDP, sólo las razas Katahdin y Pelibuey presentaron valores positivos significativos ($p < 0.05$).

Cuadro 2. Periodo de estudio y tendencias fenotípicas en razas ovinas de pelo en México.

Variable ^x	Katahdin		Dorper		Pelibuey	
	Periodo	$b \pm EE^z$	Periodo	$b \pm EE^z$	Periodo	$b \pm EE^z$
PN	2003-2016	$0.050 \pm 0.001^{***}$	2006-2016	$0.017 \pm 0.002^{***}$	2002-2016	$0.010 \pm 0.001^{***}$
PD	2003-2016	$0.063 \pm 0.006^{***}$	2006-2016	$0.015 \pm 0.012_{ns}$	2002-2016	$0.141 \pm 0.007^{***}$
GDP	2007-2016	$4.190 \pm 0.160^{***}$	2008-2016	$0.854 \pm 0.229^{***}$	2007-2016	$3.465 \pm 0.232^{***}$

^xPN: peso al nacimiento (kg año^{-1}), PD: peso al destete (kg año^{-1}), y GDP: ganancia diaria posdestete (g año^{-1}).

^z Coeficiente de regresión y su error estándar, y nivel de significancia: $*** p \leq 0.001$ y ns: no significativo.

Los estudios sobre tendencias genéticas en poblaciones ovinas se han realizado sólo para características de crecimiento, y principalmente en rebaños individuales bajo mejoramiento genético (núcleos) de razas nativas en Irán (Baneh y Ahmadpanah 2018; Gholizadeh y Ghafouri-Kesbi 2017; Mohammadi et al. 2013), en grupos de rebaños de registro en India con Madras Red (Arthy et al. 2018; Balasubramanyam et al. 2012), y en menor cantidad con rebaños de registro para razas transfronterizas como en Brasil con Santa Inés (Aguirre et al. 2016), y en Sudáfrica con Dorper (Zishiri et al. 2013), y Dormer e Ile de France (Zishiri et al. 2010).

Cuadro 3. Tendencias genéticas en razas ovinas de pelo en México.

Variable ^w	Katahdin (2000-2016)		Dorper (2002-2016)		Pelibuey (2000-2016)	
	$b \pm EE^z$	$\Delta G^x(\%)$	$b \pm EE^z$	$\Delta G^x(\%)$	$b \pm EE^z$	$\Delta G^x(\%)$
PNd	$0.012 \pm 0.0001^{***}$	0.301	$0.002 \pm 0.0001^{***}$	0.062	$0.001 \pm 0.0001^{***}$	0.044
PNm	$-0.001 \pm 0.0001^{***}$	-0.015	$-0.001 \pm 0.0001^{***}$	-0.027	$0.001 \pm 0.0001^{***}$	0.025
PDd	$0.062 \pm 0.0010^{***}$	0.279	$0.009 \pm 0.0010^{***}$	0.037	$0.011 \pm 0.0005^{***}$	0.065
PDM	$-0.020 \pm 0.0004^{***}$	-0.092	$0.007 \pm 0.0010^{***}$	0.026	$-0.008 \pm 0.0003^{***}$	-0.044
GDP	$0.285 \pm 0.0060^{***}$	0.125	$0.010 \pm 0.010_{ns}$	0.005	$0.146 \pm 0.0060^{***}$	0.073

^w PNd: peso al nacimiento directo (kg año^{-1}), PNm: peso al nacimiento materno (kg año^{-1}), PDd: peso al destete directo (kg año^{-1}), PDM: peso al destete materno (kg año^{-1}), y GDP: ganancia diaria posdestete (g año^{-1}). ^x ΔG : ganancia genética anual como porcentaje de la media fenotípica. ^z Coeficiente de regresión y su error estándar, y nivel de significancia: $* p \leq 0.05$, $*** p \leq 0.001$ y ns: no significativo.



