

01673



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MEXICO**

**FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA  
DIVISION DE ESTUDIOS DE POSGRADO E INVESTIGACION**

**CONECTIVIDAD EN LA EVALUACION GENETICA DE GANADO  
DE DOBLE PROPOSITO EN MEXICO Y UTILIZACION DE  
SEMENTALES DE REFERENCIA EN LOS PROGRAMAS  
DE MEJORAMIENTO**

**T E S I S**

**QUE PARA OBTENER EL GRADO DE  
MAESTRO EN PRODUCCION ANIMAL**

PRESENTA

**OSCAR GUILLERMO CASTAÑEDA MARTINEZ**

ASESOR

**PhD. FELIPE DE JESUS RUIZ LOPEZ**



MEXICO, D.F.

1997

**TESIS CON  
FALDA DE CARMEN**



Universidad Nacional  
Autónoma de México



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

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

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

El autor da consentimiento a la División de Estudios de Posgrado e Investigación de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Nacional Autónoma de México para que la Tesis esté disponible para cualquier tipo de reproducción e intercambio bibliotecario.

**Oscar Guillermo Castañeda Martínez**

---

Nombre y Firma del Autor

## **DEDICATORIAS**

**A mi esposa Olga,**  
por todo su amor y apoyo incondicional.  
Te amo.

**A mis hijos Adriana y Oscar Guillermo,**  
que son el motivo principal de mi existencia.

**A mi Madre y a mi Padre,**  
por todo el amor, consejos y apoyo  
que me han brindado.

**A mis hermanos: Javier, Adriana  
y Jesús a quienes quiero entrañablemente.**

## **AGRADECIMIENTOS**

### **A DIOS:**

por permitirme realizar una meta más,  
pues con su ayuda todo ha sido posible.  
Gracias Señor.

### **A mi asesor:**

Dr. Felipe de Jesús Ruiz López  
por su amistad, apoyo y consejos.

### **A mi jurado:**

Dr. Pedro Ochoa Galván  
Dr. Carlos Vásquez Peláez  
Dr. Carlos Sosa Ferreyra  
Dr. Rafael Nuñez Domínguez  
Dr. Felipe de Jesús Ruiz López

por los conocimientos brindados  
y sus consejos. Gracias.

**A la División de Estudios de Posgrado e Investigación  
de la FMVZ-UNAM, por la oportunidad brindada.**

**Al Campo Experimental "La Posta"-INIFAP  
por el apoyo brindado.**

## C O N T E N I D O

	PAGINA
RESUMEN	viii
1. INTRODUCCION	1
2. REVISION DE LITERATURA	4
2.1 REVISION DE LITERATURADEFINICION DE "DOBLE PROPOSITO"	4
2.2 MEJORAMIENTO GENETICO	4
2.3 EVALUACIONES GENETICAS Y CONECTIVIDAD	5
2.4 SEMENTALES DE REFERENCIA	8
2.5 MEJOR PREDICTOR LINEAL INSEGADO	10
2.6 CONECTIVIDAD Y PRECISION	12
2.7 METODOS CUALITATIVOS PARA DETERMINAR CONECTIVIDAD	14
2.7.1 Método Geométrico Simple	14
2.7.2 Algoritmo para Identificar todos los Subgrupos Conectados	16
2.8 METODOS CUANTITATIVOS PARA DETERMINAR CONECTIVIDAD	17
2.8.1 Flujo de Genes	17
2.8.2 Varianza de Deriva Genética	19
2.8.3 Estimadores de Varianza de las Diferencias de Efectos de Hato	20
3. OBJETIVO GENERAL	22
3.1 OBJETIVOS INTERMEDIOS	22

	<b>PAGINA</b>
<b>4. MATERIALES Y METODOS</b>	<b>23</b>
4.1 DEPURACION DE LA INFORMACION	27
4.2 DETERMINACION DE CONECTIVIDAD	30
4.2.1 Información	30
4.2.2 Métodos Cualitativos	31
4.2.3 Métodos Cuantitativos	32
4.3 EVALUACION DE ANIMALES	33
4.4 UTILIZACION DE SEMENTALES DE REFERENCIA	34
<b>5. RESULTADOS</b>	<b>37</b>
5.1 CALCULO DE FACTORES DE CORRECCION	37
5.2 DETERMINACION DE CONECTIVIDAD	39
5.2.1 Flujo de Genes	41
5.2.2 Varianza de Deriva Genética	42
5.2.3 Estimadores de Varianza de las Diferencias de Efectos de Hato	43
5.3 EVALUACION DE LOS SEMENTALES	43
5.4 UTILIZACION DE SEMENTALES DE REFERENCIA	44
<b>6. DISCUSION</b>	<b>50</b>
6.1 DETERMINACION DE CONECTIVIDAD Y EVALUACION DE ANIMALES	51
6.2 UTILIZACION DE SEMENTALES DE REFERENCIA	53

	<b>PAGINA</b>
7. CONCLUSIONES	59
8. LITERATURA CITADA	60

## LISTA DE CUADROS

		PAGINA
1	ESTRUCTURA DE LA BASE DE DATOS POR GRUPO GENETICO	24
2	NUMERO DE OBSERVACIONES, MEDIAS Y DESVIACION ESTANDAR PARA VARIABLES PRODUCTIVAS DE LOS REGISTROS EN ESTUDIO	25
3	GENOTIPO DE PADRES Y MADRES DE LOS ANIMALES EN LA BASE DE DATOS	26
4	SEMENTALES CLASIFICADOS DE ACUERDO A REGISTROS APORTADOS	27
5	NUMERO DE OBSERVACIONES POR GENOTIPO DEL ARCHIVO DEPURADO	28
6	NUMERO DE OBSERVACIONES, MEDIAS Y DESVIACION ESTANDAR PARA VARIABLES PRODUCTIVAS DE LOS REGISTROS EN EL ARCHIVO DEPURADO	29
7	SEMENTALES CLASIFICADOS DE ACUERDO A REGISTROS APORTADOS EN EL ARCHIVO DEPURADO	30
8	ANALISIS DE VARIANZA PARA LOS EFECTOS DE NUMERO DE PARTO (NUMPARTO), EPOCA DE PARTO (EPOCA) Y SU INTERACCION, CON LA COVARIABLE DE DIAS EN PRODUCCION (DIASL) Y DIAS EN PRODUCCION AL CUADRADO (DIASLC) PARA LA VARIABLE PRODUCCION DE LECHE POR LACTANCIA	35
9	ANALISIS DE VARIANZA PARA LOS EFECTOS DE NUMERO DE PARTO (NUMPARTO) Y EPOCA DE PARTO (EPOCA), CON LA COVARIABLE DE DIAS EN PRODUCCION (DIASL) Y DIAS EN PRODUCCION AL CUADRADO (DIASLC) PARA LA VARIABLE PRODUCCION DE LECHE POR LACTANCIA	35
10	ANALISIS DE VARIANZA PARA LOS EFECTOS DE HATO-AÑO (HA) Y GRUPO GENETICO (GG), CON LA COVARIABLE DE DIAS EN PRODUCCION (DIASL) Y DIAS EN PRODUCCION AL CUADRADO (DIASLC) PARA LA VARIABLE PRODUCCION DE LECHE POR LACTANCIA	36

	<b>PAGINA</b>
11 FACTORES DE CORRECCION PARA PRODUCCION DE LECHE POR LACTANCIA PARA LOS EFECTOS DE NUMERO DE PARTO Y EPOCA DE PARTO	38
12 MEDIAS DE CUADRADOS MINIMOS PARA PRODUCCION DE LECHE POR LACTANCIA PARA LOS EFECTOS DE NUMERO DE PARTO Y EPOCA DE PARTO	39
13 GRUPOS DE HATOS-AÑO CONECTADOS DE ACUERDO AL METODO GEOMETRICO SIMPLE (SEARLE, 1987)	40
14 GRUPOS DE HATOS-AÑO CONECTADOS DE ACUERDO AL ALGORITMO PROPUESTO POR FERNANDO <u>et al.</u> (1982)	41
15 RANGO Y MEDIA PARA EL VALOR GENETICO ESTIMADO, EL ERROR ESTANDAR DE PREDICCION Y LA CORRELACION ENTRE EL VALOR GENETICO ESTIMADO Y EL VERDADERO DE LOS SEMENTALES	44
16 VALORES Y PORCENTAJES DE CONECTIVIDAD RECALCULADOS DESPUES DE LA SIMULACION DE LOS SEMENTALES DE REFERENCIA	45
17 VALOR GENETICO PROMEDIO, RANGO Y DESVIACION ESTANDAR PARA LOS SEMENTALES EN ESTUDIO SIN Y CON SIMULACION DE SEMENTALES DE REFERENCIA	46
18 PROMEDIO Y RANGO DEL ERROR ESTANDAR DE PREDICCION PARA EL VGE DE LOS SEMENTALES EN ESTUDIO SIN Y CON SIMULACION DE SEMENTALES DE REFERENCIA	47
19 CORRELACION PROMEDIO ENTRE EL VALOR GENETICO ESTIMADO Y EL VALOR REAL, RANGO Y DESVIACION ESTANDAR PARA LOS SEMENTALES DEL ESTUDIO SIN Y CON SIMULACION DE SEMENTALES DE REFERENCIA	49

## RESUMEN

**Castañeda Martínez Oscar Guillermo. CONECTIVIDAD EN LA EVALUACION GENETICA DE GANADO DE DOBLE PROPOSITO EN MEXICO Y UTILIZACION DE SEMENTALES DE REFERENCIA EN LOS PROGRAMAS DE MEJORAMIENTO. Bajo la dirección del PhD. Felipe de Jesús Ruiz López.**

El objetivo del estudio fue estimar el grado de conectividad entre unidades de manejo de doble propósito y su posible efecto sobre las evaluaciones genéticas del ganado, así como determinar las ventajas comparativas de la utilización de sementales de referencia en los programas de mejoramiento. Se utilizó la información de 3101 lactancias completas de diferentes grupos raciales, provenientes de 102 ranchos de doble propósito ubicados en el Estado de Veracruz. Para determinar la existencia de conectividad se usaron el método geométrico simple (MGS) y un algoritmo para identificar todos los subgrupos conectados (APF). El grado de conectividad se estimó mediante los métodos: flujo de genes (FG), varianza de deriva genética (VDG) y el de estimadores de varianzas y covarianzas de las diferencias de los efectos de hato (EVDE). La evaluación de los sementales se realizó utilizando un modelo semental mediante BLUP. Las alternativas de utilización de sementales de referencia se examinaron simulando 1 semental de referencia con 3 hijas (SEMEN13) en cada grupo de manejo, 1 semental con 5 hijas (SEMEN15), 3 sementales con 3 hijas (SEMEN33) y 3 sementales con 5 hijas (SEMEN35), generándose 4 poblaciones adicionales a la original (POBOR). En todas las poblaciones se calcularon las medidas de conectividad y se estimaron los valores genéticos de los sementales (VG), así como los errores estándar de predicción promedio (EEP) y el promedio de las correlaciones entre el valor genético estimado y el verdadero (COR). El 70% de las unidades de manejo resultaron conectadas de acuerdo al MGS y APF. Los valores para la conectividad estimada por FG y el de VDG fueron 114 y 13.87 lo que representó un 49 y un 62% de conectividad respectivamente, el estimador para EVDE fue  $34.4668\sigma^2$ . El VG promedio para producción de leche para los sementales locales fue 0.0 con un EEP de 0.90 y una COR de 0.36. Al relacionar genéticamente el 100% de los hatos mediante la simulación de hijas de sementales de referencia, el grado de conectividad de acuerdo a FG, VDG y EVDE aumentó considerablemente, resultando también en un aumento en la precisión de la estimación del VG. La reducción en el EEP y el aumento en la COR entre POBOR y SEMEN35 fue de 5 y 36% respectivamente. El mayor cambio tanto en el aumento de la conectividad como en la precisión de las estimaciones se dio entre POBOR y SEMEN13. De acuerdo con los resultados obtenidos, se concluye que la utilización de sementales de referencia en un esquema de mejoramiento genético basado en la selección de los animales por su VG aditivo aumentaría la precisión de las evaluaciones.

## 1. INTRODUCCION

Durante los últimos años, la producción de leche en México o no ha crecido al ritmo de la demanda o simplemente se ha reducido. De 7.2 millones de toneladas en 1985, se redujo a sólo 5.6 millones de toneladas en 1989. De 1990 a 1993 hubo un incremento anual promedio de alrededor del 5%, llegando la producción a 7.6 millones de toneladas de leche en 1996<sup>1</sup>.

