

01673



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA
División de Estudios de Posgrado e Investigación

5²⁹.

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CONFORMACIÓN EN GANADO LECHERO HOLSTEIN EN MÉXICO

TESIS

QUE PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRO EN PRODUCCIÓN ANIMAL (GENÉTICA)
PRESENTA

JOSÉ MORO MÉNDEZ

ASESORES: DR. FELIPE DE JESÚS RUIZ LÓPEZ
DR. PEDRO OCHOA GALVÁN

263627



México, D. F.

junio de 1998

TESIS CON
FALLA DE ORIGEN



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.

*A la memoria de Sofía y Angela,
quienes me dieron amor
hasta el último día.*

Para Rosalía, José y Sergio,

*a quienes alguna vez prometí buscar nuevas metas que cumplir, y
quienes además han sido ejemplo, apoyo
y abrigo, siempre.*

Para Silvia,

*quien con su paciente y amorosa espera, ha hecho de estos últimos
años un tiempo irremplazable, y con quien espero compartir, siempre,
su amor a la vida.*

AGRADECIMIENTOS

Las dificultades que he encontrado para conocer una pequeña parte de la ciencia del mejoramiento animal, hubiesen hecho difícil sino imposible, la culminación de este trabajo sin la ayuda que he recibido de distintas personas e instituciones.

Estas líneas son un agradecimiento para el Dr. Felipe de Jesús Ruiz López, con quien he tenido, desde hace varios años, no sólo la oportunidad de trabajar y de establecer una experiencia de aprendizaje, sino también de recibir su amistad, su confianza y el respaldo indispensables para la culminación de este trabajo.

Gracias al Dr. Carlos Sosa Ferreira, al MSc. Héctor Castillo Rojas, al MPA. Oscar Castañeda Martínez y al TP Odilón Reyes Ruiz, por la confianza y el apoyo que me otorgaron desde nuestra colaboración en las labores del Proyecto de Mejoramiento Genético en el Campo Experimental "La Posta", en Veracruz, y principalmente, por sus amistosas palabras de aliento en el momento en que decidí realizar estudios de posgrado.

Gracias al Dr. Pedro Ochoa Galván, por su amistad y por la oportunidad brindada de pertenecer temporalmente a la plantilla de profesores del Departamento de Genética y Bioestadística.

Gracias al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), que a través del otorgamiento de una beca completa para la realización de estudios de Maestría del autor, financió la realización de esta tesis.

Gracias a la Asociación Holstein de México, A. C., por el apoyo económico, por las facilidades del espacio físico, de equipo y talento humano que amablemente brindó durante el tiempo del desarrollo de esta tesis.

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 intercambio bibliotecario.

JOSÉ MORO

José Moro Méndez

ÍNDICE

| | |
|--|----|
| RESUMEN | I |
| SUMMARY | II |
| REVISIÓN DE LITERATURA | |
| Introducción | 1 |
| Mejoramiento genético del ganado Holstein en México | 4 |
| Características de conformación en el ganado lechero y escalas utilizadas para su clasificación | 6 |
| Comparación de las escalas subjetivas y biológicas lineales | 9 |
| Homologación de la escala biológica lineal | 11 |
| Importancia de las características de conformación en la predicción de la longevidad | 12 |
| Parámetros genéticos reportados para rasgos de conformación | 18 |
| Métodos de estimación de parámetros genéticos | 21 |
| Modelos de evaluación genética | 22 |
| Estimación de parámetros y evaluaciones genéticas para rasgos de conformación de ganado Holstein en México | 25 |

| | |
|---|----|
| OBJETIVOS | 31 |
| MATERIAL Y MÉTODOS | |
| Registros de conformación | 32 |
| Base de datos | 33 |
| Edición de la base de datos | 34 |
| Base de datos para la evaluación genética | 35 |
| Base de datos para la estimación de componentes de varianza | 35 |
| Formación del archivo de pedigrí | 35 |
| Modelo estadístico | 37 |
| Estimación de componentes de varianza | 39 |
| Predicción de valores genéticos | 40 |
| RESULTADOS | |
| Estadísticas descriptivas | 41 |
| Componentes de varianza | 43 |
| Correlaciones fenotípicas y genéticas | 45 |
| Valores genéticos | 47 |

DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

| | |
|--|----|
| Estadísticas descriptivas | 48 |
| Correlaciones fenotípicas | 48 |
| Distribución de los datos | 49 |
| Estimadores de heredabilidad | 51 |
| Correlaciones genéticas | 54 |
| Consideraciones finales y conclusiones | 56 |

REFERENCIAS

60

ÍNDICE DE CUADROS Y FIGURAS

| | | |
|-----------|---|----|
| Cuadro 1 | Cambios en LPI (Canadá) y TPI (Estados Unidos) en los últimos 20 años | 8 |
| Cuadro 2 | Heredabilidades de los principales rasgos lineales de conformación | 19 |
| Cuadro 3 | Correlaciones genéticas y fenotípicas entre rasgos lineales por sistema que califican | 20 |
| Cuadro 4 | Efectos incluidos en los modelos lineales para la estimación de parámetros genéticos | 22 |
| Cuadro 5 | Modelos de evaluación para características de conformación | 24 |
| Cuadro 6 | Evaluaciones para rasgos de conformación de ganado Holstein realizadas en México | 26 |
| Cuadro 7 | Características de conformación calificadas por la Asociación Holstein de México | 28 |
| Cuadro 8 | Heredabilidades, correlaciones genéticas y fenotípicas entre las características de ubre y puntos finales en vacas Holstein mexicanas | 29 |
| Cuadro 9 | Rondas de calificación utilizadas en el análisis | 32 |
| Cuadro 10 | Estructura de la base de datos analizada | 36 |
| Cuadro 11 | Estadísticas descriptivas de los tres grupos de datos | 41 |
| Cuadro 12 | h^2 para cada rasgo de conformación (análisis univariados) | 43 |
| Cuadro 13 | h^2 para cada rasgo de conformación (análisis bivariados) | 44 |
| Cuadro 14 | Correlaciones genéticas y fenotípicas de las características de conformación | 46 |
| Figura 1 | Distribución de valores genéticos para puntos finales | 47 |

RESUMEN

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CONFORMACIÓN EN GANADO LECHERO HOLSTEIN EN MÉXICO. TESIS DE MAESTRIA EN PRODUCCIÓN ANIMAL (GENÉTICA), UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO. JOSÉ MORO MÉNDEZ. 1998. ASESORES: DR. FELIPE DE J. RUIZ LÓPEZ Y DR. PEDRO OCHOA GALVÁN.

Con el objetivo de estimar parámetros genéticos para 17 rasgos de conformación en vacas Holstein se empleó la información de los registros de primera calificación de 8954 vacas (23% hijas de sementales mexicanos, 27% hijas de sementales canadienses, 40% hijas de sementales estadounidenses y 10% con padre desconocido) distribuidas en 82 hatos y 13 estados de la República Mexicana. La información se generó en 8 rondas de calificación realizadas por la Asociación Holstein de México (una en mayo y otra en octubre de cada año) de 1994 a 1997, utilizando un sistema lineal de clasificación con una escala del 1 al 9. Se utilizó el método de máxima verosimilitud restringida libre de derivadas (DFREML) para estimar componentes de varianza aditiva y fenotípica, y el método del mejor predictor lineal insesgado (BLUP) para predecir valores genéticos, ambos mediante un modelo animal. El modelo utilizado incluyó los efectos fijos de número de lactancia, tercio de lactancia, hatoronda, clasificador, la edad a la clasificación como covariable lineal y cuadrática y el efecto aleatorio del animal. Las heredabilidades (h^2) mas bajas fueron para profundidad de ubre (0.06), textura de ubre (0.06) y calidad de hueso (0.06); las h^2 mas altas fueron para estatura (0.28), tamaño (0.23) e inserción de ubre anterior (0.18). Las correlaciones fenotípicas muestran un amplio rango desde -0.18 (entre profundidad de cuerpo y punta del anca) a 0.73 (entre estatura y tamaño). Las correlaciones genéticas muestran un rango desde -0.92 (entre aplomos de patas y ángulo de pezuñas) a 0.97 (entre profundidad de cuerpo y tamaño). Los resultados sugieren que la mayoría de los rasgos de conformación calificados en México en el ganado Holstein son susceptibles de utilizarse en programas de mejoramiento. Se recomienda realizar análisis de múltiples características que permitan el desarrollo de índices de selección para la producción de por vida en la población Holstein Mexicana. **Palabras clave: características de conformación, ganado Holstein, modelo animal, heredabilidades, correlaciones genéticas.**

SUMMARY

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR CONFORMATION TRAITS IN HOLSTEIN CATTLE IN MEXICO.

Records on 8954 Holstein cows classified for 17 linear conformation traits scored on a scale from 1 to 9 at first classification by the Holstein Association of Mexico were analyzed to estimate genetic parameters using both derivative free restricted maximum likelihood and best linear unbiased predictor methodologies with an animal model. The data base used was generated on 8 classification rounds between 1994 and 1997. The analyses were based on 8954 cows (23% daughters of mexican sires, 27% daughters of canadian sires, 40% daughters of american bulls and 10% of unknown sire) over 82 herds in 13 states of Mexico. The model included lactation, stage of lactation, herd-classification round, classifier as fixed effects, age at evaluation as both linear and quadratic covariable and animal as random effect. The lowest values of heritabilities (h^2) were found for udder depth (0.06), udder texture (0.06) and bone quality (0.06), whereas the highest values were found for stature (0.28), size (0.23) and fore udder attachment (0.18). Phenotypic correlations show a wide range between -0.18 (median suspensory and pin setting) to 0.73 (stature and size). The lowest value of genetic correlation was -0.92 (set rear legs and foot angle) and the highest value was 0.97 between body depth and size. These results suggest that most conformation traits evaluated should be employed in selection programs and selection indexes have to be developed for the Mexican Holstein population.

Keywords: conformation traits, Holstein cattle, animal model, heritabilities, genetic correlations.

REVISION DE LITERATURA

Introducción. Desde principios de siglo los criadores de ganado Holstein comenzaron a poner mayor énfasis en el mejoramiento genético del rendimiento en leche, por lo que hasta hace algunos años la evaluación de los sementales se efectuaba, casi exclusivamente, tomando en cuenta este aspecto de sus hijas. Estos criterios de selección, apoyados por sistemas bien organizados de registro de información, la producción de equipo de cómputo más poderoso, y al mismo tiempo, la generación de la teoría de mejoramiento animal han dado por resultado que en los últimos 30 años, el incremento de la producción de leche de la raza Holstein sea de casi 3000 kg de leche, de los cuales 2500 se han atribuido al efecto de la selección (Norman y Powell, citados por Hazel *et al.*, 1994).

Investigadores y criadores notaron que conforme la intensidad de selección sobre la producción de leche por lactancia se incrementaba, algunas características físicas de las vacas resultaban afectadas. Por ejemplo, las ubres se tornaban pendulosas en las vacas con altas producciones, lo que en muchos casos era motivo de desecho (Burnside *et al.*, 1984). Por otro lado, se ha documentado la correlación genética entre el conteo de células somáticas y rasgos de conformación, y se concluye que el mejoramiento genético de algunos rasgos de conformación de la ubre tiene un efecto positivo en la presentación de conteos bajos de células somáticas, y por ende, sobre la salud de la glándula mamaria (Rogers *et al.*, 1991, Zhang *et al.* 1994). En este sentido, Lund *et al.* (1994) indican que existe cierta predisposición a mastitis en vacas con ligamento medio suspensorio débil y ubres muy profundas, mala colocación de tetas delanteras, débil inserción trasera de la ubre y tetas largas, aunque reportaron correlaciones genéticas bajas entre mastitis clínica, conteo de células somáticas y rasgos de conformación.

Factores como los que se mencionan pueden ocasionar que la vida productiva dentro del hato de esas vacas sea corta, lo que disminuye la eficiencia

productiva de por vida e incrementa los costos de operación (de Haan *et al.*, 1992), por lo que se comenzó a poner atención no sólo en la selección para producción de leche por lactancia sino también en la rentabilidad de por vida. Actualmente, la producción de leche por lactancia y la vida de hato tienden a ser consideradas como características productivas que deben ser incluidas como principal objetivo en los programas de mejoramiento genético del ganado Holstein (Klassen *et al.*, 1992; Dekkers *et al.*, 1993; Veerkamp *et al.*, 1995). Así, el mejoramiento genético de los bovinos lecheros tiende a efectuarse con base en una selección de múltiples características que incluyen, tanto rasgos productivos como de conformación, con el propósito de hacer selección de animales con altas producciones de leche y de sus componentes, además que posean características de conformación que les permitan permanecer mayor tiempo dentro del hato productivo y con esto ser más rentables (Misztal *et al.*, 1992; Ducrocq, 1993; Short y Lawlor, 1992; Brotherstone y Hill, 1991a y 1991b).

La rentabilidad de por vida es un rasgo que está directamente influido por características productivas como la producción de leche por lactancia, la edad al primer parto y el intervalo entre partos, así como por aspectos no productivos como el estado de salud, las fallas reproductivas, el manejo, los problemas de ubre, los costos de alimentación y el precio de la leche (Dentine *et al.*, 1987; Westell *et al.*, 1982; Misztal *et al.*, 1992). Un sistema de producción se puede beneficiar con vacas longevas de dos modos: si una alta proporción de vacas sobreviven a la madurez se requieren menos reemplazos y por otro lado, con más vacas longevas el promedio de edad del hato será más elevado, y así más vacas estarán produciendo a una edad madura (Burnside *et al.*, 1984). Sin embargo, el hecho de mantener más vacas, por más tiempo en un hato, puede reducir la ganancia genética anual, a menos que los reemplazos que ingresen al hato sean animales genéticamente superiores. Actualmente se considera que una vaca rentable es aquella que produce grandes cantidades de leche y que se mantiene funcional durante muchas lactancias (Misztal *et al.*, 1992), por esto, es recomendable buscar un balance en

mantener vacas longevas en el hato y obtener altas producciones de leche de por vida.

Diversos autores han realizado intentos por identificar rasgos individuales de conformación que se encuentren relacionados con la variación de la vida productiva de las vacas, de tal manera que se tenga la posibilidad de realizar selección sobre algunas características que sirvan como predictores de la producción de leche de por vida (Foster *et al.*, 1989; Brotherstone y Hill 1991a y 1991b; Short *et al.*, 1992; Klassen *et al.*, 1992; Smothers *et al.*, 1993; Dekkers *et al.*, 1994).

La capacidad de mejorar los rasgos de conformación esta en función de la habilidad de hacer evaluaciones precisas de los animales para estas características, lo que depende de la forma en que estas se midan. Sólo desde hace 15 años, se cuenta con evaluaciones más objetivas de sementales para características de conformación, dado que las escalas utilizadas por la mayoría de las asociaciones de criadores para calificar los rasgos de conformación de las vacas, hasta alrededor de 1982, no eran adecuadas para la realización de evaluaciones genéticas confiables de sementales, porque eran escalas subjetivas donde se buscaba calificar a las vacas con base en un tipo ideal. Fue hasta finales de la década de los 70's y principios de los 80's cuando se discutió la conveniencia de diseñar una escala que fuese menos susceptible de sesgo.

Por la importancia que tienen los rasgos de conformación en la producción de leche en el ganado Holstein y la necesidad de realizar estudios sobre estas características en México, el objetivo de este trabajo es estimar parámetros genéticos para características lineales de conformación en vacas Holstein en México.