Para la característica de PN, valores altos están asociados con la incidencia de problemas al parto (Zishiri et al. 2010); en este sentido, varios estudios han reportado tendencias genéticas para PN cercanas a cero con Ile de France (Zishiri et al. 2010), Zandi (Khojastehkey y Aslaminejad 2013), Baluchi (Gholizadeh y Ghafouri-kesbi 2015) y Madras Red (Balasubramanyam et al. 2012); e incluso negativas para la raza de pelo Santa Inés (-1.1 g año^{-1} ; Aguirre et al. 2016), Sardi ($-1.12 \pm 0.18 \text{ g año}^{-1}$; Boujenane y Diallo 2017) y Dormer ($-2.1 \pm 1.0 \text{ g año}^{-1}$; Zishiri et al. 2010). También se reportan tendencias genéticas similares a las encontradas en Pelibuey y Dorper, con razas nativas como Madras Red ($1.5 \pm 0.0 \text{ g año}^{-1}$; Arthy et al. 2018), Moghani ($1.63 \pm 0.51 \text{ g año}^{-1}$; Hossein-Zadeh 2012), Arman ($2.0 \pm 0.39 \text{ g año}^{-1}$; Farokhad et al. 2011), Kermani ($2.0 \pm 0.44 \text{ g año}^{-1}$; Mokhtari y Rashidi 2010) y Ghezel ($2.34 \pm 0.84 \text{ g año}^{-1}$; Baneh y Ahmadpanah 2018). Aunque Kariuki et al. (2010) reportan ganancias genéticas altas para Dorper en Kenia y Roshanfekar (2014) con Arabi de 6.0 g año^{-1} , y Mohammadi et al. (2013) con Makooei de hasta $8.5 \pm 2.0 \text{ g año}^{-1}$, estos valores altos aún son menores que el estimado con Katahdin en este estudio.

Para el efecto materno de PN, los valores obtenidos en este estudio fueron menores que los reportados para otras poblaciones. En razas nativas de Irán reportan valores positivos bajos (Baneh y Ahmadpanah 2018; Hossein-Zadeh 2012; Mokhtari y Rashidi 2010), e incluso de hasta 5.0 g año^{-1} para Arabi (Roshanfekar 2014) y $7.1 \pm 2.0 \text{ g año}^{-1}$ para Makooei (Mohammadi et al. 2013). El PD es una medida del potencial de crecimiento del cordero (PDd) y de las cualidades maternas de la oveja (PDM). Los resultados para PDd se encuentran en el rango de los publicados en diversos estudios. Algunos valores menores (7.0 g año^{-1}) fueron reportados para razas Baluchi (Gholizadeh y Ghafouri-kesbi 2015) y Arman (Farokhad et al. 2011). Ganancias de magnitud media (entre 20 a 50 g año^{-1}) se han reportado en rebaños núcleo como Arabi (Roshanfekar 2014), Zandi (Khojastehkey y Aslaminejad 2013) y Ghezel (Baneh y Ahmadpanah 2018), y en rebaños de registro como Madras Red (Arthy et al. 2018), Santa Inés (Aguirre et al. 2016) y Dormer (Zishiri et al. 2010). Sin embargo, también se han reportado ganancias genéticas mayores que las estimadas en este estudio para Katahdin (61.75 g año^{-1}), en poblaciones como Makooei ($67.4 \pm 5.0 \text{ g año}^{-1}$; Mohammadi et al. 2013), Moghani ($69.2 \pm 9.8 \text{ g año}^{-1}$; Hossein-Zadeh 2012), Madras Red ($72.9 \pm 26.4 \text{ g año}^{-1}$; Balasubramanyam et al. 2012), y con Dorper en Sudáfrica ($73 \pm 4.0 \text{ g año}^{-1}$; Zishiri et al. 2013) y Kenia (96 g año^{-1} ; Kariuki et al. 2010); e incluso hasta de $125 \pm 18 \text{ g año}^{-1}$ con Kermani (Mokhtari y Rashidi 2010) y $344.5 \pm 20.0 \text{ g año}^{-1}$ con Ile de France (Zishiri et al. 2010).

Para el efecto materno de PD, se han reportado ganancias genéticas principalmente positivas, mayores que las obtenidas en Dorper (6.6 g año^{-1}) para poblaciones nativas de Irán: Arman ($7.0 \pm 0.61 \text{ g año}^{-1}$; Farokhad et al. 2011), Arabi (15.0 g año^{-1} ; Roshanfekar 2014), Ghezel ($17.05 \pm 1.61 \text{ g año}^{-1}$; Baneh y Ahmadpanah 2018) y Moghani ($49.2 \pm 6.7 \text{ g año}^{-1}$; Hossein-Zadeh 2012). También se han publicado valores cercanos a cero en rebaños de registro Santa Inés (-0.06 g año^{-1} ; Aguirre et al. 2016), y negativos en Dorper ($-26.0 \pm 4.0 \text{ g año}^{-1}$; Zishiri et al. 2013). Este componente materno es especialmente importante para razas de tipo materno como Pelibuey, usada en cruzamientos con otras razas para generar animales más productivos (Aguilar-Martínez et al. 2017).