Sin embargo, considerando el consumo nacional de leche que ha sido del orden de los 9 millones de toneladas en los últimos 5 años, la producción nacional de leche no alcanza a cubrir la demanda de los habitantes del país. Para solventar este déficit se ha tenido que importar leche de otros países, estas importaciones representaron en 1992 594 millones de dólares, en 1993 629 mill., en 1994 522 mill., en 1995 390 mill. y en 1996 533 millones de dólares<sup>1</sup>.

Se considera que la solución del problema de producción de leche puede alcanzarse en un mediano o largo plazo si, además de eficientizar los sistemas especializados de producción ubicados en el altiplano, se tecnifican los sistemas tropicales de doble propósito que se localizan en los trópicos seco y húmedo (Villegas y Román, 1986; Vaccaro et al., 1996). Estos sistemas de producción se caracterizan principalmente porque las vacas, además de producir leche, crían directamente a sus becerros, los animales son en su gran mayoría producto de la cruce en diferentes proporciones de razas europeas y cebuinas, las vacas se

---

<sup>1</sup> Fuente:            1985-1989    Dirección General de Estudios, Información y Estadística Sectorial.  
                          1990-1994    Dirección General de Información Agropecuaria, Forestal y de la Fauna Silvestre.  
                          1995-1996    Centro de Estadística Agropecuaria, SAGAR.

ordeñan con el apoyo del becerro y la alimentación se realiza básicamente en pastoreo.

El trópico mexicano alberga aproximadamente el 36% del inventario nacional bovino (12'000,000 de cabezas). En esta región se produce alrededor del 39% de la carne en canal y el 28% de la leche de bovino del país, siendo producida la mayor parte de la leche y gran parte de la carne por las 3'900,000 vacas que se mantienen en esta región bajo el sistema de doble propósito.

Otra de las características de estos sistemas de producción es el pobre comportamiento productivo de sus animales, por lo que contribuyen en forma importante a la producción nacional más por el número de cabezas que por el volumen de producción. En general, la productividad animal en las zonas tropicales es inferior a la obtenida con animales manejados en sistemas especializados en clima templado (Lobo et al., 1984; Syrstad, 1990).

Uno de los factores que más limita el desarrollo de los bovinos de doble propósito es su bajo potencial genético (Teodoro et al., 1984; Thorpe et al., 1993). A diferencia de la ganadería lechera especializada donde la inseminación artificial está suficientemente extendida para permitir pruebas de progenie en machos y por lo tanto un rápido progreso genético en la población, en la ganadería de doble propósito donde los hatos son pequeños y aislados genéticamente, se hace necesario seleccionar a los sementales utilizados en monta natural para obtener un avance genético razonable; esto requiere de un sistema de evaluación y comparación de sementales efectivo, basado en un eficiente programa de registro.

Sin embargo, una de las principales limitantes para obtener una ventaja completa de los datos obtenidos es el insuficiente uso de sementales comunes en

varios hatos. Si la selección se hace entre diferentes hatos la seguridad de la evaluación genética y por lo tanto de la selección, se ven afectadas por el grado de conectividad genética entre hatos (Foulley *et al.*, 1990). Los errores en la selección son generalmente grandes cuando los hatos están poco conectados o no lo están (Kennedy y Trus, 1993).

El objetivo de este estudio es el de conocer el grado de conectividad existente entre las explotaciones de doble propósito y calcular el impacto de éste sobre las evaluaciones genéticas de los animales con el fin de aumentar la seguridad al identificar animales superiores a través de grupos de manejo.

## **2. REVISION DE LITERATURA**

### **2.1 DEFINICION DE "DOBLE PROPOSITO"**

El término "doble propósito" ha sido definido como la producción simultánea de leche (extraída directamente de la vaca) y carne derivada de la venta de becerros, vaquillas, toros y vacas de desecho (Vaccaro y López, 1995).

Es un hecho que el término por sí mismo no especifica connotación alguna de acuerdo al nivel o intensidad del sistema, el genotipo del animal o las prácticas de manejo utilizadas. Sin embargo, los sistemas de doble propósito en el trópico mexicano están caracterizados por el uso de baja o moderada tecnología, alimentación basada ampliamente en pastos bajos en proteína, animales generalmente cruzados con grados variables de cebú, criollo y razas europeas. Usualmente las vacas son ordeñadas a mano en presencia del becerro por lo que el amamantamiento puede decirse que es restringido y los machos generalmente no son finalizados en el rancho.

### **2.2 MEJORAMIENTO GENETICO**

El problema genético se ha intentado resolver con el cruzamiento de razas cebuñas y/o criollas con razas lecheras especializadas como Holstein y Suizo Pardo y a través de la formación de razas sintéticas a partir de éstas y otras razas europeas. Kropf y Chacko (1992) consideran que la última alternativa mencionada es quizá la mejor forma de resolver el problema del mejoramiento genético de los bovinos de estos sistemas tropicales.

El cruzamiento de razas lecheras Europeas *Bos taurus* con ganado *Bos indicus* es un método bien documentado para mejorar la producción de leche en los trópicos (Cunningham y Syrstad, 1987). El cruzamiento optimiza los efectos genéticos aditivos y no aditivos (heteróticos) de ganado *Bos taurus* y *Bos indicus* en sistemas de crianza sostenibles (Gregory y Cundiff, 1980). Syrstad (1990) revisó estudios de cruzamiento que comparaban cruza F1 entre razas Cebú y razas europeas y retrocruzas hacia la misma raza europea (50 vs 75%). El promedio de producción de leche por lactancia fluctuó entre 1,500 a 2,800 Kg, las F1 y las retrocruzas tuvieron similares producciones de leche, indicando con esto que cambios en la proporción de las cruza no importaban dentro del rango establecido (50 a 75%) y que no había ventaja para las retrocruzas. Sin embargo, es necesario mayor información del comportamiento de las razas mencionadas y sus cruza, de parámetros genéticos y de un modo especial información sobre evaluaciones genéticas del ganado de doble propósito hasta ahora inexistentes a fin de diseñar o definir estrategias y sistemas apropiados que permitan la utilización económica de recursos genéticos en las zonas tropicales (Dickerson, 1973; Thorpe et al., 1993).

### **2.3 EVALUACIONES GENÉTICAS Y CONECTIVIDAD**

La expresión fenotípica de una característica está en función del genotipo del animal y la influencia ambiental. Algunas de estas influencias ambientales pueden ser identificables, tales como la unidad de manejo en la cual el animal fue criado (hato, rebaño, etc.), pero otras no. La evaluación genética identifica las partes de la expresión de las características fenotípicas de los animales en causas genéticas, de manejo y otras causas ambientales.

Para poder evaluar genéticamente a los animales y efectuar comparaciones válidas entre unidades de manejo se requiere que éstas (en nuestro caso unidades hato-año) se encuentren conectadas a través de ancestros comunes ya que el tener genes en común permite la identificación de efectos medio ambientales propios de cada grupo de manejo y con esto la separación de los efectos genéticos de los efectos medio ambientales. Cuando se iguala el promedio de cada grupo de manejo a cero, la comparación de animales en diferentes grupos de manejo se hace posible aunque no existan genes en común entre los grupos, pero la eficiencia de la evaluación genética es baja (Kennedy and Trus, 1993).

En poblaciones de ganado lechero especializado, en las cuales existe un amplio uso de la inseminación artificial (IA), los hatos tienden a estar genéticamente bien conectados como resultado del uso frecuente de relativamente pocos sementales. Generalmente éste no es el caso en ganado de carne, borregos y ganado de doble propósito, ya que la IA se utiliza menos frecuentemente, el tamaño de las unidades de producción es habitualmente más pequeño y los hatos suelen estar genéticamente aislados unos de otros.

La conectividad genética puede ser difícil de cuantificar y las implicaciones de que exista o no, no están bien entendidas. Algunas de las implicaciones dependen de los supuestos hechos, originados por el modelo propuesto para la evaluación genética.

La estimación de diferencias genéticas entre animales (valores genéticos, VG) se pueden calcular por la comparación del rendimiento individual con el rendimiento promedio de contemporáneos. Los valores de cría o genéticos, por lo tanto son expresados en relación a la media genética de los contemporáneos.

Los VG de los animales no pueden ser observados, pero pueden ser estimados por observaciones fenotípicas sobre un animal y sus parientes. Una estimación real requiere que el modelo matemático sea una representación verdadera del rendimiento animal y que estén disponibles estimadores precisos de parámetros necesarios (heredabilidades, correlaciones genéticas y fenotípicas y desviaciones estándar). Cuando el VG obtenido es un estimador del mérito genético del animal relativo a la media genética del grupo de manejo, estos valores no son comparables a través de los años o a través de los hatos porque el rendimiento individual es una desviación de la media contemporánea. Esto es, un estimador del nivel genético promedio del hato en un año dado no está disponible. En cualquier grupo de manejo el VG promedio será cero y los VG esperados máximo y mínimo serán de la misma magnitud año con año (Garrick, 1989).

Es posible obtener VG que sean comparables entre animales que sean manejados en distintos ambientes. Estos VG (que son a través de hatos) serán estimadores de la relación del nivel genético promedio del hato en un año dado más el nivel ambiental promedio del hato en un año dado. La diferencia básica en técnica computacional es que la media contemporánea es subdividida en los dos niveles mencionados.

Se requieren dos modificaciones para obtener VG que sean comparables a través de hatos y año:

- 1). Una técnica de análisis que pueda separar los componentes genético y ambiental de las medias contemporáneas de hato-año. Una técnica popular con esta propiedad es la conocida como Mejor Predictor Lineal Insesgado (Best Lineal Unbiased Predictor o BLUP). Este método es computacionalmente más intensivo que otros (Henderson, 1973).

- 2). Los genotipos relacionados necesitan ser representados en los diferentes ambientes. Cualquier relación o parentesco podría ser apropiado. Idealmente, uno podría usar clones genéticamente idénticos en cada ambiente para medir diferencias no genéticas. Sin clones, uno puede usar progenie repetida de un semental dado, suponiendo que cada animal (y el grupo de manejo en el que se encuentra) obtiene una mitad representativa de los genes del semental (Garrick, 1989).

#### **2.4 SEMENTALES DE REFERENCIA**

En el caso de sementales que tienen progenie en más de uno de los ambientes, como elemento principal de las relaciones (parentesco), los términos semental de enlace o semental de referencia son comúnmente usados. No es esencial que los animales de enlace sean sementales. Realmente, para hacer comparaciones entre años es posible hacer uso de la progenie repetida de madres que fueron cruzadas en más de un año. Sin embargo, las comparaciones entre hatos son más fáciles utilizando el parentesco paterno de medios hermanos (progenie del mismo semental usado en diferentes hatos). Es importante señalar que para el propósito de comparación a través de hatos no es requerimiento que el semental de enlace sea un animal "elite". El enlace tampoco necesita ser únicamente entre medios hermanos. Para establecer las relaciones entre los hatos pueden utilizarse embriones congelados, embriones frescos, semen congelado, semen fresco o apareamiento natural. Los enlaces no necesitan ser a través de todos los hatos en el mismo año sino podrían ser obtenidos a través de sementales usados en diferentes hatos en diferentes años (Garrick, 1989; Rae, 1989).

Hay varios problemas potenciales que podrían resultar en comparaciones no reales entre animales en diferentes grupos de manejo:

- 1). Insuficiente número de progenie para obtener una muestra representativa de la mitad de los genes de un semental de enlace. Esto puede ser superado por cruzamiento de más animales por cada semental de referencia. El número exacto requerido dependerá de varios factores, primordialmente la heredabilidad de la característica.
- 2). Tratamiento preferencial de algunos grupos de animales, particularmente si sólo ocurren en algunos años.
- 3). Selección diferencial de progenie de sementales.

Las tendencias genéticas pueden ser calculadas dentro de hato cualquiera utilizando BLUP y haciendo uso de los enlaces entre años generados por el uso repetido de madres (Henderson, 1973). Esto requiere un nivel de colección, registro y análisis de datos más sofisticado que el que se realiza con fines netamente de manejo del hato. Otra alternativa propuesta (Smith, 1962) es usar semen congelado de un semental (o sementales) usado previamente un número de años. Es recomendable la utilización de un semental de referencia con mérito promedio en lugar de un individuo "elite" ya que el mejoramiento en el rendimiento de la progenie de los sementales locales relacionado a la progenie del semental histórico proporciona un estimador de la mitad del mejoramiento genético logrado en los años transcurridos. La diferencia en rendimiento es sólo una medida de la mitad del progreso genético, porque las madres contribuyen exactamente con la mitad de sus genes a la progenie de los sementales de referencia (Falconer, 1989).