Mejoramiento genético del ganado Holstein en México. Desde hace muchos años, en México se ha incorporado material genético de otros países a los hatos con sistemas especializados en producción de leche, con lo que se busca aprovechar la intensa selección a la que es sometida la población bovina de países desarrollados, principalmente Canadá y Estados Unidos. Sin embargo, pese a ser apreciable el impacto de este aporte, hasta el momento son pocos los estudios realizados con el objeto de cuantificar el progreso genético alcanzado. Al respecto, Avendaño (1989) estimó en 74 ± 56 Kg la tendencia genética para producción total de leche a partir de 3598 primeras lactancias generadas de 1978 a 1984 de vacas Holstein hijas de 107 sementales en 68 hatos distribuidos en 10 estados de la república mexicana bajo control de producción de la Asociación Holstein de México (AHM). Esta tendencia genética es inferior a la que estimaron Powell y Wiggans (1991) de 87 Kg de leche anual. Avendaño también estimó el promedio de la diferencia predecible para leche y conformación de acuerdo al origen de los sementales, encontrando que para producción de leche fue de 360 Kg para los sementales estadounidenses y 29 Kg para los sementales canadienses, en tanto que para conformación el promedio de diferencia predecible fue de 0.76 y 4.23, respectivamente.

En México, los trabajos con el objeto de estimar algunos parámetros genéticos también son escasos. Con relación a la heredabilidad de producción de leche se reporta un rango de 0.15 a 0.57 (Sosa, 1980; Díaz *et al.*, 1982; Abubakar *et al.*, 1987; Ruiz y Apodaca, 1988), la repetibilidad del mismo rasgo y del período *interparto* tienen valores reportados de 0.52 y de 0.09, respectivamente (Montaldo y Torres, 1993).

Más recientemente Ruiz *et al.* (1994) en un estudio en el que usaron 47672 lactancias de 21651 vacas (54%, 27% y 19% hijas de sementales estadounidenses, canadienses y mexicanos, respectivamente) encontraron que la duración de vida productiva en México de las vacas de acuerdo al origen de su padre es de 1.95,

2.38 y 1.93, para hijas de sementales estadounidenses, canadienses y mexicanos, respectivamente.

Por otro lado, existen datos que indican que, en los últimos años, una proporción muy pequeña de los bovinos importados a México tienen registro¹, siendo que estos animales son usados, entre otros fines, para el fomento del mejoramiento genético de los bovinos del país. Aunque el registro de los animales no es una constancia de que posean alguna evaluación genética, la utilización como pié de cría de animales importados sin registros, implica la posibilidad que se utilicen como progenitores a animales sin evaluaciones genéticas en su país de origen, lo cual representa un serio problema para la industria pecuaria nacional.

En México, las evaluaciones genéticas para conformación de los bovinos lecheros, las realizó la AHM utilizando información de calificaciones que se generan desde marzo de 1961 en algunas de las vacas que mantiene bajo registro. A partir de 1994 las calificaciones se realizan bajo un sistema modificado con el objeto de seguir las recomendaciones de la Federación Mundial Holstein Friesian y del Comité Internacional de Registros de Producción Animal (WHFF e ICAR, por sus siglas en inglés, respectivamente) que establecen la existencia de 12 características principales y 2 secundarias en un sistema lineal de calificación. Esta información de conformación de ganado Holstein es susceptible de ser utilizada en la estimación de parámetros genéticos que permitan realizar evaluaciones, tanto de las vacas, como de los sementales utilizados en las explotaciones lecheras mexicanas, con el objeto de formar una base para la selección de animales altamente productivos, funcionales y mejor adaptados a las características del sistema especializado en producción de leche en México.

¹De 1992 a 1995 se importaron a México 564,480 bovinos, de los cuales 4,748 fueron clasificados como de "alto registro" o pedigrí, según datos de la Dirección de Estudios Económicos y Comercio Internacional de la Confederación Nacional Ganadera, en su boletín de abril de 1996, página 51.

Características de conformación en el ganado lechero y escalas utilizadas para su calificación. La calificación de las características de conformación ha favorecido la identificación de sementales con posibilidad de producir hijas con aspectos de conformación que les permitan tener una vida productiva más larga (Meyer *et al.*, 1987; Brotherstone y Hill 1991a y 1991b). Por esta razón, en muchas asociaciones de ganado se realizan calificaciones de conformación, como es el caso de las asociaciones de raza Holstein de Canadá y Estados Unidos que desde 1925 y 1929, respectivamente, han mantenido registros de estas características (Schaeffer, 1983; Short y Lawlor, 1992).

En los primeros años de su aplicación, la calificación de conformación consistía en descripciones físicas que se aplicaron únicamente a las vacas registradas. El sistema de calificación era subjetivo porque se basaba en la calificación de las vacas considerando la cercanía o lejanía a un tipo ideal. Así, este sistema subjetivo no permitía realizar una comparación precisa entre las diferencias de las calificaciones o evaluaciones de vacas o toros. Este sistema, por ejemplo, consistía en Estados Unidos desde 1929 en la calificación de rasgos de conformación clasificados en 4 aspectos: *aparición general*, *carácter lechero*, *capacidad corporal* y *sistema mamario*, además de una clasificación final (Short y Lawlor, 1992). En Canadá, la calificación consistía en la evaluación subjetiva de 27 características de conformación cuyo rango abarcaba 3 niveles (regular, bueno, excelente) (Schaeffer *et al.*, 1978).

Para eliminar la subjetividad en la calificación de las vacas se comenzaron a realizar modificaciones a los sistemas utilizados, de modo que se buscó evaluar desde un punto de vista biológico la expresión fenotípica de los rasgos utilizando escalas lineales, que al considerar un rasgo de un extremo biológico al otro, eliminaran el sesgo debido a la apreciación del calificador, que en el sistema subjetivo podría introducirse en las evaluaciones de las vacas. Puede decirse que el tipo ideal cambió a ser un tipo funcional, que representa las características óptimas de conformación para la raza Holstein.

En Canadá, en 1978 se realizó la introducción de un sistema biológico lineal de calificación de 27 rasgos en una escala del 1 al 9 con una calificación final de 60 a 100 puntos, y desde 1983 se introdujo un Programa de Calificación Mejorado, que incluye la medición objetiva de algunos rasgos, como estatura, longitud de pezones, anchura y altura de ubre (Schaeffer, 1983; Holstein Association of Canada, 1997).

En Estados Unidos, en 1967 se registraban 11 rasgos bajo el esquema subjetivo y desde 1983, la Asociación Nacional de Criadores de Estados Unidos (NAAB, por sus siglas en inglés) adoptó una escala lineal que sustituyó a la anterior escala subjetiva (Short y Lawlor, 1992). Este cambio también significó la calificación de las vacas "grade" o sin registro, además de las registradas. Este nuevo sistema lineal consistía en la medición de 18 características calificadas en una escala biológica del 1 a 50 y una calificación final de 50 a 100 (Thompson *et al.*, 1981). Poco después, el comité de la NAAB encargado de la estructuración de una escala lineal propuso la reducción del número de características evaluadas a 14 sobre una base de 50 puntos (Short y Lawlor, 1992; Short *et al.*, 1991).

Canadá y Estados Unidos son los países donde se ha realizado un mayor esfuerzo en la selección para producción de leche y conformación, además de ser los principales exportadores de material genético a México. Canadá fue de los primeros países donde se realizó la evaluación y selección del ganado Holstein con base en otorgarle a la producción y a la conformación ponderaciones relativas de 1:1, respectivamente², lo que puede ser, entre otros factores, una de las causas por la que la tendencia genética para producción de leche de Canadá sea menor a la tendencia lechera de Estados Unidos. Por otro lado, puede apreciarse que algunas características asociadas a los rasgos de conformación, como la longevidad o la vida productiva en el caso del ganado canadiense son mayores, de este modo, como ya se ha mencionado, el promedio de lactancias de por vida en las vacas

²M. Sc. Ignacio Mondragón Vazquez, Semex-Canada de México, comunicación personal.

canadienses es de 0.43 lactancias más que en las vacas estadounidenses (Ruiz *et al.*, 1994).

En Estados Unidos, la selección para el ganado Holstein ha sufrido cambios en los últimos 20 años que revelan un mayor interés por balancear la selección de mayores producciones de leche, con mejor conformación, lo que les permita a las vacas alcanzar un mayor número de lactancias de por vida. Estos cambios pueden observarse en el cuadro 1, donde se muestran las modificaciones al LPI y TPI usado por la Asociación Holstein de Canadá y de Estados Unidos, respectivamente (Holstein Association of Canada, 1997; Holstein Association USA, 1997).

CUADRO 1. CAMBIOS EN LPI (CANADA) Y TPI (ESTADOS UNIDOS) EN LOS ULTIMOS 20 AÑOS

| Año | LPI (Canadá) | TPI (Estados Unidos) |
|------|---|---|
| 1977 | No había índice | relación de 1.5 :1 entre PDM y PDT |
| 1987 | No había índice | $[2(\text{PDP}/19) + 2(\text{PDF}/22.5) + (\text{PDT}/7)]50 + 234$ |
| 1991 | 6(6 proteína + 5 grasa) + 4(3 clase final + 4 sistema mamario + 2 piernas y patas + 50 + 234 capacidad) | $[2(\text{PTAP}/19) + 2(\text{PTAF}/22.5) + (\text{PTAT}/7) + (\text{UDC}/1)]$ |
| 1997 | 7 [6 (2F/sd + 9P/sd) + 4 (1 CONF/sd + 1 FrC/sd + 4 FL/sd + 5 MS/sd)] | $[3(\text{PTAP}/19) + 1(\text{PTAF}/22.5) + 1(\text{PTAT}/7) + .65(\text{UDC}/.8) + .35(\text{FLC}/.85)]50 + 576$ |

LPI (Lifetime profit index), es un índice de selección desarrollado en 1991, aunque publicado hasta julio de 1992, que tiene dos componentes principales: producción y conformación (longevidad). F = EBV grasa; P = EBV proteína; CONF = EBV conformación; FrC = EBV estructura y capacidad; FL= EBV patas y piernas; MS= EBV sistema mamario; sd = desviación estándar genética del rasgo; EBV = valor genético estimado. (Holstein Association of Canada, 1977, 1987, 1991, 1997) .

TPI (Type-production index), es un índice de selección para múltiples características que sirve para ordenar a los toros de acuerdo a su habilidad para transmitir un balance de las características que incluye PDM = diferencia predicha para leche; PDT = diferencia predicha para tipo; PDP = diferencia predicha para proteína; PDF = diferencia predicha para grasa; PTAP = habilidad de transmisión predicha para proteína; PTAF = habilidad de transmisión predicha para grasa; PTAT = habilidad de transmisión predicha para tipo; UDC = compuesto para ubre y FLC = compuesto para patas y pezuñas (Holstein Association USA, 1977, 1987, 1991, 1997) .

En el cuadro 1 se puede apreciar que el TPI estadounidense de 1997 incluye, además de las diferencias predichas para los rasgos del TPI de 1987, un rasgo compuesto para ubres y otro rasgo compuesto para patas y pezuñas, dado que son características de conformación que se han asociado a longevidad y mayor vida en el hato. Se aprecia que actualmente la relación entre selección para leche y conformación es aproximadamente de 1.75:1 en Canadá y de 2:1 en Estados Unidos.

En otros países también ha ocurrido el cambio de una escala subjetiva a una lineal. En Francia, la Asociación Holstein comenzó a usar en 1986 una escala lineal (escala del 1 al 9) de calificación para 15 características (Ducrocq, 1993). En Alemania, desde 1982 la calificación de conformación se realiza sobre 15 características utilizando una escala del 1 al 9 (Diers y Swalve, 1990). La Sociedad de Ganado Friesian Británico de Gran Bretaña e Irlanda ha usado, desde 1983, una escala lineal calificando 16 rasgos (escala del 1 al 9) y una calificación final de 10 a 99 (Meyer *et al.*, 1987; Brotherstone *et al.*, 1990).

Comparación de las escalas subjetivas y biológicas lineales. Uno de los primeros trabajos que intentaron comparar la evaluación de conformación usando una escala biológica contra las antiguas evaluaciones, fue el de Thompson *et al.* (1981), quienes estimaron parámetros de 18 características de conformación (escala del 1 al 50) de 9054 registros de vacas Holstein y los compararon con aquellos estimadores obtenidos a partir de programas de calificación donde se calificaba a las vacas sobre un ideal, concluyendo que los estimadores de heredabilidad (h^2) para las características lineales fueron un poco más altos que los de las características evaluadas sobre un ideal, lo que el autor atribuye a la ampliación del rango de calificación logrado con la escala lineal. Además, recomendaron el uso de la escala lineal considerando que las correlaciones obtenidas permiten hacer mejores interpretaciones de las relaciones entre características.

Una desventaja de la escala subjetiva es que los estimadores no podían ser comparados de una población a otra, y en este sentido, Vinson *et al.* (1982) buscaron medir la relación entre la escala subjetiva y la lineal (escala de 50 a 99) de la Asociación Holstein de Estados Unidos, a través de relacionar la escala lineal con las medidas físicas en vacas Holstein y evaluar las diferencias que existían entre las calificaciones dadas por los calificadores, encontrando que la escala lineal pudo distinguir con razonable precisión las diferencias existentes entre los rasgos de conformación, reportando correlaciones entre las medidas físicas y las calificaciones lineales de 0.45 hasta 0.97, con la mayor parte de estos valores por arriba de 0.70. Adicionalmente encontraron que la relación entre las medidas físicas y la calificación lineal fue homogénea entre calificadores.

En otro trabajo, Smith *et al.* (1985) estimaron parámetros genéticos de 60 características de conformación medidas tanto de modo subjetivo como lineal, en 7375 vacas Holstein en su primera lactancia, entre 1972 y 1980. Las heredabilidades reportadas están en un rango de 0.03 (profundidad de talón) a 0.26 (anchura de ubre posterior), y las correlaciones genéticas de -0.35 (entre longitud de tetas traseras y longitud de cabeza) hasta 0.84 (entre altura y longitud de cabeza). Los autores reconocen que son muchas características para incluir en un programa de mejoramiento genético, por lo que recomendaron reducir el número de características calificadas a un número de entre 10 y 15.

Otra ventaja de estos esquemas biológicos de calificación lineal la pusieron en evidencia Schaeffer *et al.* (1985), quienes evaluaron el sistema de calificación lineal usado por una empresa de inseminación artificial (escala de 1 al 9) y lo compararon con los resultados de Edlun *et al.* (1979) (escala de 1 a 9), Thompson *et al.* (1981) (escala de 1 a 50) y con los de Thompson *et al.* (1983) (escala de 50 al 99), encontrando que pese a diferir en el rango de puntuación los diferentes sistemas de calificación lineal evaluados resultaron congruentes, lo cual tiene una aplicación práctica consistente en que, en el caso de la clasificación de los toros de

acuerdo a la conformación de sus hijas, no se produciría una clasificación diferente de los mismos, pese a utilizarse una escala con rangos diferentes.

En un trabajo cuyo objetivo fue el de evaluar los sistemas lineales adoptados, Thompson *et al.* (1983) utilizaron la información de la Asociación Nacional de Criadores de Estados Unidos para hacer una estimación de parámetros de 14 características lineales de conformación (escala de 50 a 99). Los autores concluyeron que esta escala lineal permitía realizar la interpretación biológica de las relaciones entre características, además, enfatizaron que la experiencia del calificador haría que estos estimadores de heredabilidad fuesen más altos al reducir la *varianza residual*. Con estos trabajos iniciales pudo apreciarse que el sistema lineal ofrecía evaluaciones más objetivas de vacas y sementales, al permitir la estimación de componentes de varianza de efectos genéticos aditivos, por lo que comenzó a incrementarse su uso, incluso por asociaciones de otras razas diferentes a la Holstein, como es el caso de la estimación de componentes de varianza para 13 características de conformación calificadas linealmente con una escala de 50 a 99 puntos en ganado Jersey realizado por Thomas *et al.* (1985).

Homologación de la escala biológica lineal. Los rangos de las escalas lineales han variado desde rangos de 1 a 9 puntos a rangos de 50 a 100 puntos para calificar desde 11 hasta 27 rasgos diferentes. En este sentido, se han realizado investigaciones con el objeto de determinar cuales son las características que tienen valores de heredabilidad suficientemente altos para ser considerados dentro de los programas de mejoramiento, y que además, tengan altas correlaciones entre sí, lo cual permitiría eliminar algunas de ellas de la calificación (Brotherstone *et al.*, 1990).