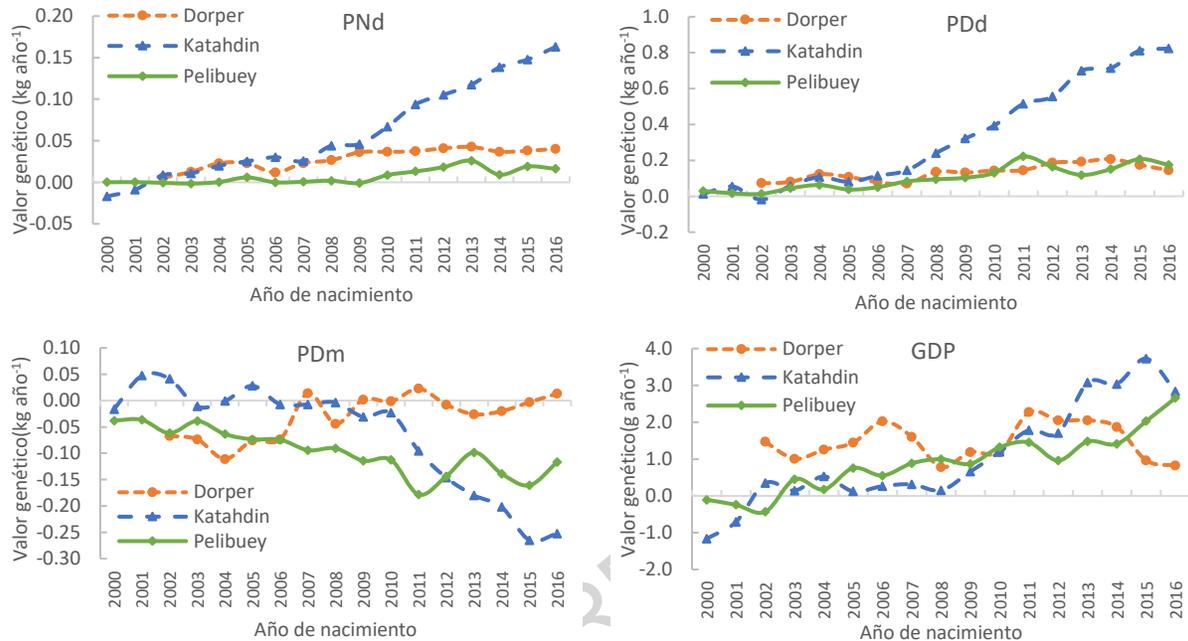


Figura 1. Tendencias genéticas para peso al nacimiento directo (PNd), peso al destete directo (PDd), peso al destete materno (PDm), y ganancia diaria postdestete (GDP) en razas ovinas de pelo en México.

La GDP es un indicador del potencial genético del animal para velocidad de crecimiento durante la engorda, siendo de mayor relevancia en su selección en las razas de tipo paterno. Para GDP se reportan desde ganancias negativas para Dorper (-0.058 ± 0.035 g año⁻¹; Zishiri et al. 2013), positivas bajas con Baluchi (0.03 g año⁻¹; Gholizadeh y Ghafouri-Kesbi 2017) y Madras Red (0.139 ± 0.024 g año⁻¹; Arthy et al. 2018); e incluso mayores a las estimadas en Katahdin de este estudio (0.285 g año⁻¹) con 0.6 g año⁻¹ en rebaños de registro Santa Inés (Aguirre et al. 2016). Así, la raza Katahdin registró ganancias genéticas considerables para PNd, PDd y GDP, indicando que la selección para características de crecimiento ha sido efectiva, orientada a una línea paterna. Sin embargo, también se registraron considerables cambios no deseables en PNd y PDm; por lo que es importante tomar acciones para evitar futuros problemas al parto y deterioro de la habilidad materna. Para la raza Dorper, considerada como raza paterna, los esfuerzos en selección no se han enfocado en el crecimiento de los corderos (PDd y GDP). Por su parte, en Pelibuey se aprecian cambios positivos de baja magnitud para PDd y GDP, aunque se observan reducciones de PDm, lo que demerita a dicha raza materna.

CONCLUSIONES

En general, las tendencias genéticas de las razas ovinas estudiadas fueron positivas pero de baja magnitud para los efectos directos de las características de crecimiento, y altas en Katahdin, especialmente en los años recientes. Lo anterior refleja la efectividad de la selección aplicada en los rebaños para estas características y el espacio amplio para el mejoramiento genético de las razas estudiadas. Sin embargo, también se encontraron algunos cambios genéticos en la dirección incorrecta para los efectos maternos de PD.