El uso de sementales de referencia y evaluaciones genéticas por BLUP permite la comparación de VG a través de hatos y años. Esta comparación es de suma utilidad ya que a diferencia del caso en el que los animales más sobresalientes están disponibles dentro de su propio hato (programas de mejoramiento de hato cerrado), con la identificación de animales superiores a través de unidades de manejo se abre la posibilidad de utilizar a estos animales sobresalientes en otros hatos e incrementar el diferencial de selección haciendo uso de animales superiores sin considerar el hato de origen.

## 2.5 MEJOR PREDICTOR LINEAL INSESGADO

Los procedimientos de Índice de Selección requieren el supuesto de que las medidas fenotípicas estén perfectamente ajustadas para todos los factores no genéticos excepto los efectos aleatorios ambientales permanente y temporal; es decir,  $x_i = y_i - \mu$ , donde  $y_i$  es la medida actual y  $\mu$  es una representación simbólica del ajuste por todos los factores fijos no genéticos, tales como los efectos de edad, año y de hato.

En muchas situaciones, los ajustes por los factores fijos deben ser estimados simultáneamente con la predicción de valores genéticos. Algunos ajustes, como por ejemplo por edad, pueden ser hechos a partir de estimadores obtenidos de un grupo de datos anterior o previo. Los efectos de otros factores fijos, sin embargo, pueden ocurrir cuando los registros se están generando, como por ejemplo, los efectos de año y hato, así que estimadores a priori de estos efectos no están disponibles para ajustar los registros.

Afortunadamente existe un procedimiento disponible para tales situaciones y que tiene muchas de las propiedades del índice de selección. Este procedimiento es el mismo que el índice de selección si todos los factores fijos son conocidos. El procedimiento de modelos mixtos fue derivado por C.R. Henderson en 1948.

El procedimiento es llamado Mejor Predictor Lineal Insesgado (BLUP, del inglés Best Linear Unbiased Predictor). Se define como "Mejor" porque minimiza la varianza del error de predicción por procedimientos que son insesgados y usan funciones lineales de los datos. El BLUP puede obtenerse simultáneamente con el Mejor Estimador Lineal Insesgado (BLUE) de efectos fijos de soluciones a ecuaciones que son frecuentemente llamadas ecuaciones de modelos mixtos de Henderson. Con las ecuaciones de modelos mixtos los predictores de, por ejemplo, valor genético aditivo automáticamente son ajustados por los factores fijos con tanta exactitud como los datos lo permitan (Van Vleck D., 1985).

Ambos procedimientos, BLUP e Índice de Selección, requieren el supuesto de que las varianzas y covarianzas genéticas y fenotípicas son conocidas. Las propiedades en común entre BLUP e Índice de Selección son:

- 1). Ambos son insesgados, el Índice de Selección es automáticamente insesgado, mientras que las soluciones del BLUP son forzadas a ser insesgadas.
- 2). Las varianzas de los errores de predicción son mínimas (dentro de la familia de predictores lineales son las bases para obtener las ecuaciones para ambos procedimientos).
- 3). La correlación entre la predicción ( $\hat{T}$ ) y el valor verdadero ( $T$ ),  $r_{\hat{T}T}$ , es máxima.

- 4). Si los datos y T siguen una distribución normal multivariada, entonces la predicción maximiza la probabilidad de un ordenamiento correcto.
- 5). Las predicciones son las mismas que con el Índice de Selección excepto que con BLUP para ajustar los registros se utilizan estimadores lineales insesgados (efectos fijos) y no los valores verdaderos como con el Índice de Selección.

## **2.6 CONECTIVIDAD Y PRECISION**

Como se mencionó anteriormente, la conectividad entre grupos de manejo afecta directamente la precisión y con esto la ganancia genética esperada. Kennedy y Trus (1993), examinaron conceptos de conectividad entre hatos y su relación con evaluación genética bajo un modelo semental. Cuando los sementales y los hatos son considerados como fijos, diferencias entre todas las comparaciones pareadas de sementales ( $S_i-S_j$ ) y hatos ( $h_i-h_j$ ) son estimables sólo cuando existe conectividad (Searle, 1987). Cuando los datos se encuentran desconectados, no todas las comparaciones son estimables.

En un sentido clásico, en el grupo de datos desconectados se pueden considerar los efectos de semental como una muestra aleatoria de una población común de sementales y entonces ya se pueden hacer comparaciones entre sementales a pesar de la falta de conectividad. También con sementales aleatorios las diferencias entre hatos son estimables. Esto no quiere decir que la falta o baja conectividad no tenga consecuencia. Aunque los sementales con progenie en diferentes grupos de datos desconectados pueden ser comparados, el error de predicción de estas comparaciones será mayor que para los sementales conectados.

Para que las comparaciones de animales a través de grupos de manejo sean legítimas es necesario suponer que el mérito genético promedio de los sementales en cada grupo de datos es igual. Si este supuesto no es verdadero, y las medias genéticas de los sementales en los grupos desconectados difieren, las comparaciones de los sementales a través de los grupos están sesgadas. En algunas circunstancias, pero no en todas, este sesgo puede corregirse incluyendo el efecto del grupo genético en el modelo para representar el valor genético medio de los sementales de ese grupo.

En situaciones en las cuales las diferencias entre grupos son estimables, las comparaciones de sementales en grupos diferentes abarca la estimación de diferencias de grupo y el error de predicción de la evaluación genética estará influenciado por la varianza asociada con esa estimación. En este caso, la calidad de la conexión entre grupos puede ser importante cuando los efectos de grupo son incluidos en el modelo (Kennedy, 1981).

En evaluaciones genéticas los efectos de grupo pueden ser considerados como aleatorios, con lo que la falta de conectividad entre grupos y hatos no sesgaría la estimación de efectos genéticos pero sí afectará el error de predicción de los VG. El problema de este enfoque estriba en que el implementar grupos aleatorios requerirá conocer las varianzas y covarianzas entre grupos, tarea que por la intensidad computacional requerida y la cantidad de efectos a estimar, por el momento es prácticamente imposible en casos donde se cuenta con muchos grupos de manejo.

## 2.7 METODOS CUALITATIVOS PARA DETERMINAR CONECTIVIDAD

### 2.7.1 Método Geométrico Simple

El método geométrico simple presentado por Searle (1987) para determinar la conectividad de los datos, se basa en el producto de las matrices  $X'Z$ , donde  $X$  y  $Z$  son matrices de incidencia para hatos y animales respectivamente. Consiste en la distribución por celda de la progenie de los sementales a través de los hatos. En el grupo de datos conectados las celdas llenas (progenie\*semental\*hato) pueden ser unidas por líneas continuas ya sean horizontales o verticales las cuales pueden cambiar de dirección sólo si la celda está llena. En el grupo de datos desconectados esto no es posible. En otras palabras, se construye una tabla en donde se muestra la distribución de los descendientes de los sementales a través de las unidades de manejo en las cuales se originaron sus registros, como se ilustra en la Figura 1.

Considerando a los sementales y a los hatos como efectos fijos, en el grupo de datos conectados todas las comparaciones entre sementales y hatos son posibles. En el grupo de datos desconectados esto no es posible,  $S1 - S2$  y  $S3 - S4$  son estimables pero otras comparaciones entre sementales no lo son. Similarmente,  $h1 - h2$  es estimable pero comparaciones con  $h3$  no son posibles.

**FIGURA 1. EJEMPLO DE GRUPOS DE DATOS EN LOS CUALES SEMENTALES Y  
HATOS ESTAN CONECTADOS Y DESCONECTADOS**

Grupo de Datos	S1	S2	S3	S4
<b>Conectados</b>				
h1	3	• • • • 6	0	0
		•		
		•		
h2	0	4	• • • • 3	0
			•	
			•	
h3	0	0	7	• • • • 5
<b>Desconectados</b>				
h1	3	• • • • 6	0	0
	•	•		
	•	•		
h2	3	• • • • 4	0	0
h3	0	0	7	• • • • 5

Cada celda contiene el número de descendientes de cada semental (Sj) representado en cada unidad de manejo (hi)

### 2.7.2 Algoritmo para Identificar todos los Subgrupos Conectados

Fernando et al. (1982) propusieron un algoritmo mediante el cual se identifican todos los subgrupos (hato-año) conectados en una clasificación de dos caminos sin interacción. Sus características son: 1) Identifica todos los subgrupos conectados en una clasificación de dos caminos, 2) No se requiere la absorción de efectos principales, así que el método es computacionalmente simple, y 3) El álgebra se limita a dos vectores, así que el algoritmo puede ser aplicado aún cuando el número de clases de cada uno de los efectos principales sea grande. El resultado es un vector, y los elementos con el mismo número corresponden a grupos genéticamente conectados.

Computacionalmente el método involucra las siguientes cuatro etapas por cada hatos-año, para  $i = 1$ : 1) Forma un vector  $n \times 1$ ,  $h_i$ , con sus  $j$ -ésimos elementos siendo  $h_{ij} = i$  para  $j = 1, \dots, n$ , si un semental  $j$  tiene progenie en el hatos-año  $i$ , y  $h_{ij} = 0$  de otro modo. 2) Toma  $c_i = c_{i-1} + h_i$ , donde  $c_0 = 0$ . 3) Iniciando con el primer elemento de  $c_i$ ,  $c_{i1}$ , examina cada uno de los elementos de este vector. Para el primer elemento para el cual  $c_{ij} > i$ , cambia a  $i$  aquellos elementos de  $c_i$  que son iguales a  $c_{ij}$  y también (a  $i$ ) aquellos elementos iguales a  $c_{ij} - i$ . 4) Repite la etapa 3 hasta que cada uno de los  $n$  elementos de  $c_i$  es menor o igual a  $i$ .

Finalmente, los elementos de  $c_m$  con el mismo número corresponden a sementales conectados a través de hatos-año o hatos-año conectados a través de sementales.

Ambos métodos, aunque útiles en la determinación de conectividad, sólo indican la presencia pero no la cantidad ni calidad de la conexión en los grupos de datos conectados.

## 2.8 METODOS CUANTITATIVOS PARA DETERMINAR CONECTIVIDAD

Como se mencionó anteriormente la medida más apropiada de conectividad es el error de predicción promedio (EPP) de las diferencias en el valor genético esperado entre animales en diferentes hatos. Se puede demostrar que el EPP de las diferencias está influenciado por la relación genética promedio entre y dentro de los hatos, lo cual afecta las varianzas de los estimadores de las diferencias entre los efectos de hato. Considerando lo anterior y que es muy difícil calcular los EPP de las diferencias, para determinar la conectividad Kennedy y Trus (1993) propusieron tres métodos alternativos: 1) El método de flujo de genes que es una extensión del modelo animal a la matriz  $X'Z$  usada para medir conectividad en modelos semental. 2) La medida de relaciones genéticas promedio entre y dentro de hatos y 3) El examen de estimadores de varianzas y covarianzas de las diferencias de los efectos de hato.

### 2.8.1 Flujo de Genes

Esta medida de conectividad se obtiene de la multiplicación matricial  $X'ZTQ$ , donde  $X$  y  $Z$  son matrices de incidencia para hatos y animales, respectivamente,  $Q$  identifica animales fundadores con respecto a su hato de origen,  $T$  es una matriz triangular inferior que muestra el flujo de genes de una generación a la siguiente, de tal manera que la matriz numerador de relaciones  $A=T'WT$ , y  $W$  es una matriz diagonal de varianzas muestrales Mendelianas (Henderson, 1976; Thompson, 1979). Los grupos formados por  $Q$  son el trazo de flujo de genes de un hato a otro y no debe ser confundido con los grupos genéticos que se forman al representar las diferencias genéticas medias de poblaciones como resultado de selección, como por ejemplo, en Quaas (1988).

La matriz **T** se calcula recurriendo a una lista de animales ordenada por generación. En **T**, todos los elementos diagonales son unos y todos los elementos a la derecha de la diagonal son ceros. Para cualquier renglón de **T** correspondiente a la población base (con padres desconocidos), todos los elementos a la izquierda de la diagonal son también ceros. Los elementos de un renglón correspondiente a un animal con padres conocidos, son el promedio de los elementos correspondientes de los renglones precedentes para su padre y madre. En la práctica, sólo las columnas de **T** de animales fundadores necesitan ser calculadas; los elementos dentro de los renglones (animales) muestran la fracción esperada de genes de los animales fundadores y deben sumar uno.

Con registros únicos en individuos, la suma de los elementos del *i*-ésimo renglón de **X'ZTQ** representa el número total de animales con registros en el hato *i*, el *ij*-ésimo elemento de **X'ZTQ** especifica la contribución genética de los ancestros del hato *j* a animales con registros en el hato *i*. La proporción de genes en el hato *i* que vienen del hato *j* puede ser calculada como el *ij*-ésimo elemento dividido por la suma del *i*-ésimo renglón de **X'ZTQ**.