Otros estudios (Schaeffer, 1983; Meyer *et al.*, 1985, Holstein Association of Canada, 1997), al igual que los mencionados anteriormente, han sido la base de los intentos por homologar o armonizar la calificación por tipo y se han enfocado principalmente a definir cuales serían las características más adecuadas para calificar, dejando una mayor flexibilidad en cuanto la elección de los rangos de las

escalas, ya que, como se dijo anteriormente, otros estudios han demostrado que no existen diferencias significativas en la evaluación de animales por efecto de la escala (Schaeffer *et al.*, 1985). En este sentido, tanto la WHFF, como el ICAR, han determinado la utilización de 12 características de conformación principales (estatura, profundidad de cuerpo, ángulo del anca, ancho del anca, patas traseras, ángulo de pezuñas, inserción de ubre anterior, ubre posterior, ligamento medio suspensorio, profundidad de ubre, posición de tetas anteriores y tamaño de tetas anteriores) y dos características secundarias (anchura de pecho y angularidad). Las características principales se eligieron por satisfacer, entre otras las siguientes condiciones: son características sencillas, tienen importancia económica, son heredables, existe la posibilidad de medición además de la calificación y muestran variación en la población (ICAR, 1995).

Importancia de las características de conformación en la predicción de la longevidad. Con relación a la asociación entre conformación y longevidad, uno de los principales trabajos que ha realizado un análisis más profundo de las conclusiones de otros estudios acerca de la influencia de las características de conformación sobre la longevidad de las vacas, ha sido el de Burnside *et al.* (1984). Estos autores revisaron 30 trabajos publicados de 1963 a 1982, y su análisis resaltó las divergencias entre las conclusiones de los diferentes trabajos, que en esos años iban desde la negativa a considerar que las características de conformación fueran un buen indicador de la permanencia en el hato (Norman, 1972), hasta aquellas conclusiones de trabajos realizados poco después, que señalaban que estas características pueden considerarse como predictores confiables de la longevidad (Meyer *et al.*, 1987). Sin ser concluyentes, Burnside *et al.* (1984) sugieren que la clasificación de toros de acuerdo a la conformación tiene poco efecto sobre la predicción de la longevidad de las vacas, sin embargo, reconocieron que la selección de vacas con altas producciones sin hacer énfasis sobre el ligamento medio suspensorio, puede predisponer la aparición vacas con ubres colgantes.

Puede decirse que hasta mediados de la década de los 80's, los trabajos de investigación sobre rasgos de conformación se enfocaron al estudio de las características de los sistemas de calificación, a la evaluación de sus desventajas y a un análisis preliminar de la relación de estas características con la longevidad. Desde entonces y hasta la actualidad, los trabajos en este tema pueden clasificarse, de modo arbitrario, en estudios que buscan profundizar en la estimación de parámetros genéticos para evaluar toros y vacas, en el análisis de la asociación entre componentes de conformación y longevidad, y de modo paralelo, en el desarrollo de mejores métodos y modelos para hacer evaluaciones más precisas buscando criterios de selección óptimos para conformación y producción de por vida.

En general, la situación contradictoria mencionada por Burnside *et al.* (1984), en lo que se refiere a la relación entre características de conformación y producción de leche y algunos rasgos de longevidad, como la producción de por vida, persiste hasta finales de los 80's, cuando comienzan a elaborarse trabajos con un mayor volumen de información, lo cual sugiere que el uso de bases de datos de reducido volumen fue una de las posibles razones por la que se produjeron las versiones contradictorias mencionadas.

En 1985, Meyer *et al.* estimaron componentes de varianza de 27 rasgos de conformación con 18,132 registros de la primera calificación (escala 50 a 100) de vaquillas Holstein australianas y predijeron valores genéticos para sus padres. En este trabajo, los autores concluyeron que las evaluaciones de los toros eran un buen predictor de los valores genéticos para características de conformación de sus hijos e hijas, sin embargo, como en otros estudios, encontraron que la correlación genética entre las características de conformación y la producción de leche en la primera lactancia de sus hijas era muy pequeña.

Meyer *et al.* (1987), con datos de la Sociedad Británica de ganado Friesian analizaron registros de 16 características lineales de conformación (escala de 1 a 9) de 18,939 vacas de primera lactancia y 13,192 vacas en segunda lactancia para

estimar correlaciones genéticas y fenotípicas entre conformación y producción de leche, encontrando que, en general, las correlaciones genéticas entre conformación y producción y composición de leche fueron muy variables, en un rango de -0.52 a 0.24 y concluyeron que las características lineales no son útiles en la predicción de la producción de leche.

Por otro lado, Smith *et al.* (1985), tras analizar la relación entre las características de conformación y la habilidad de las vacas para permanecer mayor tiempo en el hato, reportan que la longitud intermedia de las tetas delanteras son un buen predictor de ese rasgo de vida productiva.

Foster *et al.* (1989) realizaron uno de los primeros análisis con un gran volumen de información (43,428 registros de vacas de primera lactancia) de 18 características de conformación (escala de 1 a 50) con el objeto de determinar las relaciones entre estas características y la desviación de producción de leche y grasa de esas vacas respecto a sus contemporáneas. Estos investigadores encontraron que las vacas con un carácter lechero muy angular y con ubres muy profundas, tienen una desviación positiva de 1276 y 1167 kg de leche, respectivamente; de 39 kg de grasa, para ambos rasgos; y una mayor vida de hato de 90 y 59 días más, respectivamente, al compararlas con sus contemporáneas. Con una relación moderada con respecto a estas tres variables dependientes ubican a la estatura, y señalan, aunque son cautos en sus conclusiones, que pese a ser importante la selección sobre características de conformación evaluadas linealmente, esta no sustituirá a la selección directa sobre la leche o sus componentes.

Por otra parte, Rogers y McDaniel (1989) buscaron determinar la utilidad y énfasis que debería darse a la producción de leche, profundidad de ubre, colocación de tetas y ángulo de patas medidas en la primera lactancia dentro de un programa de selección de ganado lechero, cuyas metas fueran incrementar la producción y reducir el desecho involuntario. Para esto, evaluaron 5 alternativas utilizando la teoría de índice de selección, en las que modificaron los estimadores de correlaciones genéticas y fenotípicas utilizados, encontrando que la inclusión de

profundidad de ubre, colocación de tetas y el ángulo de patas en un índice de selección para mejorar al ganado lechero comercial, resulta en pequeños incrementos en eficiencia neta. La conclusión de los autores es que el mayor beneficio de los índices que incluyen rasgos de conformación, está en la disminución del desecho involuntario, que puede presentarse como consecuencia de la reducción de la producción de leche si no se consideran estas características de conformación (profundidad de ubre, colocación de tetas y ángulo de patas) en un programa de mejoramiento.

Más recientemente, Brotherstone y Hill (1991a, 1991b) buscaron estimar las correlaciones genéticas y fenotípicas entre las calificaciones de conformación y algunos rasgos de vida productiva, como la sobrevivencia a la segunda, tercera y cuarta lactancias en vacas de registro, y además extendieron el análisis a relacionar la sobrevivencia de las vacas de registro y sin registro, dentro de la población, con las pruebas de progenie para características de conformación de sus padres. Para el primer trabajo se utilizaron 23,071 registros de vaquillas registradas calificadas de 1983 a 1984 para 16 características de conformación (escala del 1 al 9), además de sus registros de producción de leche ajustados a 305 días. Los autores encontraron que las correlaciones genéticas entre rasgos de conformación y las características de sobrevivencia fueron de hasta 0.40, siendo más altas que las existentes entre conformación y producción. En el segundo estudio buscaron la relación entre características de conformación y sobrevivencia a la segunda, tercera y cuarta lactancias de vacas con y sin registro. Asimismo, encontraron una asociación positiva entre sobrevivencia y angularidad, inserción delantera y profundidad de ubre con lo que concluyeron que la sobrevivencia dentro del hato puede predecirse, aunque no con mucha precisión, usando características de conformación. Cabe señalar que este tipo de estudios no son frecuentes en la literatura sobre el tema, debido a la difícil definición de las variables de respuesta que se buscaron para determinar la longevidad.

Short y Lawlor (1992) estimaron parámetros genéticos para características de conformación, e investigaron la correlación entre 5 características de vida productiva: presencia o ausencia de un segundo parto, 54 y 84 meses de edad, vida de hato verdadera (los meses del primer parto al último registro oficial de producción) y vida de hato funcional (la vida de hato verdadera ajustada por producción de leche en la primera lactación) con las calificaciones lineales y la producción de leche en el primer parto y, además, compararon la respuesta a la selección utilizando varios índices, usando los parámetros estimados. Para este trabajo emplearon la información de 14 rasgos de conformación medidos en una escala de 50 puntos de 128,601 vacas, encontrando que las características de vida productiva tienen baja heredabilidad con valores menores a 0.10, lo que adicional a largos intervalos generacionales, hacen que la selección directa sobre vida productiva no sea práctica para los programas de mejoramiento genético. Sin embargo, encontraron correlaciones genéticas moderadas entre las características de vida productiva y algunas de conformación, por lo que sugieren que la selección en el primer parto para algunas características de conformación, como los rasgos de ubre, puede contribuir con el mejoramiento de la duración de la vida productiva.

En general, los trabajos mencionados ofrecen evidencias del cambio en la percepción sobre la importancia de las características de conformación. Este cambio consiste en las sugerencias de agregar en la selección de ganado lechero algunas características de conformación, lo que puede reducir el desecho involuntario por causas no relacionadas con el rendimiento lechero. Esta disminución del desecho involuntario, puede incrementar los días que las vacas permanecen productivas dentro del hato.

En este sentido, más ventajas en el uso de las características de conformación se han encontrado en otros trabajos, como el que realizaron Boldman *et al.* (1992) para estimar la permanencia en el hato productivo a partir de la información de conformación. En este estudio, los autores derivaron factores de ponderación para predecir la vida productiva en el hato promedio, usando la

calificación lineal de 18 características. Asimismo, determinaron la confianza de tal predicción indirecta, usando 53,830 hijas "grade" de 917 toros. Las dos mediciones de vida productiva usadas fueron vida de hato funcional (habilidad para retrasar el desecho involuntario) y vida de hato real (habilidad para retrasar el desecho voluntario e involuntario) que fueron definidas por Ducrocq *et al.* (1988). Los autores encontraron altamente factible la predicción de la vida productiva a partir de conformación, lo cual es más práctico, dado que las características de conformación pueden estar disponibles en edad temprana, lo que no ocurre con las mediciones de la permanencia de las vacas en el hato productivo.

Se puede percibir que los avances importantes en el estudio de las relaciones entre conformación y longevidad fueron la inclusión de un mayor volumen mayor de información y la incorporación en los modelos de análisis de otras características de vida productiva asociadas más directamente con la longevidad y la rentabilidad.

En esta línea también destacan trabajos como el de Klassen *et al.* (1992), que usando un total de 176,778 clasificaciones por tipo registradas de 1981 a 1986 de vacas Holstein en Canadá, examinaron las correlaciones genéticas y fenotípicas entre producción de leche, grasa y proteína acumulada de por vida, ingreso de por vida por concepto de venta de leche sobre los costos de alimentación, días en leche de por vida y número total de lactancias con 28 características lineales de conformación. En este trabajo, los autores encontraron que las correlaciones fenotípicas entre la mayoría de las características de conformación y las características de producción de por vida estuvieron dentro del rango de 0.15 a 0.20, y por otro lado, las correlaciones genéticas más altas entre producción de por vida y rasgos de conformación las reportaron con angularidad (0.44 a 0.55) y carácter lechero (0.53 a 0.56).

Parámetros genéticos reportados para rasgos de conformación. Con las anteriores evidencias se puede apreciar el impacto que la conformación de las vacas tiene sobre otras características productivas, como la longevidad. Adicionalmente a éstos estudios se han realizado estimaciones de componentes de varianza con los cuales se calculan parámetros genéticos para las características de conformación. En los cuadros 2 y 3 se resumen algunos de los principales estimadores de heredabilidades, correlaciones genéticas y correlaciones fenotípicas que han sido obtenidos por diversos autores en diferentes países:

CUADRO 2. HEREDABILIDADES DE LOS PRINCIPALES RASGOS LINEALES DE CONFORMACION

| Rasgos** | Autores* | | | | | | | | | | |
|----------|----------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|---------|-----------|
| | 1 (EU) | 2 (CA) | 3 (IN) | 4 (EU) | 5 (EU) | 6 (IN) | 7 (AL) | 8 (EU) | 9 (CA) | 10 (FR) | 11 (DI) |
| CL | 0.28 | 0.19 | | 0.14 | 0.25 | | 0.29 | 0.23 | 0.29 | | 0.13-0.23 |
| ES | 0.59 | 0.42 | 0.44 | 0.35 | 0.36 | 0.54 | 0.44 | 0.34 | 0.48 | 0.47 | |
| PR | 0.48 | 0.29 | 0.42 | 0.15 | 0.30 | 0.36 | 0.29 | 0.28 | 0.33 | 0.36 | |
| AP | 0.19 | | 0.27 | 0.07 | 0.09 | 0.18 | | 0.09 | | | |
| UD | 0.28 | 0.14 | | 0.24 | | | 0.23 | | 0.16 | | |
| LM | 0.20 | 0.11 | 0.20 | 0.11 | 0.12 | 0.16 | 0.29 | 0.16 | 0.13 | 0.32 | 0.12-0.17 |
| CT | 0.19 | | | 0.21 | 0.18 | 0.30 | 0.33 | 0.23 | 0.21 | 0.25 | |
| FO | 0.39 | 0.29 | | 0.11 | 0.23 | | 0.11 | 0.22 | | | |
| ACA | 0.25 | 0.29 | 0.21 | 0.13 | 0.17 | 0.22 | 0.21 | 0.23 | | 0.32 | |
| ANA | | 0.22 | 0.33 | | | 0.26 | 0.26 | 0.29 | 0.41 | 0.34 | |
| LT | | | 0.26 | | | 0.32 | 0.28 | | | 0.30 | 0.37-0.43 |
| PA | | 0.17 | 0.28 | | | 0.26 | | 0.23 | | 0.36 | |
| AN | | 0.14 | 0.21 | | 0.42 | 0.22 | | 0.25 | | | |
| PU | 0.20 | | 0.20 | 0.20 | 0.24 | | | 0.25 | | | 0.26-0.28 |
| IUA | | 0.15 | | | 0.18 | 0.24 | 0.19 | 0.21 | 0.18 | | 0.18-0.20 |
| PF | | 0.17 | 0.38 | | | 0.29 | | 0.26 | 0.16 | | |

* 1=Thomas *et al.* (1985); 2=Schaeffer LR (1983); 3=Meyer K (1987); 4=Kiel *et al.* (1988); 5=Foster WW (1989); 6=Brotherstone *et al.* (1990);

7=Diers H (1990); 8=Short y Lawlor (1992); 9=Klassen *et al.* (1992); 10=Ducrocq V (1993); 11=Lund *et al.* (1994).

** CL= carácter lechero; ES= estatura; PR=profundidad de cuerpo; AP= ángulo de pezuñas; UD= ubre delanteras; LM=ligamento medio; CT= colocación de tetas; FO= fortaleza; ACA= ancho de anca; ANA= ángulo de anca; LT= largo de tetas; PA= pecho ancho; AN= angularidad; PU= profundidad de ubre; IUA= inserción de ubre anterior; PF= puntos finales.

EU=Estados Unidos; CA=Canadá; IN= Inglaterra; AL= Alemania; FR= Francia; DI= Dinamarca.