AGRADECIMIENTOS

Se agradece al Organismo de la Unidad Nacional de Ovinocultores por las facilidades para acceder a las bases de datos utilizadas para este estudio.

LITERATURA CITADA

- Aguilar-Martínez, C. U., Berruecos-Villalobos, J. M., Espinoza-Gutiérrez, B., Segura-Correa, J. C., Valencia-Méndez, J., & Roldán-Roldán, A. (2017). Origen, historia y situación actual de la oveja Pelibuey en México. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 20(3), 429–439.
- Aguirre, E. L., Mattos, E. C., Eler, J. P., Barreto Neto, A. D., & Ferraz, J. B. (2016). Estimation of genetic parameters and genetic changes for growth characteristics of santa ines sheep. *Genetics and Molecular Research*, 15(3), 1–12. <https://doi.org/10.4238/gmr.15038910>
- Arthy, V., Venkataramanan, R., Sivaselvam, S. N., Sreekumar, C., & Balasubramanyam, D. (2018). Genetic evaluation of growth in farmers' flocks of Madras Red sheep under long-term selection in a group breeding scheme. *Tropical Animal Health and Production*, 50(7), 1463–1471. <https://doi.org/10.1007/s11250-018-1581-z>
- Balasubramanyam, D., Raja, T. V., Kumarasamy, P., & Sivaselvam, S. N. (2012). Estimation of Genetic Parameters and Trends for body weight traits in Madras Red sheep. *Indian Journal of Small Ruminants*, 18(2), 173–179.
- Baneh, H., & Ahmadpanah, J. (2018). Genetic evaluation of body weight traits in Iranian native Ghezel sheep. *Genetika*, 50(1), 275–284. <https://doi.org/10.2298/GENSR1801275B>
- Boldman, K. G., Kriese, L. A., Van Vleck, L. D., Van Tassell, C. P., & Kachman, S. D. (1995). A manual for use of MTDFREML: A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. *Lincoln: Agricultural Research Service*.
- Boujenane, I., & Diallo, I. T. (2017). Estimates of genetic parameters and genetic trends for pre-weaning growth traits in Sardi sheep. *Small Ruminant Research*, 146, 61–68. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2016.12.002>
- CONARGEN. (2016). Página Principal. Retrieved December 10, 2016, from [www://conargen.mx](http://www.conargen.mx)
- Dangar, N., & Pravin, V. (2018). Reliable methods of estimation of genetic, phenotypic and environmental trend for production traits in gir cattle. *Indian Veterinary Journal*, 95(3), 35–39.
- Farokhad, M. L., Roshanfekar, H., Amiri, S., Mohammadi, K., & Mirzadeh, K. (2011). Genetic Trends Estimation for Some of the Growth Traits in Arman Sheep. *Journal of Animal and Veterinary Advances*. <https://doi.org/10.3923/javaa.2011.1801.1803>
- Gholizadeh, M., & Ghafouri-kesbi, F. (2015). Estimation of genetic parameters for growth-related traits and evaluating the results of a 27-year selection program in Baluchi sheep. *Small Ruminant Research*, 130, 8–14. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2015.07.032>
- Gholizadeh, M., & Ghafouri-Kesbi, F. (2017). Genetic analysis of average daily gain in Baluchi sheep. *Meta Gene*, 13(May), 119–123. <https://doi.org/10.1016/j.mgene.2017.05.009>
- Hossein-Zadeh, N. G. (2012). Bayesian estimates of genetic changes for body weight traits of Moghani sheep using Gibbs sampling. *Tropical Animal Health and Production*, 44, 531–536. <https://doi.org/10.1007/s11250-011-9930-1>
- INIFAP, (Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias). (2013). *Producción Carne Ovina* (No. 5).