La expresión **X'ZTQ** es algunas veces análoga a **X'Z** de un modelo semental, la cual es usada como una medida de conectividad. Si los sementales (y sus apareamientos) forman grupos únicos en **Q**, entonces **X'ZTQ** y **X'Z** de un modelo animal y un modelo semental respectivamente son iguales. La matriz **X'ZTQ** puede ser aplicada a la medida geométrica de conectividad descrita por Searle (1987). Una medida cuantitativa de conectividad entre dos hatos para **X'ZTQ** se obtiene al tomar la diferencia absoluta entre la suma de los elementos de la diagonal y la suma de los elementos fuera de la diagonal. Esta aplicación de **X'ZTQ** tiene sus limitaciones, una de las cuales es que requiere que todos los animales fundadores sean asignados a un hato de origen.

Si sólo algunos sementales externos han sido usados, cada semental de referencia puede ser asignado a su propio grupo y la contribución genética a cada hato puede ser medida a través de  $X'ZTQ$ .

### 2.8.2 Varianza de Deriva Genética

Una medida más segura y versátil de conectividad es obtenida a través de  $X'ZAZ'X$ . Este método no requiere la identificación de la base parental o ancestros de ningún hato en particular.

Hay que recordar, como se mencionó anteriormente, que el EPP está relacionado con el grado de relación genética dentro y entre hatos. Cuando las comparaciones son a través de hatos, las relaciones genéticas dentro de hato incrementa el EPP y la relación genética entre hatos reduce el EPP. La matriz  $X'ZAZ'X$  mide la relación genética dentro y entre hatos. Los elementos diagonales en general son mayores que el número de animales a causa de las relaciones dentro de los hatos. Las relaciones promedio entre y dentro de hatos (incluyendo la relación de un animal con el mismo) se pueden obtener dividiendo los elementos diagonales por el cuadrado del número de registros en el hato y los elementos fuera de la diagonal por el producto del número de registros en cada uno de los hatos. Esta matriz es conocida como  $\bar{A}$  y sus elementos pueden ser interpretados como los componentes genéticos de varianza y covarianza de deriva entre unidades de manejo (Sorensen y Kennedy, 1983). Una medida de conectividad que puede obtenerse a partir de  $\bar{A}$ , es calcular la varianza de deriva genética entre las unidades de manejo; para esto se suman los elementos diagonales y se restan los elementos fuera de la diagonal. Un valor pequeño obtenido indica un alto grado de conectividad.

Las limitaciones de este método son computacionales, sin embargo,  $X'ZAZ'X$  puede ser calculada en situaciones donde el cálculo de la matriz de varianzas del error de predicción es imposible o prohibitivo.

### 2.8.3 Estimadores de Varianza de las Diferencias de Efectos de Hato

Un tercer método para determinar conectividad consiste en el cálculo de estimadores de varianza de las diferencias de los efectos de hato, los cuales afectan el EPP de la comparación entre animales en diferentes hatos. La matriz de varianzas y covarianzas es de la forma:

$$[X'X - X'Z(Z'Z + A^{-1}\lambda)^{-1}Z'X]^{-1}\sigma^2_e$$

Donde  $\lambda = \sigma^2_e/\sigma^2_a = (1 - h^2)/h^2$

Si los hatos no están conectados, los elementos fuera de la diagonal de la matriz de varianzas y covarianzas serán cero. Los elementos positivos fuera de la diagonal son el resultado de relaciones genéticas entre animales de diferentes hatos, o conectividad genética, y esto contribuye a la reducción en la varianza de comparaciones entre unidades de manejo.

Con muchas unidades de manejo, el cálculo de la matriz puede ser difícil, o imposible, pero se pueden obtener soluciones iterativamente usando los procedimientos sugeridos por Henderson (1974). Una vez obtenida la matriz, el procedimiento es el mismo que en los métodos de Flujo de Genes y Varianza de Deriva Genética, es decir, se suman los elementos diagonales y se les restan los elementos fuera de la diagonal.

La planeación, desarrollo y el establecimiento de un sistema de mejoramiento genético eficaz para la parte aditiva de ganado de doble propósito en el trópico requiere de conocer el grado de conectividad existente entre las explotaciones y de calcular el impacto de éste sobre las evaluaciones genéticas que permitan la identificación de animales superiores a través de grupos de manejo. Dado el bajo uso de la IA en el ganado de doble propósito y del tamaño frecuentemente pequeño de los grupos de manejo, es de esperarse que la conectividad en el sistema de producción que nos ocupa sea pobre o francamente nulo, lo que implicará el estudio de los beneficios de la utilización de animales de referencia.

### **3. OBJETIVO GENERAL**

Estimación del grado de conectividad entre unidades de manejo en explotaciones de doble propósito y su posible efecto sobre las evaluaciones genéticas del ganado.

#### **3.1 OBJETIVOS INTERMEDIOS**

Determinación del grado de conectividad en explotaciones de doble propósito del estado de Veracruz.

Estimación del impacto del grado de conectividad sobre el error de predicción en la evaluaciones genéticas en explotaciones de doble propósito del estado de Veracruz.

Determinación de las ventajas comparativas de la utilización de animales de referencia en los sistemas anteriormente citados.

#### 4. MATERIALES Y METODOS

El estudio se realizó en cooperación con el Centro Nacional de Investigación en Fisiología y Mejoramiento Animal (CeNIFyMA) con sede en Ajuchitlán, Qro. y el Campo Experimental "La Posta" de Paso del Toro, Ver. ubicado en el Km. 22.5 de la carretera Veracruz-Córdoba, quien recopiló la información. Ambos del INIFAP.

La información que se utilizó fue de vacas cruzadas pertenecientes a 102 ranchos de doble propósito, los cuales se encuentran localizados en los Municipios de Tepetzintla, Gutiérrez Zamora, Papantla, Angel R. Cabada, Tierra Blanca y Medellín, todos en el estado de Veracruz. El clima de la región se clasifica en general como tropical subhúmedo Aw<sub>1</sub>. La temperatura promedio anual es de 26 C, una humedad relativa del 80% y una precipitación media anual de 1208 mm.

Se utilizó un banco de datos de 3101 lactancias completas de diferentes grupos raciales obtenidas durante el período 1989-1994 (Cuadro 1).

**CUADRO 1. ESTRUCTURA DE LA BASE DE DATOS POR GRUPO GENETICO**

<b>GENOTIPO</b>	<b>No. DE REGISTROS</b>
Cebú	131
1/2 Hs x 1/2 C	123
1/2 SP x 1/2 C	232
1/4 Hs x 3/4 C	11
1/4 Sp x 3/4 C	52
3/4 Hs x 1/4 C	141
3/4 Sp x 1/4 C	357
5/8 Hs x 3/8 C	27
5/8 Sp x 3/8 C	60
Holstein	117
Suizo Pardo	350
Otros (86) <sup>1</sup>	1073
Indefinidos	427
<b>TOTAL DE GENOTIPOS: 97</b>	<b>3101</b>

<sup>1</sup>/ Entre paréntesis el número de genotipos incluidos en Otros

Del total de información, 2674 registros pertenecen a 97 grupos genéticos identificados, mientras que el resto (427) no tienen información al respecto.

Además del genotipo, no todos los registros contaban con la información necesaria para considerarlos en el estudio, el Cuadro 2 presenta el número de observaciones, medias y desviaciones estándar de variables importantes para la realización del trabajo.

**CUADRO 2. NUMERO DE OBSERVACIONES, MEDIAS Y DESVIACION ESTANDAR PARA VARIABLES PRODUCTIVAS DE LOS REGISTROS EN ESTUDIO**

VARIABLE	No. DE OBSERVACIONES	MEDIA	DESVIACION ESTANDAR
Identificación del animal	3101		
Genotipo del animal	2674		
Identificación del padre	961		
Genotipo del padre	1149		
Identificación de la madre	1226		
Genotipo de la madre	1092		
Fecha de parto	2741		
Fecha fin de lactancia	3101		
Edad al parto	1095	63.97	28.53
Número de parto	3098	2.99	1.94
Servicios por concepción	1822	1.48	0.92
Producción por lactancia	3028	1388.48	1026.28
Días en lactancia	2739	260.43	102.90
Período interparto	559	466.36	118.66
Producción/día/lactancia	2703	4.99	2.59
Producción/día/interparto	493	3.47	0.96

Más del 97% de los registros contaron con producción de leche por lactancia y con número de parto (100%), alrededor del 88% de ellos contaron con información de la fecha de parto y duración de la lactancia; sin embargo, la información de algunas variables productivas importantes fue escasa, como es el caso del período interparto del cual sólo se tuvieron los datos para el 18% (559) de

los registros o ciclos productivos. Es importante hacer notar, por la metodología empleada para determinar conectividad, que el 30% (961) de los registros contaron con el semental (padre) identificado.

Con relación a la información del genotipo de los padres y las madres de la vaca que generó la lactancia (registro), se tuvieron 1149 registros con información del padre del animal y 1092 de la madre (Cuadro 3).

**CUADRO 3. GENOTIPO DE PADRES Y MADRES DE LOS ANIMALES EN LA BASE DE DATOS**

GENOTIPO	PADRES	MADRES
Cebú	101	147
1/2 Hs x 1/2 C	3	85
1/2 Sp x 1/2 C	12	239
1/4 Hs x 3/4 C	17	12
1/4 Sp x 3/4 C	2	23
3/4 Hs x 3/4 C	5	42
3/4 Sp x 1/4 C	1	86
5/8 Hs x 3/8 C	---	8
5/8 Sp x 3/8 C	---	6
Holstein	335	59
Suizo Pardo	627	142
Otros	46 (6) <sup>1</sup>	243 (28)
Sin identificar	1952	2009
<b>TOTAL</b>	<b>1149</b>	<b>1092</b>

<sup>1</sup>/ Entre paréntesis el número de genotipos incluidos en Otros

Las 961 lactancias que tienen información sobre el padre de la vaca fueron generadas por 233 diferentes sementales de los cuales el 63% (147) tuvieron 1 ó 2 hijas (Cuadro 4).

**CUADRO 4. SEMENTALES CLASIFICADOS DE ACUERDO A REGISTROS APORTADOS**

No. DE REGISTROS	No. DE SEMENTALES
1	95
2	52
3	20
4	15
5 o más	51
	<b>TOTAL 233</b>

#### **4.1 DEPURACION DE LA INFORMACION**

De la base de datos original se eliminaron los registros que presentaron valores extremos en algún mes de lactación, confusión con fechas de inicio y término de lactancia y aquellos que pertenecían a grupos genéticos con menos de 5 observaciones, quedando un archivo con 1683 registros de 15 diferentes grupos genéticos (Cuadro 5).

**CUADRO 5. NUMERO DE OBSERVACIONES POR GENOTIPO DEL ARCHIVO  
DEPURADO**

<b>GRUPO GENETICO<sup>1</sup></b>	<b>No. DE REGISTROS</b>
Cebú	127
1/2 Hs x 1/2 C	119
1/2 Sp x 1/2 C	227
1/4 Hs x 3/4 C	11
1/4 Sp x 3/4 C	50
3/4 Hs x 1/4 C	122
3/4 Sp x 1/4 C	348
3/8 Hs x 5/8 C	6
3/8 Sp x 5/8 C	15
5/8 Hs x 3/8 C	27
5/8 Sp x 3/8 C	56
7/8 Hs x 1/8 C	31
7/8 Sp x 1/8 C	97
Holstein	113
Suizo Pardo	334
<b>TOTAL</b>	<b>1683</b>

<sup>1</sup>/ Hs = Holstein, SP = Suizo Pardo y C = Cebú

El número de observaciones, la media y la desviación estándar para las variables de este archivo se muestran en el Cuadro 6.

**CUADRO 6. NUMERO DE OBSERVACIONES, MEDIAS Y DESVIACION ESTANDAR PARA VARIABLES PRODUCTIVAS DE LOS REGISTROS EN EL ARCHIVO DEPURADO**

VARIABLE	OBSERVACIONES	MEDIA	DESVIACION ESTANDAR
Identificación del animal	1683		
Genotipo del animal	1683		
Identificación del padre	614		
Genotipo del padre	735		
Identificación de la madre	1022		
Genotipo de la madre	699		
Fecha de parto	1659		
Fecha fin de lactancia	1683		
Edad al parto	693	67.80	29.46
Número de parto	1683	3.27	2.02
Servicios por concepción	1041	1.49	0.92
Producción por lactancia	1672	1477.01	1055.86
Días en lactancia	1511	264.03	101.15
Período interparto	300	460.92	111.80
Producción/día/lactancia	1515	5.19	2.70
Producción/día/interparto	264	3.50	1.91

La depuración resultó en una mayor proporción de información útil con relación al total de registros, ya que más del 90% de ellos se utilizaron para los análisis, y en ligeros incrementos en la producción promedio.