CUADRO 3. CORRELACIONES GENÉTICAS (ABAJO DE LA DIAGONAL) Y FENOTÍPICAS (ARRIBA DE LA DIAGONAL) ENTRE RASGOS LINEALES POR SISTEMA QUE CALIFICAN. VALORES MÍNIMOS, MÁXIMOS, PROMEDIO Y ENTRE PARENTESIS EL NÚMERO DE TRABAJOS REPORTADOS

| Rasgos | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 |
|--------|-------------------------|-------------------------|------------------------|------------------------|--------------------------|--------------------------|-------------------------|---------------------------|-------------------------|---------------------------|-------------------------|------------------------|--------------|-------|
| 1 | | -0.07, 0.65 0.17 (6) | 0.08, 0.65 0.30 (6) | 0.09, 0.56 0.74 (2) | | | | | | | | | | |
| 2 | -0.18, 0.81 0.45 (6) | | 0.52, 0.56 0.55 (3) | n. r. | | | | | | | | | | |
| 3 | 0.08, 0.73 0.47 (6) | n. r. | | n. r. | | | | | | | | | | |
| 4 | 0.08, 0.73 0.47 (3) | n. r. | n. r. | | | | | | | | | | | |
| 5 | | | | | | -0.05, 0.08 0.015 (3) | | | | | | | | |
| 6 | | | | | -0.2, -0.08 -0.14 (3) | | | | | | | | | |
| 7 | | | | | | | | -0.29, -0.21 -0.26 (3) | | | | | | |
| 8 | | | | | | | -0.43, 0.40 0.04 (4) | | | | | | | |
| 9 | | | | | | | | | -0.09, 0.40 0.21 (4) | -0.08, -0.02 -0.04 (3) | 0.41 (1) | 0.17, 0.71 0.36 (4) | n. r. | n. r. |
| 10 | | | | | | | | | -0.14, 0.63 0.36 (5) | -0.10, -0.04 -0.07 (2) | n. r. | 0.20 (1) | 0.08 (1) | |
| 11 | | | | | | | | | -0.17, 0.55 0.14 (3) | -0.24, -0.22 -0.23 (2) | n. r. | -0.02 (1) | -0.01 (1) | n. r. |
| 12 | | | | | | | | | 0.64 (1) | 0.27 (1) | 0.46 (1) | n. r. | n. r. | n. r. |
| 13 | | | | | | | | | 0.47, 0.93 0.65 (4) | 0.43 (1) | -0.09, 0.27 0.05 (3) | 0.71, 0.9 0.82 (2) | n. r. | n. r. |
| 14 | | | | | | | | | n. r. | 0.33 (1) | -0.11 (1) | n. r. | n. r. | n. r. |

Meyer *et al.*, (1987); Foster *et al.*, (1989); Brothstone *et al.*, (1990); Diers y Swaive (1991); Short y Lawlor (1992); Ducrocq (1993). N. r.= no reportado.

1=estatura; 2= profundidad; 3= pecho ancho; 4= lomo; 5= punta del anca; 6= anchura del anca; 7= ángulo de hueso; 8= calidad de hueso; 9= inserción ubre anterior; 10= posición tetas anteriores; 11= longitud de pezones; 12= altura ubre posterior; 13= anchura ubre posterior; 14= posición de ubre posterior.

Puede observarse en el cuadro 2, que en las heredabilidades reportadas se encuentra una amplia variación, como en el caso de la profundidad de cuerpo, con valores desde 0.15 a 0.48, o fortaleza, con un rango de 28 puntos. Sin embargo, se aprecia que en los rasgos de ubre esta variación es más reducida, con los rangos más altos de sólo 6 puntos.

En el caso de las correlaciones genéticas y fenotípicas mostradas en el cuadro 3, también puede notarse un amplio rango en los valores reportados. Esto se observa con mayor grado en las correlaciones genéticas y fenotípicas entre estatura y profundidad (rango de 0.99 y 0.73, respectivamente). La variación entre los valores reportados puede deberse a los diferentes métodos de calificación de los rasgos analizados, y a los métodos de estimación utilizados.

Métodos de estimación de parámetros genéticos. Los principales métodos utilizados en la estimación de parámetros genéticos son el Método III de Henderson, los Estimadores Cuadráticos Insegados de Mínima Varianza (MIVQUE, por sus siglas en inglés) y el método de Máxima Verosimilitud (ML, por sus siglas en inglés). Desde la década pasada se han desarrollado algoritmos para estimar componentes de varianza y covarianza basados en el método de Máxima Verosimilitud Restringida (REML, por sus siglas en inglés) (Meyer, 1988a), que genera estimadores que poseen propiedades estadísticas deseables de no negatividad, normalidad asintótica y varianza mínima. Lo anterior, aunado a que bajo ciertas condiciones puede tomar en cuenta la selección cuando se usa en el mejoramiento animal, ha favorecido su uso en cada vez un mayor número de estudios en esta área. Asimismo, en los diferentes trabajos cuyo objetivo es estimar parámetros genéticos para características lineales de conformación, se han considerado la inclusión de diversos efectos ambientales dentro de los modelos utilizados, los cuales se muestran en el cuadro 4.

CUADRO 4. EFECTOS INCLUIDOS EN LOS MODELOS LINEALES PARA LA ESTIMACION DE PARAMETROS GENETICOS DE CONFORMACION

| Autor, (año) | Efectos en el modelo | Método de estimación |
|-------------------------------------|--|-------------------------|
| Thompson <i>et al.</i> , (1983) | Clasificador, hato dentro de clasificador, edad a la calificación, edad por clasificador, estado de lactancia, semental (aleatorio) | Método III de Henderson |
| Smith <i>et al.</i> , (1985) | hato-año, mes de clasificació, estado de lactación, clasificador, semental (aleatorio) | Método III de Henderson |
| Schaeffer <i>et al.</i> , (1985) | Hato-Año-Mes; parto; semental (aleatorio) | Método III de Henderson |
| Meyer <i>et al.</i> , (1987) | hato-ronda; grupo genético; estado lactación; edad a la clasificación (covariable); semental (aleatorio) | REML |
| Diers y Swalve (1990) | año; época; región; hato; clasificador; animal registrado o sin registrar; edad al parto y días en leche (covariables); semental | Método III de Henderson |
| Brotherstone <i>et al.</i> , (1990) | Hato-Ronda-Visita; edad a la clasificación; estado de lactancia; mes de parto; proporción de ancestros Holstein (Europeos o norteamericanos); semental (aleatorio) | REML |
| Ducrocq V (1993) | edad al parto; estado de lactación; Hato-Ronda- Clasificador; animal (aleatorio) | REML |
| Misztal <i>et al.</i> , (1993) | Hato-Año-Mes; Hato*Semental; efectos de ambiente permanente (aleatorios); animal (aleatorio); grupo de padres desconocidos (aleatorio) | REML |

REML = Máxima Verosimilitud Restringida

Puede notarse que los principales efectos incluidos en los modelos reportados en la literatura son: hato*clasificador, hato-año, edad al parto, estado de la lactación (como días en leche o mes de lactación), clasificador y edad a la clasificación.

Modelos de evaluación genética. Dos de los principales modelos que se han utilizado en los últimos años para realizar evaluaciones genéticas del ganado lechero, son el Modelo Semental y el Modelo Animal. El primero de ellos se basa

en utilizar los registros de las vacas para predecir la mitad del mérito genético de sus padres. Este modelo ignora casi toda la información que pueda proporcionar cualquier relación de parentesco asociado a la línea materna, a excepción de la información del abuelo materno, en el caso del modelo semental-abuelo materno. La poca información de parentesco que se emplea en este modelo puede ocasionar que la evaluación este sesgada por efecto de apareamientos no aleatorios. Por otro lado, en el Modelo Animal, la precisión de las evaluaciones genéticas puede incrementarse debido a la inclusión de la información de todos los registros disponibles que provean información acerca del mérito genético aditivo del animal en el que se obtiene la medición, lo que adicionalmente permite eliminar el sesgo debido a la selección. Al considerar todas las posibles relaciones de parentesco incluso se pueden hacer evaluaciones genéticas de animales sin registros, por que estas evaluaciones se realizan a partir de la información de sus parientes con registros (Meyer, 1988b; Misztal *et al.*, 1993; Van Vleck, 1993).

El modelo animal se ha convertido en la primera elección cuando se trata de hacer evaluaciones genéticas de ganado lechero (Misztal y Wiggans, 1988), sin embargo, aunque su desarrollo teórico se inició desde hace varias décadas (Henderson, 1949; Henderson, 1975; Henderson y Quaas, 1976; Quaas y Pollack, 1980), su uso se difundió lentamente en los primeros años de su aparición, debido principalmente al gasto computacional requerido para invertir la matriz de relaciones genéticas aditivas entre todos los animales en el pedigrí. Este problema fue resuelto por Henderson (1976), quien descubrió un método simple para obtener los elementos de la inversa de la matriz de relaciones genéticas aditivas. A partir de ese momento pudo aprovecharse la capacidad de cómputo existente, y la utilización del modelo animal se fue generalizando. Por ejemplo, en Canadá, desde 1983 se implementó el BLUP en la evaluación de sementales utilizando un modelo semental y en 1988 se comenzaron a hacer estudios que reconocieron la factibilidad de aplicar el modelo animal en las evaluaciones genéticas de vacas y

toros para características de conformación (Meyer, 1988b; Meyer, 1989), lo cual ocurrió de modo definitivo hasta 1989 (Holstein Association of Canada, 1997). En Estados Unidos, fue hasta 1991 cuando se implementó de modo rutinario en las evaluaciones de características de conformación (Misztal *et al.*, 1993), aunque desde 1989 se usaba para las evaluaciones de características de producción de leche (Wiggans y VanRaden, 1990). En Francia, hasta 1989 la evaluación de los toros se realizaba utilizando BLUP con un modelo semental, pero a partir de ese año se analizó la posibilidad de aplicar un análisis multivariado utilizando un modelo animal (Ducrocq, 1993). En el cuadro 5 se resumen los principales modelos de evaluación genética para características de conformación en ganado Holstein que se han utilizado en los últimos 20 años, considerando trabajos de diferentes países.

CUADRO 5. MODELOS DE EVALUACION PARA CARACTERISTICAS DE CONFORMACION

| Autor (año) | Modelo | n |
|-------------------------------------|----------|----------------------------|
| Thomas <i>et al.</i> , (1985) | semental | 67644 registros |
| Schaeffer <i>et al.</i> , (1985) | semental | 56642 registros |
| Meyer <i>et al.</i> , (1987) | semental | 18939 registros |
| Diers y Swalve (1990) | semental | 2518 registros |
| Brotherstone <i>et al.</i> , (1990) | semental | 115063 registros |
| Ducrocq (1993) | animal | 28738 registros |
| Misztal <i>et al.</i> , (1993) | animal | 5.19 millones de registros |

Actualmente, la estimación y predicción de parámetros usados en la evaluación de animales se realiza en gran parte de los trabajos utilizando la metodología del mejor estimador o predictor lineal insesgado (BLUE y BLUP, respectivamente, por sus siglas en inglés) (Wiggans *et al.*, 1988; Cassell, 1988; Henderson, 1988) con un modelo animal, con lo cual se ha podido incrementar de manera importante la precisión de las evaluaciones genéticas.

Estimación de parámetros y evaluaciones genéticas para rasgos de conformación de ganado Holstein en México. Desde 1976, la AHM realiza evaluaciones anuales para producción de leche bajo un convenio de cooperación con el Departamento de Agricultura de Estados Unidos (USDA, por sus siglas en inglés). En 1989, en Estados Unidos se implementó el modelo animal para realizar las evaluaciones genéticas de aquel país, y del mismo modo, se utilizó para realizar desde ese mismo año, las evaluaciones mexicanas con 123,397 registros de 50,538 vacas (Powell y Wiggans, 1991).

En lo que a las evaluaciones para conformación se refiere, desde 1961 la AHM realiza rondas de calificación del ganado registrado y desde 1974 ha realizado algunas evaluaciones genéticas de toros para rasgos de conformación, sin llegar a mantener un sistema de evaluación rutinario, como en el caso de la evaluación para producción de leche (Asociación Holstein de México, 1974-1988). Las evaluaciones para conformación de 1974 a 1977, se hicieron utilizando las calificaciones realizadas desde 1961 de ocho sistemas corporales: apariencia general, carácter lechero, capacidad corporal, sistema mamario, ubre anterior, ubre posterior, patas y pezuñas y anca, además, se le asignaba a cada vaca una clasificación final. Las categorías que se asignaban a las vacas en función de los puntos finales eran: excelente, muy buena, más buena, buena, regular y mala. Las evaluaciones que se realizaron en ese período se expresaban en términos porcentuales, en un promedio denominado "Más buena y mejor". Este sistema consistía en considerar el número de hijas que cada toro tenía en las tres primeras categorías, de este modo, un toro con + 70 en cualquier rasgo de conformación, indicaba que 70% de sus hijas tenían clasificación de más buena, buena o excelente respecto al total de sus hijas calificadas para tal rasgo considerando las últimas 10 rondas. El sistema de calificación utilizado por AHM cambió en 1983 a ser una escala lineal similar a la utilizada en Canadá. En este sistema se calificaron, además de los rasgos del período de 1974 a 1982 (4 características

generales: apariencia general, carácter lechero, capacidad, anca y patas), otros dos rasgos nuevos: estilo y angulosidad.

En 1977 y 1983, se realizaron dos evaluaciones más para conformación que fueron expresadas como la diferencia del porcentaje promedio del total de vacas que fueron calificadas como más buenas o mejores.

Con la información generada de 1976 a 1983 de vacas de primer parto y primera calificación, incluyendo únicamente vacas con al menos 9 medias hermanas paternas, se realizó una evaluación para características de conformación, empleando la metodología BLUP usando un modelo semental, en donde se incluyeron los efectos de hato-año-época, ronda, clasificador, región y semental. Se realizaron ajustes para edad a la evaluación y estado de lactación³.

Posteriormente en 1986 y 1987 se volvieron a realizar las evaluaciones para rasgos de conformación utilizando la metodología de expresiones porcentuales de las evaluaciones de 1977 y 1983.

En el cuadro 6 se resumen algunas características de las evaluaciones mexicanas de conformación mencionadas anteriormente.

CUADRO 6. EVALUACIONES PARA RASGOS DE CONFORMACION DE GANADO HOLSTEIN REALIZADAS EN MEXICO

| Año | n | Base de datos | Método |
|--------|-------|----------------------------------|-----------------------|
| 1974* | 14280 | Marzo de 1961 a mayo de 1974 | MB y M |
| 1975* | 15971 | Marzo de 1961 a abril de 1975 | MB y M |
| 1976* | 18397 | Marzo de 1961 a mayo de 1976 | MB y M |
| 1977* | n. d. | Octubre de 1976 a agosto de 1977 | Desviación porcentual |
| 1983* | 7897 | | Desviación porcentual |
| 1985** | 16500 | Mayo de 1976 a 1983 | BLUP, modelo semental |
| 1986* | 22450 | | Desviación porcentual |
| 1987* | 22450 | | Desviación porcentual |

MB y M = promedio de Más bueno y mejor; n. d. = no disponible. Los rasgos clasificados fueron: apariencia general, carácter lechero, capacidad corporal, sistema mamario, ubre anterior, ubre posterior, extremidades y anca.

FUENTES: * Pruebas de toros por producción y tipo, ¿Qué toro?, Asociación Holstein de México, 1974-1987.

³ M. Sc. Ignacio Mondragón Vázquez, Semex-Canadá de México, comunicación personal de datos sin publicar, 1997.

Actualmente, la AHM realiza la calificación de las vacas registradas con un sistema lineal que consiste en describir las características físicas de conformación de un extremo biológico a otro. El calificador aprecia visualmente la característica y la describe en un rango de 1 a 9, realizando esta evaluación en cada vaca para las características funcionales, identificando los puntos fuertes y débiles. Esta calificación se realiza tomando en cuenta factores tales como edad, número de lactación, estado de lactación y estado de la ubre (llena o vacía). Adicionalmente, el calificador tiene la opción de anotar cualquier defecto a partir de una lista predeterminada de 17 de ellos. Después de realizar el cómputo de los puntos alcanzados para cada rasgo lineal y los defectos existentes, el calificador asigna una clasificación a cada sistema corporal y una calificación final que se establece con base en la ponderación de los puntos alcanzados para cada sistema, y de acuerdo a estos puntos finales, se asigna a cada vaca una clasificación final con las siguientes clases, de acuerdo al número de puntos finales alcanzado: excelente (E) 90 puntos o más, muy buena (VG) de 85 a 89 puntos, más buena (GP) de 80 a 84 puntos, buena (G) de 75 a 79 puntos, regular (F) de 65 a 74 y pobre (P) menos de 65 puntos.