- Kariuki, C. M., Ilatsia, E. D., Kosgey, I. S., & Kahi, A. K. (2010). Direct and maternal (co)variance components, genetic parameters and annual trends for growth traits of Dorper sheep in semi-arid Kenya. *Tropical Animal Health and Production*, 42(3), 473–481. <https://doi.org/10.1007/s11250-009-9446-0>
- Khojastehkey, M., & Aslaminejad, A. A. (2013). Study of the environmental, genetic and phenotypic trends for pelt traits and body weight traits in Zandi sheep. *Journal of Applied Animal Research*, 41(3), 356–361. <https://doi.org/10.1080/09712119.2013.783480>
- Mohammadi, H., Shahrehabak, M. M., Vatankhah, M., & Shahrehabak, H. M. (2013). Direct and maternal (co)variance components, genetic parameters, and annual trends for growth traits of Makooei sheep in Iran. *Tropical Animal Health and Production*, 45(1), 185–191. <https://doi.org/10.1007/s11250-012-0190-5>
- Mokhtari, M. S., & Rashidi, A. (2010). Genetic trends estimation for body weights of Kermani sheep at different ages using multivariate animal models. *Small Ruminant Research*, 88(1), 23–26. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2009.11.003>
- Roshanfekar, H. (2014). Estimation of Genetic Parameters for Kleiber Ratio and Trends for Weight at Birth and Weaning in Arabi Sheep. *International Journal of Advanced Biological and Biomedical Research*, 2(11), 2830–2836.
- SAS. (2002). User's guide: statistics, version 9.1.3. Cary, NC: SAS Institute.
- Zishiri, O. T., Cloete, S. W. P., Olivier, J. J., & Dzama, K. (2010). Genetic trends in South African terminal sire sheep breeds. *South African Journal of Animal Science*, 40(5), 455–458.
- Zishiri, Oliver Tendayi, Cloete, S. W., Olivier, J. J., & Dzama, K. (2013). Genetic trends for objectively measured and subjectively assessed traits in a Dorper sheep flock. *Tropical Animal Health and Production*, 45(2), 517–524. <https://doi.org/10.1007/s11250-012-0251-9>

6. DISCUSIÓN GENERAL

La estimación de tendencias genéticas es una herramienta para la evaluación del progreso genético logrado en una población. Dado que la implementación de las evaluaciones genéticas (EG) en México requirió de recursos humanos, económicos y logísticos entre las asociaciones de criadores, sector gubernamental e instituciones de investigación, es de gran relevancia evaluar su desempeño; y en su caso, implementar las medidas necesarias de redirección.

En México, los estudios en genética animal han generado en los últimos años el conocimiento necesario para el diseño e implementación de programas de mejoramiento genético. Sin embargo, se requiere de mayor vinculación entre investigadores y criadores, con el fin de generar bases de datos completas y confiables para el estudio de otras características de importancia económica como fertilidad, longevidad, resistencia a enfermedades y calidad (en leche y carne), y su incorporación en programas de mejoramiento genético mediante índices de selección.

En las poblaciones bovinas lecheras estudiadas el progreso genético ha sido limitado, con reducciones después del inicio de las EG nacionales, por lo que éstas no han tenido un impacto positivo determinante. Por su parte, en las poblaciones para carne y ovinos de pelo, aunque los resultados muestran progresos genéticos de baja magnitud para las variables de crecimiento, registran mayores ganancias genéticas después de las EG nacionales, por lo que muestran cierto impacto en el progreso genético de las poblaciones ovinas estudiadas. Así, en general, las EG nacionales no han tenido un impacto determinante en las poblaciones de ovinos y bovinos de México evaluadas en este estudio, por lo que aun presentan ciertas áreas de mejora.

La EG es una herramienta efectiva para identificar objetivamente los mejores individuos de una población; sin embargo, un programa de mejoramiento genético debería incluir además otras estrategias para lograr el mejor uso de esos individuos como progenitores. En varias de las poblaciones estudiadas se

encontraron hatos con objetivos de selección diferentes para la mayoría de los criadores de la raza; por lo que se requiere una definición clara de objetivos y criterios de selección, consensuados y pertinentes con las tendencias del mercado de los productos de origen animal.

Es importante también considerar una estrategia efectiva para diseminar los animales de mayor valor genético, identificados en las EG nacionales, haciendo uso de las rutas de selección paternas para aprovechar la mayor intensidad de selección que se puede aplicar.

Dada la disponibilidad y uso de material genético importado de calidad, es importante continuar la estrategia de mejoramiento nacional con el fin de, además de reducir la dependencia tecnológica, poder comparar el material genético importado y poder complementar la selección local de manera estratégica.

Por lo anterior, es necesario replantear el programa nacional de mejoramiento genético de las poblaciones bovinas precisando las características a incluir como criterio de selección, con la participación conjunta y vinculada de todos los actores involucrados, generando la confianza en las EG nacionales; además, se requiere de la capacitación sobre las diferentes herramientas de mejoramiento genético, para que los criadores de ganado de registro tomen conciencia sobre el papel que juegan en el mejoramiento genético de la ganadería del país. Con lo anterior, es posible potenciar el impacto de las EG en las poblaciones ganaderas nacionales.