No obstante lo anterior, el número de registros con información del padre del animal disminuyó a 614, quedando 148 sementales con aportación de información, de estos 92 con 1 ó 2 registros (Cuadro 7).

**CUADRO 7. SEMENTALES CLASIFICADOS DE ACUERDO A REGISTROS APORTADOS EN EL ARCHIVO DEPURADO**

No. DE REGISTROS	No. DE SEMENTALES
1	56
2	36
3	13
4	14
5 o más	29
	<b>TOTAL 148</b>

#### 4.2 DETERMINACION DE CONECTIVIDAD

##### 4.2.1 Información

Para determinar la conectividad de los hatos en estudio se utilizó la información del archivo depurado, del cual se eliminaron aquellos sementales con 1 y 2 registros, quedando 428 vacas hijas de 55 sementales en 25 hatos, de estos animales se tuvo la oportunidad de conocer con certeza su genealogía (padre y madre), lo que era indispensable para desarrollar la metodología utilizada. Se emplearon dos métodos Cualitativos y tres Cuantitativos.

#### 4.2.2 Métodos Cualitativos

Los grupos de manejo se definieron como hatos-año, es decir, que los animales de un hato con registros en el mismo año se consideraron del mismo grupo, por lo que se tuvieron un total de 68 hatos-año, distribución a partir de la cual se construyó la matriz de incidencia  $X$  que relaciona las observaciones individuales a un grupo de manejo específico. De los sementales representados en la información se construyó la matriz  $Z$  que relaciona las observaciones a un semental específico y la primera medida de conectividad se obtuvo mediante el Método Geométrico Simple (Searle, 1987) al examinar la matriz  $X'Z$ . Así mismo, se empleó el algoritmo propuesto por Fernando *et al.* (1982) para corroborar o verificar la conectividad encontrada entre las unidades de manejo. Estos dos métodos consideran para la evaluación de los animales el modelo semental tradicional:

$$y_{ijk} = \mu + h_i + s_j + e_{ijk} \quad (1)$$

Donde  $y_{ijk}$  es una observación sobre un descendiente del  $j$ -ésimo semental ( $s_j$ ) en la  $i$ -ésima unidad de manejo o hato ( $h_i$ ),  $\mu$  es la media poblacional y  $e_{ijk}$  es el error aleatorio asociado con la  $k$ -ésima observación. Se supuso que el error está independiente e idénticamente distribuido. En notación matricial, el modelo es:

$$y = Xh + Zs + e \quad (2)$$

Donde  $y$  es el vector de observaciones.  $X$  y  $Z$  son matrices de incidencia para unidades de manejo ( $h$ ) y sementales ( $s$ ), y  $e$  es el vector de errores residuales  $(0, I \sigma^2_e)$ .

### 4.2.3 Métodos Cuantitativos

Se utilizaron los tres métodos Cuantitativos propuestos por Kennedy y Trus (1993): el método de Flujo de Genes, el método de Varianza de Deriva Genética y el examen de Estimadores de Varianzas y Covarianzas de las Diferencias de los Efectos de Hato.

Estos tres métodos consideran para la evaluación de los animales el modelo animal:

$$y_{ijk} = \mu + h_i + a_{ij} + e_{ij} \quad (3)$$

Donde  $y_{ij}$  es una observación sobre el  $ij$ -ésimo animal ( $a_{ij}$ ) en la  $i$ -ésima unidad de manejo o hato ( $h_i$ ),  $\mu$  es la media poblacional y  $e_{ij}$  es el error aleatorio. En notación matricial, el modelo es:

$$y = Xh + Za + e \quad (4)$$

Donde  $y$  es el vector de observaciones.  $X$  y  $Z$  son matrices de incidencia para unidades de manejo ( $h$ ) y animales ( $a$ ), y  $e$  es el vector de errores residuales. Adicionalmente, se supone que  $\text{Var}(a) = A\sigma^2a$ , donde  $A$  es la matriz de relaciones genéticas.

Para el manejo de la información, la formación de las matrices y el desarrollo del álgebra necesaria se elaboraron una serie de programas en lenguaje fortran.

### 4.3 EVALUACION DE ANIMALES

La evaluación de animales se hizo utilizando un modelo semental de la forma:

$$y_{ijk} = \mu + h_i + s_j + e_{ijk} \quad (1)$$

Donde  $y_{ijk}$  representa la producción de leche ajustada por número y época de parto de una vaca  $k$  en un hato-año  $i$  ( $h_i$ ) hija de un semental  $j$  ( $s_j$ ),  $\mu$  es la media poblacional y  $e_{ijk}$  es el residual aleatorio asociado con la observación  $ijk$  (bajo el supuesto de distribución idéntica e independiente).

La notación matricial del modelo (4) es la misma que (2):

$$y = Xh + Zs + e \quad (2)$$

Para la estimación de valores genéticos, de los errores estándar de predicción y de las correlaciones entre el valor genético estimado y el verdadero, se empleó la metodología BLUP, adaptando el conjunto de programas MTDFREML (Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood) desarrollado por el Servicio de Investigación en Agricultura de los Estados Unidos (ARS-USDA; Boldman *et al.*, 1993). En el modelo se incluyó el hato-año como efecto fijo, el grupo genético como aleatorio y como covariable días en producción. La varianza debido a grupo genético se estimó mediante el procedimiento GLM de SAS y se tomó como proporción de la varianza fenotípica. Como no fue posible la estimación de parámetros genéticos confiables debido a falta de información, se utilizó la heredabilidad para producción de leche reportada por Cunningham y Syrstad (1987) para ganado cruzado en trópico ( $h^2 = .25$ ). La información utilizada para la evaluación de los animales fue la misma que se empleó para estimar conectividad entre hatos.

#### 4.4 UTILIZACION DE SEMENTALES DE REFERENCIA

Las alternativas de utilización de sementales de referencia se examinaron mediante la simulación de hijas de sementales de referencia, que sirvieron de conexión entre las unidades de manejo. La simulación se hizo a partir de la población original (POBOR) utilizada para calcular la conectividad existente entre unidades de manejo y para estimar el valor genético de los animales.

Para asignar producción de leche por lactancia a las hijas simuladas, se creó otro archivo con los registros que tuvieran número de parto, fecha de parto (que sirvió para determinar la época de parto (lluvias: junio-noviembre; secas: diciembre-mayo) y grupo genético identificado. Se agrupó del sexto parto en adelante en un mismo grupo. Utilizando este archivo (1487 registros) y mediante el procedimiento GLM del SAS se calcularon factores de corrección aditivos para los efectos de número de parto (NUMPARTO) y época de parto (EPOCA), así como su interacción. Se usó producción de leche por lactancia como variable dependiente y como covariables días en producción (DIASL) y días en producción al cuadrado (DIASLC). Dado que la interacción no fue significativa (Cuadro 8), se eliminó del modelo y se recalcularon los factores de ajuste aditivos para NUMPARTO y EPOCA (Cuadro 9). Se aplicaron los factores de corrección al archivo utilizado para calcular las medidas de conectividad, se ajustó a tercera lactancia y época de lluvia, y se corrió un modelo para estimar medias de cuadrados mínimos para el efecto de hato-año y grupo genético (Cuadro 10). Los análisis se hicieron por separado con la finalidad de tener el mayor número de observaciones en la estimación de los factores de ajuste. Las medias de cuadrados mínimos para producción de leche por lactancia para cada hato-año y para el cuarto grupo genético (1/2 Holstein x 1/2 Cebú) son las que se asignaron a las hijas de los sementales de referencia simulados.

**CUADRO 8. ANALISIS DE VARIANZA PARA LOS EFECTOS DE NUMERO DE PARTO (NUMPARTO), EPOCA DE PARTO (EPOCA) Y SU INTERACCION, CON LA COVARIABLE DE DIAS EN PRODUCCION (DIASL) Y DIAS EN PRODUCCION AL CUADRADO (DIASLC) PARA LA VARIABLE PRODUCCION DE LECHE POR LACTANCIA**

FUENTE DE VARIACION	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADO MEDIO	VALOR DE F
NUMPARTO	5	47836372.4	9567274.5	16.39 **
EPOCA	1	2915250.4	2915250.4	4.99 *
NUMPARTO*EPOCA	5	5345363.5	1069072.7	1.83 NS
DIASL	1	529680903.5	529680903.5	907.54 **
DIASLC	1	447235.6	447235.6	0.77 NS
ERROR	1473	859710886.7		

\*\* (P<0.01)

\* (P<0.05)

NS (P>0.05)

**CUADRO 9. ANALISIS DE VARIANZA PARA LOS EFECTOS DE NUMERO DE PARTO (NUMPARTO) Y EPOCA DE PARTO (EPOCA), CON LA COVARIABLE DE DIAS EN PRODUCCION (DIASL) Y DIAS EN PRODUCCION AL CUADRADO (DIASLC) PARA LA VARIABLE PRODUCCION DE LECHE POR LACTANCIA**

FUENTE DE VARIACION	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADO MEDIO	VALOR DE F
NUMPARTO	5	48891644.1	9778328.8	6.71 **
EPOCA	1	5299912.4	5299912.4	9.06 **
DIASL	1	526074971.1	526074971.1	898.83 **
DIASLC	1	544738.6	544738.6	0.93 NS
ERROR	1478	865056250.2		

\*\* (P<0.01)

NS (P>0.05)

**CUADRO 10. ANALISIS DE VARIANZA PARA LOS EFECTOS DE HATO-AÑO (HA) Y GRUPO GENETICO (GG), CON LA COVARIABLE DE DIAS EN PRODUCCION (DIASL) Y DIAS EN PRODUCCION AL CUADRADO (DIASLC) PARA LA VARIABLE PRODUCCION DE LECHE POR LACTANCIA**

FUENTE DE VARIACION	GRADOS DE LIBERTAD	SUMA DE CUADRADOS	CUADRADO MEDIO	VALOR DE F
HA	67	80782310.80	1205706.13	4.52 **
GG	3	3309512.54	1103170.85	4.14 **
DIASL	1	7126994.45	7126994.45	26.73 **
DIASLC	1	5974.50	5974.50	0.02 NS
ERROR	269	71723436.50		

\*\* (P<0.01)

NS (P>0.05)

Se generaron 1 y 3 sementales de referencia con 3 y 5 hijas en cada unidad de manejo, es decir, se efectuaron 4 simulaciones de tal manera que se tuvieron 4 poblaciones [1 semental de referencia con 3 hijas, (SEMEN13); 1 semental con 5 hijas, (SEMEN15); 3 sementales con 3 hijas, (SEMEN33); y 3 sementales con 5 hijas, (SEMEN35)] adicionales a la POBOR.

En las cuatro poblaciones generadas se recalcularon las medidas de conectividad y se estimaron los valores genéticos de los animales, así como los errores estándar de predicción y las correlaciones entre el valor genético estimado y el verdadero, todo esto de acuerdo con la metodología descrita anteriormente.

## 5. RESULTADOS

En el Cuadro 2 se presentaron las medias y desviaciones estándar para variables productivas de las lactancias en estudio, la producción de leche por lactancia promedio fue de 1388 Kg en 260 días en ordeño y un periodo interparto de 466 días, lo que se refleja en una producción de leche por día de lactancia e interparto de 4.99 y 3.47 Kg respectivamente. El número de genotipos identificados de las madres (39) resultó ser más del doble que el de los padres (15), como se indicó en el Cuadro 3.

En el Cuadro 6 se presentó el número de observaciones, las medias y las desviaciones estándar de las variables una vez que se depuró el archivo original. Los valores medios de las variables productivas se mantuvieron prácticamente igual, con excepción de la producción de leche por lactancia que aumentó a 1477 Kg en 264 días en ordeño.

### 5.1 CALCULO DE FACTORES DE CORRECCION

El Cuadro 11 presenta los factores de corrección obtenidos para número de parto y época de parto, y que se utilizaron para corregir la producción de leche por lactancia de los registros del archivo depurado (utilizado para calcular conectividad y estimar valores genéticos) al mismo número y época de parto. Se ajustó a tercer parto y a época de lluvias.