Como se ha mencionado, el sistema de calificación usado en México por la AHM es una adaptación del sistema de calificación lineal canadiense. En el cuadro 7 se muestran las 21 características de conformación que se califican y los sistemas corporales al que pertenecen cada uno de los rasgos lineales, también se indica el valor óptimo para cada rasgo, considerando la escala del 1 al 9.

Cuadro 7. Características de conformación calificadas por la Asociación Holstein de México

| Sistema | Característica (rasgo que evalúa) | Rango de calificación | | Óptima |
|------------------------|--|-----------------------|-----------------|--------|
| | | 1 | 9 | |
| Estructura y capacidad | * estatura (altura a la grupa) | muy baja | muy alta | 9 |
| | tamaño (talla del animal) | Muy pequeña | muy grande | 9 |
| | * profundidad (profundidad del cuerpo en la costilla trasera) | muy corta | muy profunda | 7 |
| | ** anchura de pecho (anchura del piso del pecho) | Muy estrecho | muy ancho | 9 |
| | altura a la cruz | muy baja | muy alta | 9 |
| | ** lomo (fortaleza de la espalda entre la cruz y el anca) | muy débil | muy fuerte | 9 |
| Anca | * punta (altura de la punta del anca con relación a la altura de los huesos de la cadera) | muy altos | muy bajos | 5 |
| | * ancho (separación de punta a punta del anca) | Muy angosta | muy ancha | 9 |
| Patas y pezuñas | * ángulo (inclinación de la pezuña vista lateralmente) | muy bajo | muy inclinado | 7 |
| | * aplomo (grado de curvatura desde la vista lateral de las patas posteriores) | Muy rectas | muy curvas | 5 |
| | * calidad de hueso (forma de los huesos de las patas) | Muy toscos | muy planos | 9 |
| Sistema mamarío | * inserción de ubre anterior (fortaleza de la inserción de los ligamentos laterales a la pared abdominal) | muy débil | muy fuerte | 9 |
| | * posición tetas anteriores (desviación del centro del cuarto) | Muy afuera | muy adentro | 5-6 |
| | longitud de pezones anteriores | Muy cortos | muy largos | 5 |
| | * altura ubre posterior (distancia de la inserción de la parte superior del tejido secretor a la base de la vulva) | muy baja | muy alta | 9 |
| | anchura ubre posterior (anchura de la parte superior del tejido secretor) | Muy angosta | muy ancha | 9 |
| | posición de ubre posterior | | | |
| | * ligamento medio suspensorio (profundidad de la hendidura) | muy débil | muy fuerte | 9 |
| | * profundidad (desde la punta de la cadera hasta el piso de la ubre) | muy profunda | muy superficial | 5 |
| | textura (suavidad del tejido de la ubre) | muy carnosa | muy suave | 9 |
| | carácter lechero (angularidad) | no angular | muy angular | 9 |

Cabe señalar que el sistema de calificación usado en México incluye los rasgos primarios y secundarios recomendados por la WHFF y el ICAR. En el cuadro anterior se señalan los rasgos primarios (*) y secundarios (**). El resto de rasgos sin señal son incluidos a petición de los ganaderos, por considerarlos importantes para las vacas mexicanas.

Desde 1987 no se ha realizado ninguna evaluación de estos rasgos. Pérez y Ruiz (1998) con 4780 registros de primera calificación generados en las rondas de 1994 a 1995, estimaron parámetros genéticos para algunas características de ubre, utilizando la metodología del BLUP con un modelo que incluyó los efectos fijos de hato-ronda, lactancia, tercio de lactancia, edad a la calificación como covariable y el efecto aleatorio del animal. Para realizar la estimación utilizaron la metodología de máxima verosimilitud restringida libre de derivadas. Los estimadores de heredabilidad, correlaciones genéticas y fenotípicas obtenidos se muestran en el cuadro 8.

CUADRO 8. HEREDABILIDADES (h^2 , SEGUNDA COLUMNA), CORRELACIONES GENÉTICAS (ABAJO DE LA DIAGONAL) Y FENOTÍPICAS (ARRIBA DE LA DIAGONAL) ENTRE LAS CARACTERÍSTICAS DE UBRE Y PUNTOS FINALES EN VACAS HOLSTEIN MEXICANAS

| Características | h^2 | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 |
|----------------------------------|-------|------|------|------|------|------|
| Inserción de ubre anterior (1) | 0.16 | | 0.43 | 0.39 | 0.39 | 0.63 |
| Posición de tetas anteriores (2) | 0.13 | 0.85 | | 0.52 | 0.36 | 0.47 |
| Ligamento medio suspensorio (3) | 0.12 | 0.72 | 0.98 | | 0.54 | 0.62 |
| Textura de ubre (4) | 0.05 | 0.72 | 0.80 | 0.96 | | 0.47 |
| Puntos finales (5) | 0.13 | 0.84 | 0.83 | 0.84 | 0.87 | |

Pérez y Ruiz (1998).

En general, las características de ubre resultaron poco heredables, siendo la inserción de ubre anterior el rasgo con mayor heredabilidad, y la textura de ubre el rasgo con este valor más bajo. Las correlaciones genéticas, se encuentran en un rango de 0.72 a 0.98, en tanto que las fenotípicas están entre 0.36 y 0.63, lo cual

está por arriba de los valores que se reportan en Canadá y Estados Unidos para estas mismas características.

Los autores atribuyen los bajos valores de heredabilidad, a que la varianza fenotípica es afectada por efectos ambientales que actúan sobre los rasgos de conformación estudiados. Las correlaciones altas entre estos rasgos y puntos finales las relacionan con que estos rasgos de conformación representan el mayor porcentaje en la ponderación que se realiza para determinar los puntos finales.

Adicionalmente, con los estimadores genéticos mencionados, los autores calcularon la respuesta correlacionada a la selección para cada característica de ubre al seleccionar para puntos finales con diferentes intensidades de selección, encontrando que la respuesta a la selección de puntos finales resultó en incrementos generacionales del rango de 0.09 a 0.36 puntos para las diferentes características correlacionadas. Con lo anterior, concluyeron que los parámetros genéticos estimados pueden ser incluidos en programas de mejoramiento y obtener mejoras al aprovechar las respuestas correlacionadas a la selección, por lo que sugieren que es necesario contar con un programa de calificación que permita incluir un mayor número de registros de vacas de primer parto para realizar evaluaciones genéticas de conformación.

Las vacas bajo registro y control de producción de la AHM cuentan con información confiable de pedigrí y con una base de datos de conformación que se incrementa periódicamente. Por lo anterior, es importante su aprovechamiento en la estimación de componentes de varianza y la predicción de valores genéticos para rasgos de conformación, con lo que en el futuro se tendrán las bases para la elaboración de programas de mejoramiento genético, cuyo propósito sea la selección de bovinos con alta producción de leche y sus componentes, que al mismo tiempo, manifiesten una estructura de conformación que les permita tener la capacidad de manifestar una larga vida productiva.

OBJETIVOS

Objetivo general

Estimar parámetros genéticos para las siguientes características lineales de conformación: estatura, tamaño, profundidad de cuerpo, anchura de pecho, fortaleza del lomo, punta y anchura del anca, ángulo de patas, aplomos, calidad de hueso, inserción de ubre anterior, posición de tetas anteriores, altura y anchura de ubre posterior, ligamento medio suspensorio, profundidad de ubre y textura de ubre en vacas Holstein en México.

Objetivos específicos

Estimar componentes de varianza y covarianza, para las características lineales de conformación mencionadas.

Estimar correlaciones genéticas y fenotípicas para las características lineales de conformación mencionadas.

Predecir valores genéticos de los animales bajo estudio para las características lineales de conformación mencionadas.

MATERIAL Y METODOS

Registros de conformación. Se utilizaron 10,414 registros de calificación de conformación de vacas Holstein hijas de sementales mexicanos, estadounidenses y canadienses, generados en 8 rondas dentro del Programa Clasificación de la Asociación Holstein de México (AHM).

Las fechas de las rondas de calificación y el numero de registros de cada una de ellas se muestran en el cuadro 9:

Cuadro 9. Rondas de calificación utilizadas en el análisis

| Fechas | Número de registros |
|-----------------|----------------------------|
| Mayo de 1994 | 1,442 |
| Octubre de 1994 | 1,093 |
| Mayo de 1995 | 1,342 |
| Octubre de 1995 | 962 |
| Mayo de 1996 | 1,573 |
| Octubre de 1996 | 1,177 |
| Mayo de 1997 | 1,670 |
| Octubre de 1997 | 1,155 |
| TOTAL | 10,414 |

Las rondas correspondientes a 1994 fueron evaluadas por un calificador de la Asociación Holstein de Canadá, las rondas de 1995 fueron calificadas por un

calificador mexicano de AHM y las rondas de 1996 y 1997 fueron evaluadas por dos calificadores mexicanos de AHM.

Base de datos. La información de las rondas de calificación se almacenó en una base de datos que contenía la siguiente información:

Propietario, registro, arete, año de nacimiento, mes de nacimiento, identificación del padre, identificación de la madre, año de parto, mes de parto, número de lactancia, calificador

Características primarias de conformación:

estatura

calidad de hueso

profundidad de cuerpo

punta del anca

anchura del anca

ángulo de pezuñas

aplomos

inserción de ubre anterior

posición de tetas anteriores

altura de ubre posterior

ligamento medio

profundidad de ubre

Características secundarias de conformación:

anchura de pecho

fortaleza del lomo

Características adicionales:

- tamaño
- anchura de ubre posterior
- textura de ubre

Puntos finales.

Adicionalmente a los rasgos de conformación mencionados, se tenían clasificaciones para los diferentes sistemas corporales: estructura y capacidad, anca, patas y pezuñas y sistema mamario.

Además, se crearon las siguientes variables: edad a la calificación, edad al parto, tercio de lactancia y hato-ronda de calificación. Las vacas fueron clasificadas por grupos de primera, segunda y tercera o más lactancias.

Edición de la base de datos. A partir de la base de datos original (n=10,414), para mantener un adecuado número de registros por cada nivel de los efectos fijos incluidos en el modelo, se eliminaron registros utilizando los siguientes criterios:

- registros de vacas con menos de 20 meses de edad al parto.
- registros de vacas con primer parto en 1980 o antes
- registros de vacas con más de 20 meses en producción al momento de la clasificación
- segundos y posteriores registros de calificación.
- registros con errores irre recuperables de información, tales como errores en fechas de nacimiento, de parto o inicio de lactancia.

El objeto de eliminar registros de segundas y posteriores calificaciones es evitar el sesgo por la reclasificación que ha sido mencionado por otros autores (Meyer, 1987) y que también podría existir en México, que consiste en que bajo el

actual sistema de clasificación una vaca no puede obtener una clasificación menor a la que obtuvo en una ronda previa de clasificación.

Base de datos para la evaluación genética. Después de realizar la mencionada eliminación de registros, la base de datos se redujo a 8,954 vacas con registros de primera calificación, a partir de las cuales se realizó la evaluación genética, después de complementar su pedigrí y todas las relaciones de parentesco posibles.

Base de datos para la estimación de componentes de varianza. Con el objeto de aumentar la probabilidad de convergencia en la estimación de componentes de varianza y covarianza, a partir del archivo descrito en el párrafo anterior, se formó un archivo de datos donde sólo se incluyeron grupos de al menos 10 medias hermanas paternas y registros de hatos-ronda de calificación con al menos 5 vacas calificadas.

El archivo de datos usado en esta estimación de componentes de varianza consistió en 5,587 registros. A partir de este archivo se calcularon las correlaciones genéticas y fenotípicas. Los componentes de varianza estimados con este grupo de datos se utilizaron en la predicción de valores genéticos.

Formación del archivo de pedigrí. Al momento de crear los archivos de datos para la estimación de componentes de (co)varianza y para la predicción de valores genéticos, se generaron los archivos de pedigrí correspondientes. Estos archivos se formaron con la información de la identificación de las vacas calificadas, de su padre, de su madre, año y mes de nacimiento de la vaca. Adicionalmente, los archivos del pedigrí se complementaron con 414 y 5,513 registros existentes en línea ascendente por ambos lados paterno y materno, respectivamente. Para lo anterior se desarrollaron algoritmos en Fortran y se

usaron archivos de pedigrí con 145,000 registros disponibles en AHM. El archivo de pedigrí completo utilizado para la estimación de componentes de varianza almacenó a 14,739 animales y el utilizado en la predicción de valores genéticos a 21,010 animales.

En el cuadro 10 se muestra un resumen de la estructura de la base de datos de conformación. Se presentan las características de los tres grupos de datos utilizados para el análisis.

Cuadro 10. Estructura de las bases de datos analizadas

| | BASE DE DATOS | | |
|---|---------------|-----------------------------|---|
| | ORIGINAL | PARA LA EVALUACION GENETICA | PARA LA ESTIMACION DE COMPONENTES DE VARIANZA |
| Registros | 10,414 | 8,954 | 5,587 |
| Toros con 9 o menos hijas | 1,010 | 1,041 | 0 |
| Toros con 10 o más hijas | 230 | 197 | 194 |
| Número máximo de hijas/toro | 215 | 178 | 177 |
| Número de hatos | 95 | 94 | 74 |
| Número de estados | 13 | 13 | 12 |
| Número de hatos-ronda | 331 | 325 | 265 |
| Número de hatos-ronda > 4 vacas calificadas | 275 | 268 | 232 |
| Total de animales incluyendo ancestros | | 21,010 | 14,739 |
| Registros de 1a lactancia | 6,636 (64%) | 6,272 (70%) | 4,310 (77%) |
| Registros de 2a lactancia | 2,152 (21%) | 1,483 (17%) | 818 (15%) |
| Registros de 3ª o más lactancias | 1,626 (15%) | 1,199 (13%) | 459 (8%) |
| Registros de padre estadounidense | 3,746 (36%) | 3,614 (40%) | 2,243 (40%) |
| Registros de padre canadiense | 3,320 (32%) | 2,423 (27%) | 2,065 (37%) |
| Registros de padre mexicano | 2,351 (22%) | 2,010 (23%) | 1,279 (23%) |
| Registro sin padre identificado | 997 (10%) | 907 (10%) | 0 |
| Registros por calificador 1 | 1,442 (14%) | 1,422 (16%) | 826 (15%) |
| Registros por calificador 2 | 6,451 (62%) | 5,307 (59%) | 3,324 (60%) |
| Registros por calificador 3 | 2,521 (24%) | 2,225 (25%) | 1,437 (25%) |

Modelo estadístico. El modelo utilizado incluyó como efectos fijos el número de lactancia, el tercio de lactancia, el hato-ronda de calificación, el calificador, la edad a la calificación como covariable lineal y cuadrática y el efecto del animal como aleatorio.

En notación matricial, el modelo lineal univariado utilizado para realizar la estimación de los componentes de varianza y la predicción de los valores genéticos fue:

$$y = Xb + Zu + e$$

donde:

y es el vector, N X 1, de observaciones,

X es una matriz, N X p, que asocia los efectos fijos en b con y, y contiene la covariable edad a la calificación,

b es el vector, p X 1, de efectos fijos y coeficientes de regresión lineal y cuadrático para la edad a la calificación, asociados con los registros en y,

Z, es una matriz de incidencia, N X q, que asocia los efectos de u con y,

u es el vector (q X 1) de efectos aleatorios asociados con y,

e es el vector (N X 1) de efectos aleatorios residuales.

El modelo para los análisis bivariados que se utilizó para obtener las correlaciones genéticas fue:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

donde:

y_1 y y_2 son los subvectores ($N \times 1$) de observaciones,

X_1 y X_2 son submatrices de incidencia ($N \times p$) que asocian los efectos de b_1 y b_2 con y_1 y y_2 , respectivamente,

b_1 y b_2 son los subvectores ($p \times 1$) con los efectos fijos y los coeficientes de regresión (lineal y cuadrático para edad a la calificación), asociados con los registros en y_1 y y_2 , respectivamente,

Z_1 y Z_2 son submatrices de incidencia ($N \times q$) que asocian los efectos de u_1 y u_2 con y_1 y y_2 , respectivamente,

u_1 y u_2 son los subvectores ($q \times 1$) de efectos aleatorios asociados con y_1 y y_2 , respectivamente,

e_1 y e_2 , son los subvectores ($N \times 1$) de efectos aleatorios residuales.

Las correlaciones fenotípicas entre todas las características lineales de conformación se obtuvieron mediante el procedimiento PROC CORR de SAS, empleando el archivo con 5,587 registros.

El cálculo de los componentes de varianza y covarianza se realizó mediante el método de máxima verosimilitud restringida (REML; Patterson y Thompson, 1971) usando el método libre de derivadas (Meyer, 1988a) con los programas de Máxima Verosimilitud Restringida Libre de Derivadas para Múltiples Características (MTDFREML, por su siglas en inglés) del Departamento de Agricultura de Estados Unidos (Boldman et al., 1995). El MTDFREML emplea el método simplex descrito por Nelder y Mead (1965), que es un método para localizar el mínimo de una función con respecto a varias variables.

Las heredabilidades se calcularon dividiendo el estimador de la varianza aditiva, σ_a^2 , entre el estimador de la varianza fenotípica, σ_p^2 (Van Vleck, 1992). Las correlaciones genéticas aditivas se calcularon con:

$$r_{a_1a_2} = \frac{\sigma_{a_1a_2}}{\sigma_{a_1}\sigma_{a_2}}$$

Falconer, 1989.

donde:

$r_{a_1a_2}$ es la correlación genética aditiva entre las características 1 y 2,

$\sigma_{a_1a_2}$ es la covarianza genética aditiva entre las características 1 y 2,

σ_{a_1} y σ_{a_2} , son las desviaciones estándar genéticas aditivas de las características 1 y 2, respectivamente.

Estimación de componentes de varianza. La estimación de parámetros genéticos utilizando la metodología de modelos mixtos con REML puede tomar en cuenta el sesgo por selección cuando se incluyen en el análisis todas las relaciones genéticas existentes en los animales a estudiar (Pollak *et al.*, 1984; Van der Werf y De Boer, 1990). Por otro lado, algunos autores han señalado que la estimación de parámetros genéticos de rasgos de conformación con REML es robusta aun en datos que no se ajustan a una distribución normal multivariada (Banks *et al.*, 1985; Jairath *et al.*, 1994). Adicionalmente, en otros trabajos se ha sugerido realizar una transformación logarítmica de las calificaciones lineales con el objeto de corregir o eliminar el sesgo debido a la selección, sin embargo, no se han encontrado

diferencias significativas en estimaciones de parámetros genéticos usando datos sin transformar y transformados (Jairath *et al.*, 1994). En el presente trabajo no se realizó ninguna transformación de los datos analizados.

El procedimiento de estimación de los componentes de varianza consistió en dar valores iniciales (varianza aditiva de 1 a 3, y varianza fenotípica de 4 a 9) a las matrices de varianzas y covarianzas (R) de efectos residuales, e y para la matriz de varianzas y covarianzas (G) del vector de valores genéticos, u . A partir de estos valores, el proceso iterativo terminó hasta alcanzar una combinación de valores que maximizó el logaritmo de verosimilitud de los datos. En todos los análisis se consideró que la convergencia a un máximo global se alcanzó cuando al menos en 3 análisis se obtuvieron componentes de varianza con diferencias de menos de 0.001. Inicialmente se realizaron análisis univariados para los 17 rasgos lineales de conformación y para puntos finales. Se utilizó un criterio de convergencia de 1.d-6.

Los componentes de varianza estimados en los análisis univariados fueron utilizados como valores iniciales en análisis bivariados para obtener las correlaciones genéticas. Estos análisis bivariados se realizaron entre rasgos dentro de cada sistema que califican: estructura y capacidad, anca, patas y pezuñas y sistema mamario.

Predicción de valores genéticos. Para realizar la predicción de los valores genéticos para cada rasgo se utilizaron los componentes de varianza estimados en los análisis univariados, empleando la metodología del mejor predictor lineal insesgado (BLUP) descrita por Henderson (1984).

RESULTADOS

Estadísticas descriptivas. En el cuadro 11 se muestra el número de observaciones (n), la media general, la desviación estándar (d. e.) y el coeficiente de variación (c. v.) de las variables analizadas:

Cuadro 11. Estadísticas descriptivas de los tres grupos de datos

| Característica (valor óptimo) | Original (n=10,414) | | | Para la evaluación genética (n=8,954) | | | Para la estimación de componentes de varianza (n=5,587) | | |
|---------------------------------|---------------------|-------|-------|---------------------------------------|-------|-------|---|-------|-------|
| | media | d. e. | c. v. | media | d. e. | c. v. | Media | d. e. | c. v. |
| Estatura (9) | 6.95 | 1.33 | 19.1 | 6.87 | 1.33 | 19.3 | 6.86 | 1.31 | 19.0 |
| Tamaño (9) | 6.79 | 1.47 | 21.6 | 6.69 | 1.48 | 22.1 | 6.63 | 1.46 | 22.0 |
| Profundidad (7) | 6.43 | 1.47 | 22.8 | 6.31 | 1.47 | 23.3 | 6.28 | 1.44 | 22.9 |
| Anchura de pecho (9) | 6.44 | 1.59 | 24.7 | 6.35 | 1.60 | 25.2 | 6.28 | 1.58 | 25.2 |
| Lomo (9) | 6.71 | 1.61 | 23.9 | 6.69 | 1.63 | 24.3 | 6.65 | 1.59 | 23.9 |
| Punta del anca (5) | 5.16 | 1.14 | 22.0 | 5.20 | 1.17 | 22.5 | 5.23 | 1.17 | 22.4 |
| Anchura del anca (9) | 6.87 | 1.33 | 19.3 | 6.79 | 1.33 | 19.5 | 6.71 | 1.31 | 19.5 |
| Angulo (7) | 5.88 | 1.34 | 22.7 | 5.84 | 1.33 | 22.7 | 5.80 | 1.31 | 22.6 |
| Aplomos (5) | 5.58 | 1.10 | 19.7 | 5.60 | 1.12 | 20.0 | 5.58 | 1.12 | 20.1 |
| Calidad de hueso (9) | 6.95 | 1.46 | 21.0 | 6.90 | 1.44 | 20.8 | 6.86 | 1.40 | 20.4 |
| Inserción ubre anterior (9) | 5.82 | 1.48 | 25.4 | 5.75 | 1.44 | 25.0 | 5.71 | 1.41 | 24.7 |
| Posición tetas anteriores (5-6) | 5.59 | 1.58 | 28.2 | 5.51 | 1.56 | 28.3 | 5.49 | 1.54 | 28.1 |
| Altura inserción posterior (9) | 5.77 | 1.51 | 26.1 | 5.57 | 1.43 | 25.6 | 5.62 | 1.41 | 25.1 |
| Anchura inserción posterior (9) | 5.41 | 1.58 | 29.2 | 5.21 | 1.48 | 28.4 | 5.14 | 1.45 | 28.2 |
| Ligamento medio (9) | 6.68 | 1.39 | 20.8 | 6.58 | 1.39 | 21.1 | 6.58 | 1.37 | 20.8 |
| Profundidad de ubre (5) | 5.09 | 0.78 | 15.3 | 5.11 | 0.81 | 15.8 | 5.13 | 1.80 | 35.1 |
| Textura de ubre (9) | 6.85 | 1.33 | 19.4 | 6.77 | 1.33 | 19.6 | 6.74 | 1.32 | 19.6 |
| Puntos finales (100) | 80.8 | 4.54 | 5.6 | 80.3 | 4.11 | 5.1 | 80.1 | 3.89 | 4.9 |

Las estadísticas descriptivas de los tres grupos de datos utilizados en este trabajo son similares, lo que sugiere que los criterios de eliminación no causaron sesgo importante en los datos analizados.

Las medias de los rasgos que determinan estructura y capacidad tienen un rango de 6.28 a 6.95, las de los rasgos que determinan la forma y funcionalidad de las patas y anca están entre 5.16 a 6.87 y los que determinan el sistema mamario se encuentran entre 5.09 y 6.85.

Componentes de varianza. En el cuadro 12 se muestran los componentes de varianza aditiva y fenotípica estimados para cada rasgo y la heredabilidad obtenida en los análisis univariados:

Cuadro 12. Heredabilidades por cada rasgo lineal y para puntos finales

| Sistemas corporales | Característica | σ^2_a | σ^2_p | h^2 |
|------------------------|------------------------------|--------------|--------------|-------|
| Estructura y capacidad | Estatura | 0.322 | 1.152 | 0.28 |
| | Tamaño | 0.294 | 1.26 | 0.23 |
| | Profundidad de cuerpo | 0.157 | 0.981 | 0.16 |
| | Anchura de pecho | 0.182 | 1.33 | 0.14 |
| | Lomo | 0.181 | 1.37 | 0.13 |
| Anca | Punta del anca | 0.139 | 1.20 | 0.12 |
| | Anchura de anca | 0.137 | 1.11 | 0.12 |
| Patas y pezuñas | Angulo de pezuñas | 0.126 | 1.31 | 0.10 |
| | Aplomos de patas | 0.125 | 1.07 | 0.12 |
| | Calidad de hueso | 0.078 | 1.22 | 0.06 |
| Sistema mamario | Inserción ubre anterior | 0.261 | 1.48 | 0.18 |
| | Posición de tetas anteriores | 0.216 | 1.31 | 0.16 |
| | Altura inserción posterior | 0.187 | 1.49 | 0.13 |
| | Anchura inserción posterior | 0.145 | 1.85 | 0.08 |
| | Ligamento medio | 0.102 | 1.61 | 0.06 |
| | Profundidad de ubre | 0.029 | 0.517 | 0.06 |
| | Textura de ubre | 0.089 | 1.36 | 0.06 |
| | Puntos finales | 1.47 | 10.36 | 0.14 |

σ^2_a = varianza aditiva, σ^2_p = varianza fenotípica, h^2 = heredabilidad.

En el cuadro 13 se muestran los valores mínimos y máximos de los componentes de varianza aditiva y fenotípica y los valores de heredabilidad máximos obtenidos en los análisis bivariados para cada rasgo lineal y para puntos finales:

Cuadro 13. Valores mínimos y máximos de los componentes de varianza estimados y promedio de heredabilidad de los rasgos lineales y puntos finales a partir de los análisis bivariados

| Sistemas | Característica | σ^2_a | | σ^2_p | | h^2 |
|-------------------|--------------------------------|--------------|--------|--------------|--------|-------|
| | | Mínimo | máximo | Mínimo | máximo | |
| corporales | | | | | | |
| Estructura | Estatura | 0.313 | 0.317 | 1.149 | 1.151 | 0.27 |
| Y capacidad | Tamaño | 0.288 | 0.297 | 1.243 | 1.258 | 0.23 |
| | Profundidad de cuerpo | 0.153 | 0.158 | 0.980 | 0.981 | 0.16 |
| | Anchura de pecho | 0.188 | 0.198 | 1.330 | 1.331 | 0.14 |
| | Lomo | 0.180 | 0.186 | 1.371 | 1.374 | 0.13 |
| Anca | Punta del anca | 0.140 | 0.154 | 1.196 | 1.201 | 0.12 |
| | Anchura del anca | 0.151 | 0.161 | 1.111 | 1.113 | 0.14 |
| Patas | Ángulo de pezuñas | 0.116 | 0.125 | 1.305 | 1.306 | 0.09 |
| Y pezuñas | Apíomos | 0.122 | 0.125 | 1.065 | 1.067 | 0.11 |
| | Calidad de hueso | 0.072 | 0.083 | 1.224 | 1.225 | 0.06 |
| Sistema mamario | Inserción de ubre anterior | 0.254 | 0.262 | 1.465 | 1.476 | 0.17 |
| | Posición de tetas anteriores | 0.211 | 0.223 | 1.311 | 1.317 | 0.17 |
| | Altura de inserción posterior | 0.188 | 0.198 | 1.484 | 1.496 | 0.13 |
| | Anchura de inserción posterior | 0.144 | 0.156 | 1.848 | 1.854 | 0.08 |
| | Ligamento medio suspensorio | 0.094 | 0.102 | 1.610 | 1.616 | 0.06 |
| | Profundidad de ubre | 0.027 | 0.029 | 0.516 | 0.516 | 0.05 |
| | Textura | 0.091 | 0.113 | 1.350 | 1.357 | 0.08 |
| | Puntos finales | 1.406 | 1.618 | 10.343 | 10.422 | 0.15 |

Los valores mínimos y máximos de los componentes de varianza se obtuvieron al realizar los análisis bivariados dentro de cada sistema corporal. El valor de heredabilidad reportado es el valor máximo que se alcanzó en los análisis bivariados. Los Puntos finales se analizaron con cada uno de los rasgos lineales en los análisis bivariados.

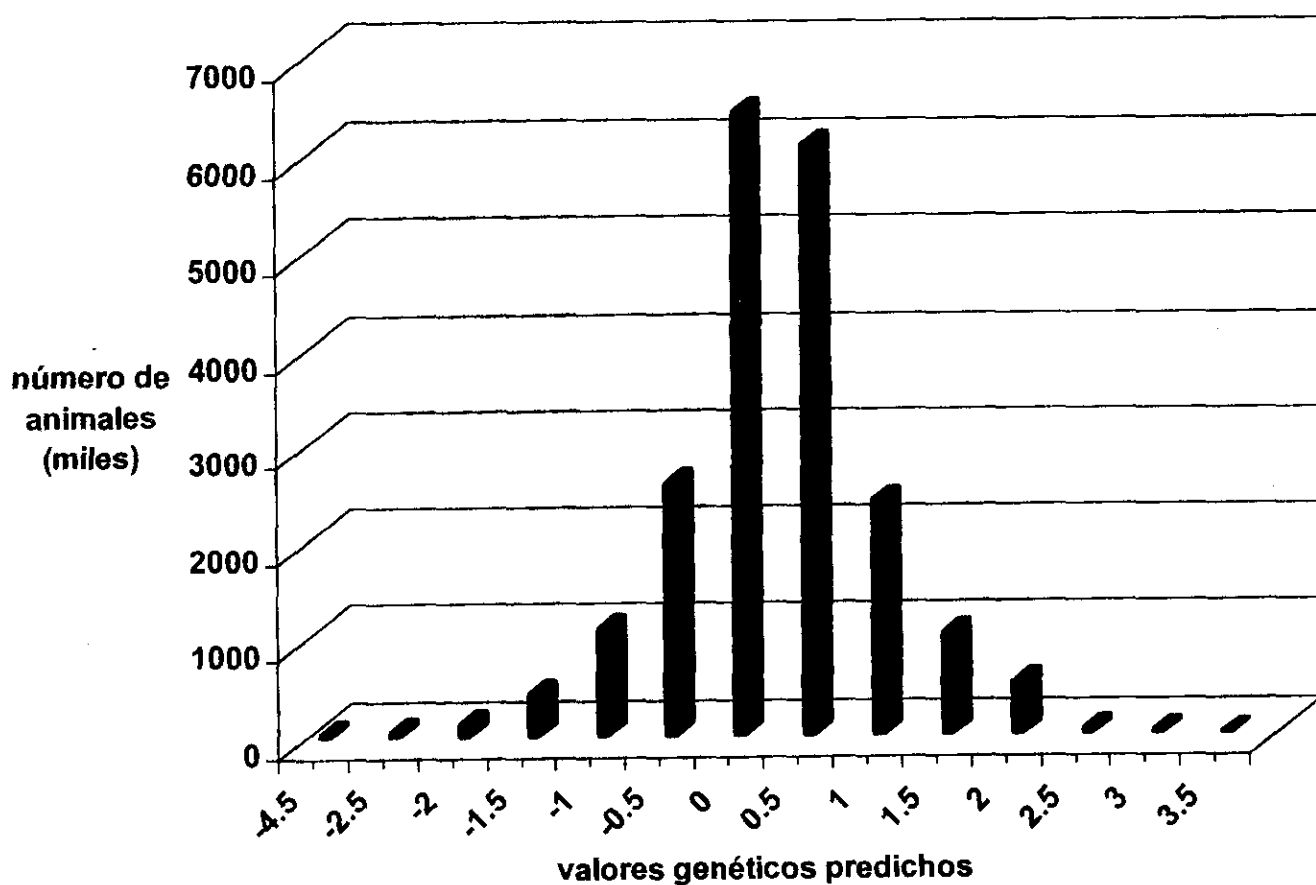
Correlaciones genéticas y fenotípicas. En el cuadro 14 sobre la diagonal se encuentran las correlaciones fenotípicas entre los 17 rasgos lineales y los puntos finales. En el mismo cuadro, debajo de la diagonal se muestran las correlaciones genéticas entre rasgos dentro del sistema que califican y con puntos finales.