**CUADRO 11. FACTORES DE CORRECCION PARA PRODUCCION DE LECHE POR LACTANCIA PARA LOS EFECTOS DE NUMERO DE PARTO Y EPOCA DE PARTO**

<b>NUMERO DE PARTO</b>	<b>FACTOR DE CORRECCION</b>
1	+ 209.2
2	-72.7
3	0.0
4	-157.7
5	-156.2
6 o más	-362.8
<b>EPOCA DE PARTO</b>	
Lluvias	0.0
Secas	+121.8

Las medias de mínimos cuadrados para producción de leche por lactancia para número de parto y época de parto se muestran en el Cuadro 12. La menor producción de leche ( $P < 0.01$ ) se presentó en la primera lactancia. No hubo diferencia estadística significativa ( $P > 0.05$ ) entre las producciones de leche del segundo al quinto parto, sin embargo se presentó la tendencia de una mayor producción a mayor número de parto, siendo esta diferencia estadísticamente significativa ( $P < 0.01$ ) para las lactancias agrupadas en el sexto parto.

Los animales que tuvieron su parto durante la época de lluvias (junio-noviembre) tuvieron producciones de leche estadísticamente superiores ( $P < 0.05$ ) que aquellos que iniciaron lactancia durante la época de secas (diciembre-mayo).

**CUADRO 12. MEDIAS DE CUADRADOS MINIMOS PARA PRODUCCION DE LECHE POR LACTANCIA PARA LOS EFECTOS DE NUMERO DE PARTO Y EPOCA DE PARTO**

NUMERO DE PARTO	PRODUCCION DE LECHE POR LACTANCIA, Kg	ERROR ESTANDAR
1	1163.37 <sup>a</sup>	40.94
2	1445.37 <sup>b</sup>	44.84
3	1372.64 <sup>b</sup>	47.63
4	1530.43 <sup>b</sup>	50.97
5	1528.90 <sup>b</sup>	65.24
6 o más	1735.49 <sup>c</sup>	52.88
<b>EPOCA DE PARTO</b>		
Lluvias	1523.61 <sup>a</sup>	31.44
Secas	1401.79 <sup>b</sup>	26.71

/ Distinta literal por columna estadísticamente diferentes (P<0.01)

## 5.2 DETERMINACION DE CONECTIVIDAD

La primera medida de conectividad se obtuvo mediante el método geométrico simple descrito por Searle en 1987 (examinando la matriz X'Z y determinando que grupos de datos se encontraban conectados). El Cuadro 13 presenta los resultados obtenidos, se encontró que existe un grupo de 48 hatos-año conectados (70.6%), 1 grupo de 4 hatos-año (5.9%), 3 grupos de 3 (13.2%), 3 grupos de 2 (8.7%) y 1 hato-año (1.6%) que se encontró completamente aislado.

**CUADRO 13. GRUPOS DE HATOS-AÑO CONECTADOS DE ACUERDO AL METODO GEOMETRICO SIMPLE (SEARLE, 1987)**

GRUPO	No. DE HATOS-AÑO CONECTADOS	PORCENTAJE
1	48	70.6
2	4	5.9
3	3	4.4
4	3	4.4
5	3	4.4
6	2	2.9
7	2	2.9
8	2	2.9
9	1	1.6
<b>TOTAL</b>	<b>68</b>	<b>100.0</b>

Lo anterior se corroboró al aplicar el algoritmo propuesto por Fernando et al. (1982), mediante el cual se obtuvo un vector (Cuadro 14) que al ser examinado permitió identificar 9 diferentes grupos de hatos-año (hatos-año con el mismo número corresponden al mismo grupo) que corresponden a los mismos grupos de hatos-año conectados y por lo tanto al mismo porcentaje, identificados con el método anterior.

Como ya se mencionó los dos métodos citados aunque útiles en la determinación de conectividad, sólo indican la existencia pero no la calidad de ésta en los grupos de datos conectados, para esto se emplearon las tres medidas propuestas por Kennedy y Trus (1993).

**CUADRO 14. GRUPOS DE HATOS-AÑO CONECTADOS DE ACUERDO AL ALGORITMO PROPUESTO POR FERNANDO et al., (1982)**

<p><b>Vector resultado:</b></p> <p>C = [55 19 19 54 54 54 54 54 54 54 54 54 54 54 54 54 54 54 54 54 ...  54 54 50 50 50 54 54 54 54 52 52 52 52 54 54 54 54 54 54 54 ...  54 54 54 54 54 54 54 28 28 40 40 33 33 33 54 54 54 19 54 54 ...  25 25 54 54 54]</p>
<p><b>Grupos de Hatos-año conectados formados:</b></p> <ul style="list-style-type: none"> <li>48 hatos con el número 54</li> <li>4 hatos con el número 52</li> <li>3 hatos con el número 19</li> <li>3 hatos con el número 50</li> <li>3 hatos con el número 33</li> <li>2 hatos con el número 28</li> <li>2 hatos con el número 40</li> <li>2 hatos con el número 25</li> <li>1 hato con el número 55</li> </ul>

### 5.2.1 Flujo de Genes

El producto de la multiplicación matricial  $X'ZTQ$  dio como resultado una matriz de **68 X 68** (número de hatos-año). Una vez que se examinó esta matriz, se encontró que los hatos que tienen una mayor contribución genética hacia otros hatos son el 4, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 20 y 22. Sin embargo, de acuerdo con la cantidad de ceros que se encuentran fuera de la diagonal, en general se observa poca relación genética (conectividad) entre los hatos. La medida cuantitativa de

conectividad que se obtuvo mediante este método, al tomar la diferencia absoluta entre la suma de los elementos que se encuentran en la diagonal y la suma de los elementos que están fuera de la diagonal de la matriz resultado, para los hatos en estudio fue:

$$| 222.5 - 108.5 | = 114$$

Si los hatos estuvieran completamente balanceados con respecto al origen de los genes, la diferencia (en este caso 114) debería ser cero, por lo que entre más pequeño fuera el valor habría una mayor conectividad. Considerando lo anterior y tomando la suma de los elementos que se encuentran fuera de la diagonal (108.5) como proporción de la suma de los elementos ubicados en la diagonal (222.5), se estima que de acuerdo al método de flujo de genes existe alrededor de un 49 % de conectividad o relación genética entre los hatos en estudio.

### 5.2.2 Varianza de Deriva Genética

El resultado de la multiplicación matricial  $X'ZAZ'X$  fue como en el método de flujo de genes una matriz de **68 x 68** (hatos-año), de la cual se obtuvo la matriz  $\bar{A}$  y de esta, tomando la diferencia entre la suma de los elementos de la diagonal y los elementos que se encuentran fuera de ella, la medida de conectividad:

$$[ 37.0825 - 23.208 ] = 13.8745$$

Al igual que en el método anterior, el resultado debería ser cero si los hatos estuvieran completamente balanceados con respecto al origen de sus genes, por lo que entre menor sea el resultado o valor obtenido mayor sería la

conectividad existente. Desde este punto de vista y tomando los valores como proporciones, se puede considerar que existe alrededor de un 62% de conectividad o relación genética entre los hatos en estudio de acuerdo al método de Varianza de Deriva Genética.

### 5.2.3 Estimadores de Varianza de las Diferencias de Efectos de Hato

El resultado de la multiplicación matricial  $[X'X - X'Z(Z'Z + A^{-1}\lambda)^{-1}Z'X]^{-1}\sigma^2$ , fue una matriz de **68 x 68** y la medida de conectividad obtenida, al tomar la diferencia entre la suma de los elementos que se encontraban en la diagonal de la matriz y los elementos que se encontraban fuera de ella fue:

$$[ 59.7846 - 25.3178 ] = 34.4668 \sigma^2$$

Este valor (**34.4668  $\sigma^2$** ) representa el estimador de la varianza de las diferencias de los efectos de los hatos en estudio.

## 5.3 EVALUACION DE LOS SEMENTALES

El Cuadro 15 presenta el rango y la media para el valor genético estimado (VGE), el error estándar de predicción (EEP) y la correlación (COR) entre el VGE y el verdadero, así como la desviación estándar para VGE y COR para los sementales de la base de datos original utilizada en el estudio. En general, la media para el valor genético estimado para producción de leche por lactancia para los sementales utilizados en la población el método utilizado lo fija en cero (0.00), aunque el rango va desde un semental con valor genético estimado de -310.82 a otro con un valor estimado de 362.235. El error estándar de predicción estimado

fue alto (0.90), esto da como resultado una correlación baja (0.36) entre el valor genético estimado y el real. Los rangos y las desviaciones estándar estimadas indican una alta variación para la característica de producción de leche de los animales pertenecientes a los hatos en estudio.

**CUADRO 15. RANGO Y MEDIA PARA EL VALOR GENETICO ESTIMADO, EL ERROR ESTANDAR DE PREDICCIÓN Y LA CORRELACION ENTRE EL VALOR GENETICO ESTIMADO Y EL VERDADERO DE LOS SEMENTALES**

ESTIMADOR	VALOR MINIMO	VALOR MAXIMO	MEDIA	DESVIACION ESTANDAR
<b>SEMENTALES:<sup>1</sup></b>				
Valor Genético	-310.82	362.23	0.00	118.05
Error Estándar	0.72	1.00	0.90	
Correlación	0	0.69	0.36	0.20

1/ Número de observaciones = 55

#### 5.4 UTILIZACION DE SEMENTALES DE REFERENCIA

El Cuadro 16 presenta los valores y el porcentaje para las medidas de conectividad recalculadas para todas las poblaciones, después de la simulación de las hijas de sementales de referencia. Aún después de relacionar genéticamente al 100% de los hatos (métodos cualitativos), el grado de conectividad de acuerdo con los métodos cuantitativos utilizados, no llegó al 100%. Para los tres métodos, hubo una reducción en el valor obtenido de la diferencia entre los elementos de la diagonal y los elementos de la diagonal. Este cambio representó entre POBOR y SEMEN35, un aumento en la conectividad de 49 al 84% para el método de flujo de

genes y de 62 al 94% para el de deriva genética. Del mismo modo hubo una reducción de más del 50% del estimador obtenido de las varianzas de las diferencias de los efectos de hato.

**CUADRO 16. VALORES Y PORCENTAJES<sup>1</sup> DE CONECTIVIDAD RECALCULADOS DESPUES DE LA SIMULACION DE LOS SEMENTALES DE REFERENCIA**

<b>METODO DE ESTIMACION</b>	<b>POBOR</b>	<b>SEMEN13</b>	<b>SEMEN15</b>	<b>SEMEN33</b>	<b>SEMEN35</b>
<b>Método Geométrico</b>	(71)	(100)	(100)	(100)	(100)
<b>Algoritmo de Fernando <u>et al.</u></b>	(71)	(100)	(100)	(100)	(100)
<b>Flujo de Genes</b>	114 (49)	87.5 (65)	73.5 (71)	65.5 (78)	55 (84)
<b>Varianza de Deriva</b>	13.87 (62)	6.77 (81)	5.21 (84.7)	2.64 (92)	1.97 (94)
<b>Estimadores de Diferencias<sup>2</sup></b>	34.46 (100)	24.01 (69.7)	21.55 (62.5)	17.78 (51.6)	16.67 (48.3)

1/ Entre paréntesis

2/ El porcentaje está estimado para las poblaciones con sementales de referencia como la reducción de la varianza considerando el valor de POBOR como 100%

El Valor Genético Estimado promedio, el rango y la desviación estándar para los sementales en estudio en la población original y en las poblaciones con simulación de hijas de sementales de referencia, se presentan en el Cuadro 17. Prácticamente no hubo cambio en el VGE promedio para producción de leche al simular las hijas de los sementales de referencia, de 0.0 Kg para la población original a 1.1 Kg para la población donde se simularon 3 sementales de referencia con 5 hijas cada uno. El rango se redujo a medida que se aumentó la relación genética entre los hatos por la simulación de los sementales de referencia, esto se reflejó del mismo modo en la desviación estándar estimada.

**CUADRO 17. VALOR GENETICO PROMEDIO, RANGO Y DESVIACION ESTANDAR PARA LOS SEMENTALES EN ESTUDIO SIN Y CON SIMULACION DE SEMENTALES DE REFERENCIA**

ARCHIVO	VALOR GENETICO	VALOR MINIMO	VALOR MAXIMO	DESV. ESTANDAR
<b>ORIGINAL</b> Sementales	0.00	-310.82	362.23	118.05
<b>1 SEMENTAL 3 HIJAS</b> Sementales	0.58	-288.16	359.98	114.26
<b>1 SEMENTAL 5 HIJAS</b> Sementales	0.63	-285.21	359.16	113.45
<b>3 SEMENTALES 3 HIJAS</b> Sementales	1.05	-282.58	358.19	112.63
<b>3 SEMENTALES 5 HIJAS</b> Sementales	1.11	-281.05	357.36	112.00

El Cuadro 18 muestra los Errores Estándar de predicción promedio para los VGE de los sementales utilizados en los hatos en estudio. Es importante notar la reducción del error estándar de predicción a medida que se aumenta la relación genética (conectividad) entre los hatos por efecto de la inclusión de hijas de sementales de referencia. Esta reducción es de casi un 6% entre los EEP (0.90) de los VGE para los sementales en la población original y los estimados (0.85) para el VGE de los mismos sementales pero en la población donde se simularon 3 sementales de referencia con 5 hijas cada uno por unidad de manejo. Del mismo modo, los valores mínimos y máximos se redujeron resultando en un rango menor.