Cuadro 14. Correlaciones fenotípicas (arriba de la diagonal) y genéticas dentro de sistemas (debajo de la diagonal) de las características lineales de conformación

| RASGOS | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 | 16 | 17 | 18 |
|---------------------------------|------|------|------|------|------|-------|--------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|--------|-------|-------|
| 1 estatura | | 0.73 | 0.49 | 0.52 | 0.34 | -0.04 | 0.44 | 0.23 | -0.09 | 0.29 | 0.25 | 0.21 | 0.25 | 0.22 | 0.21 | -0.07 | 0.21 | 0.45 |
| 2 tamaño | 0.90 | | 0.68 | 0.70 | 0.41 | -0.15 | 0.47 | 0.26 | -0.11 | 0.34 | 0.29 | 0.30 | 0.27 | 0.22 | 0.19 | -0.15 | 0.20 | 0.48 |
| 3 profundidad cuerpo | 0.75 | 0.97 | | 0.66 | 0.32 | -0.18 | 0.36 | -0.06 | -0.11 | 0.36 | 0.27 | 0.48 | 0.27 | 0.20 | 0.19 | -0.17 | 0.16 | 0.38 |
| 4 anchura de pecho | 0.78 | 0.96 | 0.89 | | 0.44 | -0.15 | 0.45 | 0.31 | -0.11 | 0.36 | 0.29 | 0.39 | 0.27 | 0.16 | 0.16 | -0.18 | 0.21 | 0.41 |
| 5 lomo | 0.84 | 0.67 | 0.66 | 0.60 | | 0.04 | 0.44 | 0.28 | -0.08 | 0.48 | 0.33 | 0.23 | 0.21 | 0.15 | 0.17 | -0.11 | 0.26 | 0.39 |
| 6 punta del anca | | | | | | -0.43 | -0.011 | -0.03 | 0.02 | -0.01 | -0.08 | -0.12 | -0.18 | -0.06 | -0.04 | 0.05 | -0.04 | -0.09 |
| 7 anchura del anca | | | | | | | | 0.25 | -0.08 | 0.33 | 0.27 | 0.20 | 0.36 | 0.40 | 0.19 | -0.12 | 0.27 | 0.44 |
| 8 ángulo de pezuñas | | | | | | | | -0.24 | 0.38 | 0.25 | 0.30 | 0.09 | 0.13 | 0.18 | -0.06 | 0.19 | 0.35 | 0.35 |
| 9 aplomos | | | | | | | | -0.92 | -0.05 | -0.05 | -0.08 | -0.12 | 0.04 | 0.01 | 0.03 | -0.008 | -0.11 | -0.11 |
| 10 calidad de hueso | | | | | | | | 0.56 | -0.39 | 0.35 | 0.31 | 0.20 | 0.25 | 0.24 | -0.06 | 0.30 | 0.44 | 0.44 |
| 11 inserción ubre anterior | | | | | | | | | | 0.37 | 0.41 | 0.31 | 0.39 | 0.09 | 0.41 | 0.65 | 0.41 | 0.41 |
| 12 posición de tetas anteriores | | | | | | | | | | 0.75 | 0.15 | 0.13 | 0.42 | -0.03 | 0.29 | 0.41 | 0.41 | 0.41 |
| 13 altura inserción post. | | | | | | | | | | 0.03 | 0.43 | 0.55 | 0.37 | -0.09 | 0.50 | 0.60 | 0.60 | 0.60 |
| 14 anchura inserción post. | | | | | | | | | | -0.16 | 0.40 | 0.80 | 0.35 | -0.05 | 0.37 | 0.56 | 0.56 | 0.56 |
| 15 ligamento medio | | | | | | | | | | 0.64 | 0.90 | 0.36 | 0.61 | 0.13 | 0.54 | 0.56 | 0.56 | 0.56 |
| 16 profundidad de ubre | | | | | | | | | | 0.44 | 0.19 | -0.24 | -0.60 | 0.20 | 0.18 | 0.03 | 0.03 | 0.03 |
| 17 textura | | | | | | | | | | 0.53 | 0.82 | 0.68 | 0.60 | -0.81 | 0.24 | 0.52 | 0.52 | 0.52 |
| 18 puntos finales | 0.79 | 0.77 | 0.74 | 0.84 | 0.81 | -0.36 | 0.72 | 0.35 | -0.07 | 0.77 | 0.81 | 0.78 | 0.37 | 0.05 | 0.73 | 0.05 | 0.84 | 0.84 |

Valores genéticos predichos. En la figura 1 se observa la distribución de los valores genéticos predichos para puntos finales :

Figura 1. Distribución de valores genéticos para Puntos Finales



La media de los valores genéticos para puntos finales fue de -0.013 , y la desviación estándar de 0.61 .

DISCUSION Y CONCLUSIONES

Estadísticas descriptivas. Los promedios de los rasgos de conformación de las vacas analizadas son similares a otros valores encontrados en países donde se utiliza la escala del 1 al 9, y donde los promedios se encuentran en un rango de 4.23 para longitud de tetas a 6.34 para profundidad de ubre (Brotherstone *et al.*, 1990; Diers y Swaive, 1990; Ducrocq, 1993; Visscher y Goddard, 1995). Con relación a los promedios reportados en Canadá, país a partir del cual se adoptó el sistema de calificación usado en México, y que además, ha ejercido una importante influencia genética sobre las vacas analizadas, se observa un rango de 5 a 5.5, para altura de ubre posterior y colocación de tetas anteriores, respectivamente (Klassen *et al.*, 1992), lo cual indica su similitud con los promedios de las vacas mexicanas.

Los coeficientes de variación de las bases de datos de otros trabajos no mostraron diferencias a los de este análisis. Dado que la definición entre países de los rasgos lineales puede ser diferente, considerando únicamente aquellos rasgos en común (estatura, anchura de pecho, anchura de anca, ángulo de pezuñas, aplomos, altura de ubre, anchura de ubre, ligamento medio) se observó que la variación no es diferente a la que se reporta en la raza Holstein en Canadá y Francia, países que como se ha mencionado tienen una escala de calificación lineal del 1 al 9 (Klassen *et al.*, 1992; Ducrocq, 1993).

Correlaciones fenotípicas. Las correlaciones fenotípicas entre los rasgos lineales mostraron un rango de -0.18 a 0.73. Las correlaciones fenotípicas más altas se dan entre los rasgos que determinan la capacidad y estructura, con valores de 0.73, 0.68 y 0.70 entre estatura, profundidad y anchura de pecho con tamaño, respectivamente y de 0.66 entre profundidad y anchura de pecho, lo cual es un resultado esperado, si se considera que estos rasgos son los que más fácilmente

evalúa el calificador y en donde es posible encontrar mayores diferencias entre animales.

Se calcularon correlaciones fenotípicas negativas entre anchura del anca y profundidad de ubre (-0.12), entre profundidad de cuerpo con punta del anca(-0.18) y con profundidad de ubre (-0.17), entre punta del anca con tamaño y con anchura del pecho (-0.15, en ambos casos), entre anchura del anca con profundidad de ubre (-0.12) y entre aplomos con tamaño, profundidad de cuerpo y anchura del pecho (-0.11, en todos los casos). Algunas correlaciones fenotípicas negativas pueden deberse a que algunas características lineales tienen como valor óptimo al 9 y otras como valor óptimo al 5, por lo que al obtener las correlaciones fenotípicas entre ellas pueden dar como resultado los valores negativos observados. Estos resultados coinciden con lo que reportan Klassen *et al.*, (1992) en Canadá, donde encontraron que la mayoría de las correlaciones fenotípicas también fueron negativas. En Estados Unidos, Short y Lawlor (1992) reportaron correlaciones fenotípicas más altas.

Las correlaciones fenotípicas entre rasgos lineales de conformación y puntos finales también mostraron una amplia variación, con valores positivos altos entre los rasgos de ubre, siendo los mayores con inserción de ubre anterior (0.65), altura de inserción (0.60), ligamento medio y anchura de ubre (0.56, ambos). Los únicos rasgos que mostraron correlación negativa con puntos finales fueron punta del anca (-0.09) y aplomos (-0.11). Las altas correlaciones fenotípicas entre los rasgos de ubre y los puntos finales son resultado de que el sistema mamario aporta el 40% de la calificación final, esta misma situación se refleja en las correlaciones genéticas.

Distribución de los datos. Los rasgos analizados en este trabajo mostraron una distribución ligeramente sesgada hacia la calificación óptima de cada rasgo. En el caso de estatura, tamaño, anchura de pecho, lomo, anchura del anca, calidad de hueso, inserción de ubre anterior, altura de ubre posterior, anchura de inserción posterior de ubre, ligamento medio y textura se encontró un sesgo hacia el 9 y en

profundidad de cuerpo, punta del anca, ángulo de pezuña, aplomos, posición de pezones anteriores y profundidad de ubre el sesgo no se presentó dado que la calificación óptima es el 5 o el 7, según sea el caso.

En el caso del sesgo existente en los datos analizados en este trabajo, una causa probable de su presencia puede ser la manera en que las vacas son sujetas a selección por el propietario, previo a su ingreso a la ronda de calificación. Una alternativa para evaluar la magnitud de este sesgo introducido por los criadores mexicanos, sería analizar los estimadores generados a partir de hatos donde se califiquen a todos los animales, por lo que se deben realizar esfuerzos por lograr que todas las vaquillas o vacas de primer parto bajo control de producción sean calificadas.

Otro sesgo que puede existir es el ocasionado por selección que se produce al ocurrir apareamientos no aleatorios. Una consecuencia de lo anterior es que se pueden generar evaluaciones poco precisas. La estimación de los parámetros genéticos en este trabajo fue la parte más afectada por el sesgo debido a la selección, dado que este puede producir cambios en los componentes de varianza del grupo de animales evaluados. Los apareamientos no aleatorios consisten en que los mejores toros para conformación son apareados con las vacas excelentes del hato. Misztal *et al.*, (1992) ha señalado que estos apareamientos son generalmente practicados por los criadores de ganado Holstein en Estados Unidos. Este tipo de apareamientos también se puede apreciar en México como parte del manejo genético que los criadores aplican en sus hatos.

El modelo animal puede tomar en cuenta el mérito genético de las madres lo que elimina parcialmente este tipo de sesgo por selección. La corrección por apareamientos no aleatorios está en función de la información contenida en la matriz de relaciones de parentesco, de modo que mientras mayor sea la información acerca de la estructura genética de la población analizada, incluyendo a los animales base, se tendrá un menor sesgo en la evaluación genética de los animales. Esta situación ha favorecido que el modelo animal sea el de elección

cuando se trata de analizar datos de esta naturaleza, además de que también permite obtener evaluaciones de las vacas (Van Vleck, 1992), lo que puede ser de utilidad para los criadores de ganado Holstein en México.

Estimadores de heredabilidad. Respecto a los estimadores de h^2 , en general se aprecian valores de medios a bajos. Los rasgos que resultaron con valores de h^2 más altos son los que representan la capacidad y estructura de la vaca, y los que tuvieron h^2 más bajas son aquellos pertenecientes al sistema mamario, anca y patas y pezuñas, en ese orden. La precisión con la que los calificadores encuentran diferencias entre vacas en los rasgos de estructura y capacidad puede explicar parcialmente las mayores heredabilidades estimadas para tales rasgos. En los resultados de este trabajo se observa que los estimadores de las varianzas aditiva y fenotípica, y la consiguiente heredabilidad, son similares al realizar los análisis univariados y bivariados. Al respecto, otros autores han reportado que los análisis univariados y multivariados con REML proporcionan estimadores de h^2 similares (Colleau *et al.*, 1989; Ducrocq, 1993).

Se ha encontrado que la selección exclusiva sobre producción de leche puede producir mala conformación de ubres que pueden favorecer el desecho involuntario, pero por otro lado, la selección para mantener la profundidad de ubre puede reducir hasta en un 15% el progreso genético en producción de leche. Por la importancia que en estos aspectos productivos desempeña el sistema mamario, se considera que esta parte de la conformación de las vacas es la que requiere mayor énfasis en la selección por conformación en la raza Holstein, por lo que en los programas de calificación utilizados en la mayor parte del mundo este sistema es el que aporta aproximadamente el 40% de la calificación final de las vacas.

En este trabajo se encontró que algunas características de ubre como profundidad, textura, ligamento medio y anchura de ubre posterior resultaron con los valores más bajos de heredabilidad. Los rasgos de ubre más heredables son inserción de ubre anterior, posición de pezones anteriores y altura de ubre posterior.

Los valores estimados para estos rasgos están de acuerdo a una situación similar reportada por Pérez y Ruiz (1998), quienes realizaron un análisis preliminar a este trabajo usando la información de las rondas de 1994 y 1995. Aunque los valores en ese trabajo son inferiores a reportes de otros autores que señalan heredabilidades en un rango de 0.18 a 0.24 y 0.18 a 0.33 para inserción de ubre anterior y posición de pezones, respectivamente y de 0.19 a 0.35 para altura de ubre posterior (Thomas *et al.*, 1985; Klei *et al.*, 1988; Foster *et al.*, 1989; Brotherstone *et al.*, 1990; Diers y Swalve, 1990; Short y Lawlor, 1992; Boldman *et al.*, 1992; Ducrocq, 1993; Smothers *et al.*, 1993; Lund *et al.*, 1994).

Pérez y Ruiz (1998) al calcular la respuesta a la selección para inserción anterior de ubre, ligamento medio suspensorio, textura y posición de tetas anteriores, encontraron una menor respuesta en textura, debido principalmente a su baja h^2 , y señalan la necesidad de analizar la distribución de los rasgos de ubre cuya baja h^2 atribuye a dos posibles causas: el uso de una escala inadecuada o un criterio homogéneo de los clasificadores. Al analizar la distribución de los 8,954 registros de primera calificación en este trabajo, se aprecia que la distribución de los rasgos de ubre con baja h^2 es poco amplia, lo que puede ser parte del efecto de la selección realizada por el ganadero previa a la ronda de clasificación.

Dada la importancia que el sistema mamario tiene en la asignación de la calificación final es posible que el criterio de selección del ganadero se base principalmente en la selección de vacas con ubres con características deseables, lo que generaría grupos de vacas homogéneas en este rasgo de conformación, a partir de los cuales los clasificadores sólo pueden identificar vacas con valores cercanos al óptimo que busca el ganadero, lo que reduce la variación de estos rasgos, con la consecuente estimación de heredabilidades bajas.