**CUADRO 18. PROMEDIO Y RANGO DEL ERROR ESTANDAR DE PREDICION PARA EL VGE DE LOS SEMENTALES EN ESTUDIO SIN Y CON SIMULACION DE SEMENTALES DE REFERENCIA**

<b>ARCHIVO</b>	<b>ERROR ESTANDAR</b>	<b>VALOR MINIMO</b>	<b>VALOR MAXIMO</b>
<b>ORIGINAL</b> Sementales	0.90	0.72	1.00
<b>1 SEMENTAL 3 HIJAS</b> Sementales	0.87	0.70	0.95
<b>1 SEMENTAL 5 HIJAS</b> Sementales	0.87	0.70	0.94
<b>3 SEMENTALES 3 HIJAS</b> Sementales	0.86	0.69	0.94
<b>3 SEMENTALES 5 HIJAS</b> Sementales	0.85	0.69	0.94

La correlación promedio entre el Valor Genético Estimado y el Valor Real para los sementales utilizados en los hatos en estudio para las cinco poblaciones (sin y con sementales de referencia simulados) se observan en el Cuadro 19. La correlación promedio entre el VGE y el valor real para los sementales evaluados sin la simulación de los sementales de referencia fue de 0.36, a medida que se aumentó la conectividad entre los hatos en estudio por la inclusión de los sementales de referencia, aumentó la correlación entre VGE y el valor verdadero de los sementales, llegando a ser de 0.46 para la población con 1 semental de referencia con 3 hijas, 0.47 para 1 semental con 5 hijas, 0.48 3 sementales con 3 hijas y 0.49 3 sementales con 5 hijas. Al final hubo un aumento en la correlación de más del 36%. Así mismo, los valores para el rango y la desviación estándar también disminuyeron.

**CUADRO 19. CORRELACION PROMEDIO ENTRE EL VALOR GENETICO ESTIMADO Y EL VALOR REAL, RANGO Y DESVIACION ESTANDAR PARA LOS SEMENTALES DEL ESTUDIO SIN Y CON SIMULACION DE SEMENTALES DE REFERENCIA**

<b>ARCHIVO</b>	<b>CORRE- LACION</b>	<b>VALOR MINIMO</b>	<b>VALOR MAXIMO</b>	<b>DESV. ESTANDAR</b>
<b>ORIGINAL</b> Sementales	0.36	0.00	0.69	0.20
<b>1 SEMENTAL 3 HIJAS</b> Sementales	0.46	0.32	0.71	0.11
<b>1 SEMENTAL 5 HIJAS</b> Sementales	0.47	0.34	0.72	0.10
<b>3 SEMENTALES 3 HIJAS</b> Sementales	0.48	0.34	0.72	0.10
<b>3 SEMENTALES 5 HIJAS</b> Sementales	0.49	0.35	0.73	0.10

## 6. DISCUSION

Los valores de las variables productivas presentados en el Cuadro 2, en especial la producción de leche por lactancia (1388 Kg) y los días en producción (260), pueden considerarse elevados si se comparan con estadísticas para ganadería de doble propósito obtenidas de estudios y encuestas aplicadas por diferentes autores. A este respecto hay que señalar que la información pertenece a vacas de ranchos que participan en un programa de transferencia de tecnología del Campo Experimental "La Posta" del INIFAP desde hace varios años y que han adoptado parte de un paquete tecnológico que se ha reflejado en el mejor comportamiento productivo de sus animales (Ruiz y Juárez, 1994). Por otra parte, de acuerdo con la información de los Cuadros 2 y 4, la variabilidad de las características es similar a la reportada por otros autores para ganado cruzado en el trópico (Juárez et al., 1989). Lo anterior está de acuerdo con lo reportado por Rao y Taneja (1986) quienes mencionan que existe mayor variación entre características productivas en sistemas de producción basados en ganado cruzado y con utilización de diferentes sementales.

La información de los Cuadros 1 y 3 muestra, además de la preferencia que existe por parte de los productores de doble propósito hacia el uso de las razas Suizo Pardo y Holstein tanto puras como en cruces con el Cebú para mejorar sus animales, el desorden genético que existe en la ganadería de doble propósito (3101 registros de 97 genotipos diferentes para este estudio) y al que hacen referencia varios de los autores (Román y Villegas, 1986; Vaccaro et al., 1996).

Otro de los problemas graves desde el punto de vista de mejoramiento genético es la falta de información sobre la identificación de los sementales

utilizados, fundamental para cualquier esquema o programa de mejoramiento que se quiera implementar. Este problema surgió en la realización de este trabajo ya que menos del 30% de los registros (Cuadro 4) contaron con la identificación del semental y si a esto agregamos que de este porcentaje el 63% eran sementales con 1 o 2 hijas, la información utilizada se vio muy reducida.

Al estimar los efectos de número de parto y época de parto sobre producción de leche (Cuadro 12), se observó que a mayor número de parto mayor producción de leche, lo que tiene explicación biológica, toda vez que conforme la vaca alcanza su madurez fisiológica la producción de leche por lactancia es mayor.

La mayor producción de leche de aquellos animales que parieron durante la época de lluvias probablemente se debió a que estos animales iniciaron lactancia durante los meses de junio-noviembre y tuvieron oportunidad de encontrar suficiente forraje en los potreros para su alimentación, lo que a su vez les permitió mantener sus funciones biológicas sin afectar su producción de leche. Caso contrario de la mayoría de los animales que tuvieron su parto durante los meses de diciembre-mayo, donde por falta de lluvias y efecto de los vientos del norte los pastos no crecieron, ocasionando con esto escasez de forraje para la alimentación de los animales. Si a esto agregamos que generalmente en los sistemas de doble propósito no se proporciona ninguna suplementación, todo se refleja en una menor producción de leche.

## **6.1 DETERMINACION DE CONECTIVIDAD Y EVALUACION DE ANIMALES**

A diferencia de lo que se esperaba encontrar en este trabajo, en el sentido de que en la ganadería de doble propósito habría muy poca o nula relación genética

(conectividad) entre los hatos, los resultados obtenidos (Cuadros 13 y 14) de acuerdo a los métodos cualitativos utilizados, indican que aunque existen grupos con un número muy reducido de hatos conectados (2 a 4 hatos por grupo) o inclusive unidades de manejo completamente aisladas, también es un hecho que existen grupos con un buen número de hatos en los cuales al menos existe cierto grado de conectividad.

Como lo comentan los propios autores, es difícil interpretar por si solos los valores de las medidas de conectividad obtenidos con los tres métodos cuantitativos propuestos por Kennedy y Trus (1993), ya que la obtención final de la medida de conectividad para los tres métodos (el resultado de la diferencia entre la suma de los elementos diagonales y la suma de los elementos fuera de la diagonal), no constituye realmente un punto de referencia para determinar si las relaciones genéticas existentes son de buena o mala calidad o si la conectividad es alta o baja para favorecer o no la precisión de los estimadores obtenidos. Debido a esto, el valor de 114 obtenido con el método de flujo de genes, el 13.8745 resultado del método de varianza de deriva genética o el  $34.4668\sigma^2$  obtenido con el método de estimadores de varianza de las diferencias de efectos de hato, no permite determinar si existe la conectividad suficiente, tanto dentro de cada grupo identificado (Cuadros 13 y 14) como entre grupos, para obtener buenos estimadores. Tampoco se encontraron referencias en la revisión de literatura que permitieran establecer algún punto de comparación.

Lo mencionado en el párrafo anterior no significa que estas tres medidas no sean de utilidad, ya que si recordamos que es precisamente la conectividad o relación genética entre hatos, la que nos permite estimar con mayor precisión el valor genético aditivo de los individuos a través de hatos, es necesario asociar las medidas de conectividad con las evaluaciones genéticas de los animales a través

del tiempo para determinar en un momento dado la relación genética entre hatos necesaria para lograr obtener estimadores más precisos. Particularmente en este estudio, los resultados de valor genético estimado, el error estándar de predicción y la correlación entre valor genético estimado y valor verdadero para los sementales locales presentados en el Cuadro 15, se deben asociar a las medidas de conectividad obtenidas para que sean la base o punto de referencia de evaluaciones genéticas futuras.

Algo que es importante señalar, es el hecho de que los registros utilizados para el trabajo pertenecen a ranchos en los cuales se utiliza tanto la inseminación artificial como la monta natural, y que las relaciones genéticas entre los hatos se establecieron en gran parte a través del primer método reproductivo. Si recordamos que en general en la ganadería de doble propósito únicamente entre el 5 y el 7% de los productores utilizan inseminación artificial, es muy probable que la conectividad existente sea en promedio menor que la encontrada para los hatos de este estudio, lo que implica que si se realizaran evaluaciones genéticas los estimadores que se obtendrían probablemente serían menos precisos.

## **6.2 UTILIZACION DE SEMENTALES DE REFERENCIA**

De acuerdo con la información presentada en el Cuadro 16, aunque se conectó el 100% de los hatos, no se logró establecer el 100% de conectividad de acuerdo con los métodos cuantitativos utilizados, ya que el valor resultante de la diferencia entre los elementos de la diagonal con los elementos fuera de la diagonal no llegó a cero, esto según Kennedy y Trus (1993), se debe a que los hatos no se encuentran completamente balanceados con respecto al origen de sus genes. Sin embargo, sí se aumentó considerablemente la relación genética entre los hatos,

siendo de hasta 94% para el caso del método de Varianza de Deriva y una disminución de más del 50% de los estimadores de varianzas de las diferencias de los efectos de hatos.

Este aumento en la conectividad se vio reflejado en la evaluación genética de los sementales. Los resultados presentados en los Cuadros 17, 18 y 19 indican en primer lugar, que como se esperaba, el valor genético estimado para producción de leche para los sementales utilizados en los hatos en estudio prácticamente no varió por efecto de incluir las hijas de los sementales de referencia. Sin embargo, las dos medidas de precisión del valor genético estimado, es decir, el error estándar de predicción y la correlación entre el valor genético estimado y el verdadero si presentaron cambios positivos.

El error estándar de predicción disminuyó en más de un 5% (de 0.90 a 0.85) de la POBOR a la SEMEN35, darle una interpretación a esta reducción en el sentido de si es alta o suficiente depende de varios factores entre los que hay que considerar la heredabilidad de la característica y su importancia económica entre otros. Sin embargo, el cambio en sí representó el obtener estimadores del valor genético más precisos.

En cuanto a la correlación entre el valor genético estimado y el verdadero, la simulación de las hijas de los sementales de referencia representó más de un 36% de aumento en la precisión de la evaluación genética de los sementales, ya que el cambio en la correlación fue de 0.36 a 0.49.

De acuerdo a los resultados discutidos anteriormente el mayor cambio en la reducción del error estándar de predicción y en el aumento de la correlación entre valor genético estimado y valor verdadero, se dio entre POBOR y SEMEN13, es

decir, entre la población original y la población donde se simuló 1 semental de referencia con 3 hijas; el cambio cuando se generaron las otras poblaciones (entre SEMEN13 y SEMEN15, entre SEMEN15 y SEMEN33, así como entre SEMEN33 y SEMEN35) fue mucho menor que el mencionado en primer término y de la misma magnitud entre ellas. Esto indica que en el aumento de la precisión de la estimación del valor genético de los sementales, lo más importante en este estudio fue conectar todos los hatos, es decir generar la relación genética entre todos los hatos. El número de hijas (progenie) por semental de referencia o la inclusión de un mayor número de sementales de referencia fue secundario.

Lo anterior concuerda con lo mencionado por otros autores, en el sentido de que la efectividad de las comparaciones genéticas entre hatos depende en mayor medida del número de progenie (hijas) de sementales en común que de la inclusión de un mayor número de sementales (Morris et al., 1980; Foulley et al., 1983). De aquí que en la mayoría de los programas de mejoramiento donde se contempla el uso de sementales de referencia, particularmente en ganado de carne y ovinos, se utilicen de 2 a 3 sementales de referencia (Morris et al., 1980; Foulley et al., 1983; Derrick and Croston, 1990). En cuanto al número de progenie por semental local que se requiere para efectuar una comparación con otro semental local en un segundo hato, conectados estos (ambos sementales) a través de un semental de referencia, Morris et al. (1980) indicaron que es equivalente a 1.5 veces del número necesario para una comparación dentro de hato para tener la misma precisión.

El reducido cambio porcentual en el error estándar de predicción estimado y la variación observada para la característica en cuestión (producción de leche), sugieren que además de la falta de conectividad la causa que está impidiendo la obtención de estimadores más precisos es la variación que existe entre los

animales. Esta variación que puede ser considerable entre hatos, básicamente esta dada por diferencias en el manejo de los animales. Una de las características de los sistemas de producción de doble propósito y que los productores consideran como la principal ventaja, es la flexibilidad del sistema. De acuerdo al interés económico los productores modifican el manejo de los animales, dando por ejemplo una mejor alimentación a las vacas de ordeña cuando el precio de la leche es alto o dejando toda la leche al becerro en caso contrario. Estas variaciones en el manejo de los animales ocasionan a su vez fuentes de variación que afectan las evaluaciones genéticas y por consecuencia la precisión de los estimadores. Otras fuentes de variación puede ser el muestreo o diferencias genéticas sistemáticas entre hatos.

Para obtener mejores estimadores es necesario controlar esta variación, una forma de hacerlo y que está a nuestro alcance, es estableciendo un sistema de registro que permita mejorar la calidad de la información obtenida directamente de los hatos y que se utilizaría para realizar las evaluaciones de los animales. Por otro lado, una herramienta recomendada para reducir esta variación y a la vez para crear una red de conexiones entre hatos es la inseminación artificial (Foulley and Clerget-Darpoux, 1978).

Existe una gran variedad de situaciones con respecto a la factibilidad de crear una red de conexiones mediante la utilización de sementales de referencia, la mayoría está relacionada a la especie, sistema de producción, el grado de uso de IA y el grado de participación conjunta de los productores en programas organizados de selección. Para la ganadería de doble propósito es cierto que desde este punto de vista existen varios problemas, pero también grandes posibilidades de iniciar esquemas de mejoramiento genético donde, basados en un eficiente sistema de registro se planeen apareamientos dirigidos a fin de crear las relaciones genéticas necesarias que permitan hacer evaluaciones genéticas confiables.

Hasta ahora los mayores esfuerzos para resolver el problema genético en la ganadería de doble propósito han sido encaminados hacia el aprovechamiento del cruzamiento. Se han utilizado razas europeas como la suizo pardo y la holstein en cruces con ganado local, en su mayoría acebuzado, buscando una proporción (que se ha definido entre 50 y 75% de sangre europea) que garantice por un lado una aceptable productividad y por otro una buena adaptación al medio (Kropf and Chako, 1992; Cunningham and Syrstad, 1987).

Sin embargo, mediante el cruzamiento lo que más se aprovecha es la heterosis que se manifiesta en el animal cruzado. Una vez que se logre alcanzar el nivel de cruzamiento deseado aún si la intención es desarrollar una raza sintética, es indudable que la herramienta anterior debe ser complementada con un eficiente sistema de selección basado en el valor genético aditivo de los animales.

Foulley et al. (1983), así como Derrick y Croston (1990) hacen referencia para ganado de carne en Francia y para la industria borreguera UK respectivamente, de que hasta que no se implementó un esquema de sementales de referencia no era posible comparar genéticamente a los animales a través de los hatos usando registros productivos. Del mismo modo tampoco era posible conocer como se comportarían un grupo de animales adquiridos en otras unidades de manejo aún dentro de la misma región. El progreso genético que se puede alcanzar a través de un esquema de selección basado en la utilización de sementales de referencia se ha reportado para ganado de carne en más de un 30% comparado con selección individual (Morris et al., 1980) y para ganado ovino en más del 300% para características de la canal en un periodo de 4 años (Derrick and Croston, 1990).

El desarrollo de un esquema de mejoramiento genético basado en la utilización de sementales de referencia, permitiría seleccionar por valor genético

aditivo sementales locales a través de distintas unidades de manejo, para utilizarlos en otros hatos e incrementar el diferencial de selección y por ende el avance genético haciendo uso de animales superiores sin considerar el hato de origen. Así mismo, permitiría realizar algo que no se hace en ganado de doble propósito y que sería muy importante para este sistema de producción, identificar hembras superiores para utilizarlas como futuras madres de sementales. Con esto se estaría garantizando un avance genético razonable y sostenido.

## 7. CONCLUSIONES

La conectividad genética existente entre los hatos de doble propósito utilizados para el estudio, fue mayor a la esperada. Sin embargo, de acuerdo con los resultados obtenidos de la simulación de hijas de sementales de referencia en las modalidades utilizadas en este estudio, en donde disminuyó el error estándar de predicción promedio en más de un 5% y aumentó la correlación promedio entre el valor genético estimado y el valor verdadero en un 36%, es posible mejorarla para obtener mayor precisión en las evaluaciones genéticas de los animales.

El reducido cambio porcentual en el error estándar de predicción promedio aún después de haber conectado el 100% de los hatos, sugiere que además de la falta de conectividad genética, otra causa que impide la obtención de estimadores más precisos es la variación que existe entre los animales.

Para lograr incrementar la precisión de las evaluaciones, es necesario además de establecer una mayor relación genética entre los hatos, contar con un eficiente sistema de registro que permita captar información de manejo más precisa, para con esto reducir fuentes de variación no genética que afecten las evaluaciones de los animales.

ESTA TESIS NO DEBE  
SALIR DE LA BIBLIOTECA

## 8. LITERATURA CITADA

- Boldman, K.G., Kriese, L.A., VanVleck, L.D. and Kachman, S.D., 1993. A manual of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [Draft]. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service.
- Bratley, P., Fox, B.L. and Schrage, L.E., 1987. A Guide to Simulation. Springer-Verlag. New York.
- Cunningham, E.P. and Syrstad, O., 1987. Crossbreeding *Bos indicus* and *Bos taurus* For Milk Production in the Tropics. FAO. Anim. Prod. Health. Paper No. 68 Food Agric. Organ. United Nations. Rome Italy.
- Dickerson, G.E., 1973. Inbreeding and Heterosis in Animals. Proc. Anim. Breed. Genet. Symp. in Honor of Dr. J.L. Lush, p. 54-57. American Society of Anim. Sci. Champaign, Ill.
- Falconer, D.S., 1989. Introduction to Quantitative Genetics. Third Ed. Longman Scientific & Technical
- Fernando, R.L., Gianola, D. and Grossman, M., 1983. Identifying All Connected Subsets in a Two-Way Classification Without Interaction. J. Dairy Sci. 66:1399-1402

- Foulley, J.L. and Clerget-Darpoux, F., 1978. Progeny Group Size for Evaluating Natural Service Bulls Using AI Reference Sires. Ann. Geenet. Sel. Anim. 10:541-556.
- Foulley, J.L., Schaeffer, L.R., Song, H. and Wilton, J.W., 1983. Progeny Group Size in an Organized Progeny Test Program of AI Beef Bulls Using Reference Sires. Canadian J. Anim. Sci. 63: 17-26.
- Foulley, J.L., Bouix, J., Goffinet, B. and Elsen, J.M., 1990. Connectedness in genetic evaluation. In: Advances in Statistical Methods for Genetic Improvement of Livestock (Gianola D. and Hammond K., Eds) Springer-Verlag, Heidelberg, p.p. 277-308
- Garrick, D.J., 1989. Potencial Incentives For Use of Reference Sires and Across-Flock Genetic Evaluations. Sire Reference Schemes and Across-Flock Genetic Evaluation. Proceedings of a One Day Seminar: 7-14. Massey University.
- Gregory, K.E. and Cundiff, L.V., 1980. Crossbreeding in Beef Cattle. Evaluations of Systems. J. Anim. Sci. 51:1224.
- Henderson, C.R., 1973. Sire Evaluation and Genetic Trend. Proc. of the Anim. Breed. and Genet. Symp. in Honor of Dr. J. L. Lush. Blacksburg, Var.
- Henderson, C.R., 1974. General Flexibility of Linear Model Techniques for Sire Evaluations. J. Dairy Sci. 57:963.

- Henderson, C.R., 1976. A Simple Method for Computing the Inverse of a Numerator Relationship Matrix Used in Prediction of Breeding Values. *Biometrics* 32:69.
- Juárez, L.F.I., Sánchez, R.S., Castillo, R.H. y Castañeda, M.O.G., 1989. Módulo de Producción de Leche con Ganado Cruzado Holstein x Cebú y Suizo Pardo x Cebú en Pastoreo. XV Años de Investigación en Ganado de Doble Propósito. Memoria del XI Día del Ganadero del Campo Experimental La Posta. Publicación Especial. Paso del Toro, Ver. Nov., 1989.
- Kennedy, B.W., 1981. Bias and Mean Square Error from Ignoring Genetics Groups in Mixed Model Sire Evaluation. J. Dairy Sci. 65:689.
- Kennedy, B.W. and Trus, D., 1993. Considerations on Genetic Connectedness Between Management Units Under an Animal Model. J. Anim. Sci. 71:2341.
- Kropf, W. and Chacko, C.T., 1992. Merits of Using Exotic Cattle Breeds for Performance Improvement in the Tropics. 43th Annual Meeting of the EAAP, Madrid, September 1992.
- Lobo, R.B., Duarte, F.A.M. and Goncalves, A.A.M., 1984. Genetic and Environmental Effects on Milk Yield of Pitangueiras Cattle. Anim. Prod. 39:157.
- Madalena, F.E., Teodoro, L.R., Lemos, A.M., Monteiro, J.B.N. and Barbosa, R.T., 1990. Evaluation of Strategies for Crossbreeding of Dairy Cattle in Brazil. J. Dairy Sci. 73:1887.

- Patterson, H.D. and Thompson, R., 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. Biometrika 58:545.
- Petersen, P.H., 1978. A Test for Connectedness fitted for the Two-way BLUP-sire Evaluation. Acta Agriculturae Scandinavica 28. p. 360-362.
- Quaas, R.L., 1988. Additive Genetic Model with Groups and Relationships. J. Dairy Sci. 71:1338.
- Rae, A.L., 1989. Development of Industry Breeding Structures in New Zeland. Sire Reference Schemes and Across-Flock Genetic Evaluation. Proceedings of a One-Day Seminar. p. 7-14. Massey University.
- Rao, V.P. and Taneja, V.K., 1986. Genetic Variability and Sire x Mating System Interaction for Milk Yield in Holstein-Sahiwal Crosses. 3rd. World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Volume IX. p. 115-118. Lincoln, Nebraska, USA, July 16-22, 1986
- Ruiz, L.F.J. y Juárez, L.F.I., 1994. Evaluación de diferentes genotipos de ganado de doble propósito en el trópico. Investigación y Desarrollo Ganadero para el Mejoramiento Genético de Bovinos en Zonas Tropicales. Informe Técnico. Programa CONACYT-TIPP. p. 28-45. Paso del Toro, Ver., México. Mayo, 1994.
- Searle, S.R., 1987. Linear Models for Unbalanced Data. John Wiley & Sons, New York.

- Smith, C., 1962. Estimation of genetic change in farm livestock using field records. Anim. Prod. 4:239.
- Sorensen, D.A. and Kennedy, B.W., 1983. The use of the relationship matrix to account for genetic drift variance in the analysis of genetic experiments. Theor. Appl. Genet. 66:217-221
- Syrstad, O., 1990. Dairy Cattle Crossbreeding in the Tropics. The Importance of Genotype x Environmental Interactions. Livest. Prod. Sci. 24.109.
- Teodoro, R.L., Lemos, A.M., Barbosa, R.T. and Madalena, F.E., 1984. Comparative Performance of Six Holstein Friesian x Guzarat Grades in Brazil. 2. Traits Related to the Onset of the Sexual Function. Anim. Prod. 38.165.
- Thompson, R., 1979. Sire Evaluation. Biometrics 35:339.
- Thorpe, W., Kang'ethe, P., Rege, J.E.O., Mosi, R.O., Mwandotto, B.A.J. and Njuguna, P., 1993. Crossbreeding Ayrshire, Friesian, and Sahiwal Cattle for Milk Yield and Prewearing Traits of Progeny in the Semiarid Tropics of Kenya. J. Dairy Sci. 76.2001.
- Vaccaro, L. and López, D., 1995. Genetic Improvement of Dual Purpose Cattle in Latin America. Animal Genetic Resources Information, FAO, p. 15-32.
- Van Vleck, D., 1979. Summary of methods for estimating genetic parameters using simple statistical models. Cornell University Mimeo.

Van Vleck, D., 1985. Notes on the Theory and Application of Selection Principles for the Genetic Improvement of Animals. Department of Animal Science. Cornell University Ithaca, New York, p 188-211.

Villegas, C.M.C. y Román, P.H., 1986. Producción de Leche durante el Proceso de Formación de un Rancho de Doble Propósito en el Trópico. Téc. Pec. en Méx. No. 51 p.51.