Pese a que los rasgos de estructura y capacidad tienen los valores de h^2 más altos en este trabajo, la h^2 de estatura es inferior al rango de 0.34 a 0.54 encontrado en otros estudios (Meyer *et al.*, 1987; Short y Lawlor, 1992; Misztal *et al.*, 1992; Smothers *et al.*, 1993; Ducrocq, 1993; Brotherstone, 1990; Diers y Swalve, 1990).

Por otro lado, la h^2 de profundidad de cuerpo de este trabajo también es inferior al rango observado en los reportes de los mismos autores. Sin embargo, las heredabilidades para estatura y profundidad de cuerpo de este trabajo son similares a las reportadas por Klei *et al.* (1988) en Estados Unidos.

Las h^2 de los rasgos del sistema de patas y pezuñas mostraron valores muy bajos con respecto a los valores encontrados por otros autores. Para ángulo de pezuñas y aplomos las h^2 observadas van de 0.07 a 0.27 y de 0.13 a 0.27, respectivamente (Boldman *et al.*, 1992; Meyer *et al.*, 1987; Brothestone, 1994; Short y Lawlor, 1992). Los estimadores de h^2 para ángulo de pezuñas de este trabajo son inferiores al rango reportado en Europa que es de 0.18 a 0.27 (Meyer *et al.*, 1987; Brothestone *et al.*, 1990), sin embargo, la h^2 de este rasgo en Estados Unidos es similar al de este trabajo con valores de 0.07 a 0.09 (Klei, *et al.*, 1987; Foster *et al.*, 1989). Otro rasgo perteneciente al sistema de patas y pezuñas que muestra una baja h^2 es la calidad de hueso. En la mayoría de las investigaciones realizadas en otros países se percibe la tendencia de que los rasgos del sistema de patas y pezuñas muestren h^2 bajas y correlaciones genéticas negativas. Una tendencia similar se aprecia en los resultados de este trabajo. La similitud de algunos estimadores de este trabajo con los encontrados en Canadá y Estados Unidos puede deberse a la fuerte influencia genética que las poblaciones Holstein de dichos países han ejercido sobre la población Holstein mexicana. De las vacas incluidas en este trabajo, que fueron calificadas para conformación, el 40% son hijas de toros estadounidenses y 37% son hijas de toros canadienses y el 23 % son hijas de sementales mexicanos.

Algunos autores han destacado la importancia de los rasgos de patas y pezuñas, indicando que esta consiste en que la posibilidad de criar vacas lecheras con mayor longevidad se basa en la detección de vacas con ángulos de pezuñas y aplomos adecuados. Al respecto, se han asociado a la selección para estos rasgos disminuciones significativas de desecho involuntario (Foster *et al.*, 1989; Short y Lawlor, 1992; Rogers *et al.*, 1989; Burke y Funk, 1993; Choi y McDaniel, 1993). No

obstante, algunos autores señalan que estos rasgos no proporcionan información acerca del futuro desempeño de las vacas, pero debido a la notable participación de los problemas de patas y pezuñas en el incremento del desecho involuntario, es que investigadores y criadores recomiendan, en prácticamente todos los países, que estos rasgos sean incluidos en sus programas de mejoramiento. Algunos autores señalan que en el futuro los actuales rasgos de patas y pezuñas se harán a un lado para incluir otros rasgos que proporcionen más información sobre el desempeño funcional de las vacas, al respecto, Boelling y Pollot (1997) señalan que se han iniciado trabajos enfocados a la investigación de algunas otras características como es el caso de la locomoción, aunque no señalan específicamente a que rasgo se refieren o la manera en que se evaluaría.

En este trabajo el sistema de anca mostró rasgos con h^2 baja, lo que coincide con análisis de otros autores. Se observa que la h^2 para anchura de anca es similar a la reportada en Estados Unidos, en donde el rango para este rasgo va de 0.13 a 0.25 (Thomas *et al.*, 1985; Klei *et al.*, 1988; Foster *et al.*, 1989; Short y Lawlor, 1992). El valor obtenido en este trabajo es menor que el de 0.29 reportado por Schaeffer (1983). Una situación similar se observa con la punta del anca, que se ha reportado con h^2 de 0.22 a 0.41 (Schaeffer, 1983; Meyer *et al.*, 1987; Klassen, *et al.*, 1992; Ducrocq, 1993) y es mayor que el de este trabajo, lo que indica una posible dificultad de los calificadores en encontrar diferencias para este rasgo entre vacas.

Correlaciones genéticas. Las correlaciones genéticas muestran la misma tendencia encontrada en otros trabajos (Meyer *et al.*, 1987; Foster *et al.*, 1989; Brotherstone *et al.*, 1990; Diers y Swalve, 1991; Short y Lawlor, 1992; Ducrocq, 1993) en los que se encuentran valores altos entre rasgos de estructura y capacidad y decrecientes valores en los sistemas de ubre, anca y patas y pezuñas, en ese orden.

Las correlaciones genéticas entre los rasgos de apariencia y capacidad fueron los que mostraron valores positivos más altos, de 0.60 entre lomo y anchura

de pecho a 0.97 entre profundidad de cuerpo y tamaño. Los valores de las correlaciones genéticas de este trabajo resultaron similares a los reportados por otros autores. La alta correlación genética entre profundidad de cuerpo y tamaño posiblemente se debe a que los clasificadores utilizan como referencia principal la profundidad de cuerpo en la determinación del tamaño del animal.

Los rasgos de los sistemas de anca y patas y pezuñas, fueron los que mostraron mayores correlaciones negativas, de -0.39 entre aplomo y calidad de hueso a -0.92 entre aplomo y ángulo de pezuñas. También se han reportado correlaciones negativas entre estos rasgos en Canadá y Estados Unidos, donde además se ha estimado que estos rasgos tienen correlación genética negativa con la producción de leche, por lo que los han incluido en sus índices de selección.

En los rasgos de ubre se observa que la variación de las correlaciones genéticas tiene valores de entre -0.81 entre textura y ligamento medio suspensorio a 0.82 entre posición de tetas anteriores y textura de ubre. Las correlaciones genéticas entre puntos finales y algunos rasgos de ubre van de 0.05 (entre puntos finales y anchura de ubre posterior) a 0.84 (entre puntos finales y textura). Las correlaciones calculadas corresponden a la tendencia descrita por Pérez y Ruiz (1998), quienes señalan que estos valores en las vacas mexicanas son más altos a los que se reportan para Estados Unidos y Canadá. Las altas correlaciones genéticas observadas entre rasgos de ubre y puntos finales, se debe a que el sistema mamario es el sistema corporal que representa la mayor proporción de la calificación final con un 40%.

Consideraciones finales y conclusiones. En otras investigaciones se observa la utilización de bases de datos de un volumen mayor a la analizada en este trabajo. El mayor volumen de datos analizados puede generar una mayor precisión y confianza en las estimaciones de los parámetros genéticos y en la evaluación de los animales. En este aspecto es clara la necesidad de incrementar el número de registros en México.

Una posibilidad de incrementar las heredabilidades sería favorecer el entrenamiento continuo de los clasificadores con el objeto de que el entrenamiento les permita apreciar mayores diferencias entre los rasgos que evalúan, dado que este es un factor que puede contribuir a reducir la varianza fenotípica. Es recomendable evaluar la posibilidad de que en México se realice la medición directa de algunos rasgos de conformación. Asimismo, el incremento del número de observaciones por cada uno de los factores incluidos en el modelo permitirá el incremento de la precisión de los estimadores de h^2 .

Se debe destacar que pese a los bajos valores de las heredabilidades en este trabajo, los estimadores de la población Holstein analizada muestran una tendencia similar a la observada en otros países, donde las heredabilidades de los rasgos de capacidad y estructura son los más altos, seguidos de los de ubre, anca y patas y pezuñas.

A la estimación de los parámetros genéticos debe seguir la aplicación de tales estimadores con el objeto de establecer programas de selección. En la mayoría de los países donde se desarrollan investigaciones sobre las propiedades genéticas de ganado Holstein, se han utilizado los estimadores calculados en el desarrollo de índices de selección para múltiples características que incluyen los rasgos de mayor importancia económica. Solo por mencionar aquellas poblaciones de ganado con mayor influencia sobre la mexicana, los índices de selección LPI y TPI, utilizados en las poblaciones Holstein canadiense y estadounidense, respectivamente, son ejemplos claros acerca de como la inclusión de características

de conformación en índices de selección han permitido obtener un mejoramiento significativo en estos rasgos en los últimos 20 años.

Con los parámetros estimados en México se abre la posibilidad de realizar selección indirecta sobre algunos rasgos de conformación que se consideran, aunque sea de modo empírico, de importancia económica. La selección indirecta es una estrategia que puede ser utilizada cuando se observan correlaciones genéticas altas entre dos rasgos, y cuando uno de esos rasgos tiene una h^2 considerablemente más baja que el otro. De este modo, al aplicar una intensidad de selección más alta en el rasgo con h^2 alta, también se producirá una selección sobre el rasgo con baja h^2 . En este trabajo existen algunos estimadores que reúnen las anteriores condiciones. Por ejemplo, con relación al sistema de estructura y capacidad se observa que la h^2 para estatura es casi el doble de la de anchura de pecho y lomo, además la correlación genética entre estatura y los otros dos rasgos es alta. Por otra parte el caso de los rasgos de ubre, pese a sus bajos valores de h^2 , se encuentra que la inserción de ubre tiene una alta correlación genética con profundidad de ubre, ligamento medio suspensorio y textura, adicionalmente estos dos últimos rasgos también muestran correlación genética alta con la posición de los pezones anteriores.

La predicción de valores genéticos se realizó mediante análisis univariados, y en general, los valores predichos mostraron una distribución normal como la observada en la figura 1 para puntos finales. Esta predicción de valores genéticos pudo ser afectada por los apareamientos no aleatorios realizados en la población analizada, por lo que por el momento se considera que la utilización de la evaluación genética deberá realizarse considerando los animales cuya evaluación sea más confiable, lo que es función del número de hijas analizadas.

Para evitar introducir en las evaluaciones genéticas el sesgo debido a la selección, Sosa (1992) señala que una posibilidad es realizar las evaluaciones utilizando los registros de hijas de toros jóvenes. En el caso de México, es posible realizar evaluaciones insesgadas para los sementales mexicanos si se realiza la

calificación de muestras aleatorias de todas sus hijas, con lo que a partir de esta información se puede efectuar la evaluación genética. Debido al reducido número de hijas por semental y a la escasa distribución de ellas en diferentes hatos, esta evaluación no tendrá alta confiabilidad, pero por su propiedad de ser insesgada será una mejor herramienta de selección para los criadores mexicanos.

Considerando por una parte la experiencia previa de Pérez y Ruiz (1998) quienes han sugerido que la selección para puntos finales en las vacas Holstein mexicanas puede resultar en mejoras para algunas características de ubre, como la inserción de ubre anterior, ligamento medio suspensorio, y la posición de tetas anteriores, y por otra los resultados de este trabajo, se puede concluir que los parámetros genéticos estimados para estatura, inserción de ubre y posición de pezones anteriores son factibles de usar en algún índice de selección, dado que la mejoría en estos rasgos también producirá una mejoría en los rasgos correlacionados.

Los parámetros genéticos estimados en este trabajo pueden incluirse en programas de mejoramiento genético para características de conformación en el ganado Holstein mexicano, sin embargo en el futuro, con el objeto de realizar estimaciones de parámetros genéticos y evaluaciones más útiles para la ganadería lechera mexicana se deberán realizar diversas actividades. Entre estas destaca el incremento del número de registros de vacas de primera calificación, el análisis de la relación genética entre los rasgos de conformación con algunos rasgos productivos, como pueden ser la producción de leche en la primera lactancia, el periodo interparto o días abiertos, células somáticas o la producción de por vida. Por otro lado, una de las tareas más importantes será la de enfocar estudios posteriores al análisis de la relación que exista entre los rasgos de conformación y algunos rasgos de longevidad. El conocimiento de los estimadores genéticos de los rasgos de conformación en el ganado lechero sólo se justifica en la medida en que estos sean utilizados como herramientas de selección indirecta, para incrementar la longevidad de las vacas en el hato productivo.

ESTA TESIS NO DEBE
SALIR DE LA BIBLIOTECA

REFERENCIAS

1. Abubakar BY, McDowell RE, Van Vleck LD. Interaction of genotype and environment for breeding efficiency and milk production of Holsteins in Mexico and Colombia. *Trop. Agric. (Trinidad)* 1987; 64 (1):17-22.
2. Asociación Holstein de México. ¿Qué toro?, Prueba de toros Holstein por producción y tipo, 1974-1988.
3. Avendaño R L. Estimación de la tendencia genética para producción de leche en hatos Holstein de México. (Tesis de Maestría). México, D. F. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM.
4. Banks B D, Mao I L and Walter J P. Robustness of restricted maximum likelihood estimator derived under normality as applied to data with skewed distributions. *J. Dairy Sci.* 1985; 68:1785-1792.
5. Boelling D and Pollot G E. The genetics of feet, legs and locomotion in cattle. *Animal Breeding Abs.* 1997; 65 (1) :1-11
6. Boldman K G, Freeman A E, Harris B L. Prediction of sire transmitting abilities for herd life from transmitting abilities for linear type traits. *J. Dairy Sci.* 1992; 75:552-563.
7. Boldman K G, Kriese L A, Van Vleck L D, Van Tassel C P and Kachman S D. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. U. S. Department of Agriculture, Agricultural Research Services. 1995.
8. Brotherstone S, MacManus C M, Hill W G. Estimation of genetic parameters for linear and miscellaneous type traits in Holstein-Friesian dairy cattle. *Livestock Production Science* 1990; 26:177-192.
9. Brotherstone S, Hill W G. Dairy herd life in relation to linear traits and production.
 1. Phenotypic and genetic analyses in pedigree type classified herds. *Anim. Prod.* 1991a; 53:279-287.

ESTA TESIS NO DEBE
SALIR DE LA BIBLIOTECA

10. Brotherstone S, Hill W G. Dairy herd life in relation to linear traits and production.
1. Phenotypic and genetic analyses in pedigree type classified herds. *Anim. Prod.* 1991b; 53:289-297.
11. Brotherstone S. Genetic and phenotypic correlations between linear type traits and production traits in Holstein-Friesian dairy cattle. *Anim. Prod.* 1994; 59:183-187.
12. Burke B P and Funk D A. Relationships of linear traits and herd life under different management systems. *J. Dairy Sci.* 1993; 76 :2773-2782.
13. Burnside E B, McClintock A E, Hammond K. Type, production and longevity in dairy cattle: a review. *Animal Breeding Abstracts* 1984; 52:711-719.
14. Cassell B G. What extension workers need to tell dairy farmers. *Proc. of the Animal Model Workshop, J. Dairy Sci.* 1988; 71 (supplement 2):85-90.
15. Choi Y S, McDaniel B T. Heritabilities of measurements of hooves and their relation to other traits of Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1993; 76:1989-1993.
16. Colleau J J, Beaumont C and Regaldo D. Restricted maximum likelihood (REML) estimation of genetic parameters for type traits in Normande cattle breed. *Liv. Prod. Sci.* 1989; 23:47-66.
17. de Haan M H A, Cassell B G, Pearson R E, Smith B B. Relationships between net income, days of productive life, production, and linear type traits in grade and registered Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1992; 75:3553-3561.
18. Dekkers C M. Theoretical basis for genetic parameters of herd life and effects on response to selection. *J. Dairy Sci.* 1993; 76:1433-1443.
19. Dekkers J C M, Jairath L K, Lawrence B H. Relationships between sire genetic evaluations for conformation and functional herd life of daughters. *J. Dairy Sci.* 1994; 77:844-854.
20. Dentine M R, McDaniel B T, Norman H D. Comparison of culling rates, reasons for disposal, and yields for registered and grade Holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 1987; 70:2616-2622.

21. Díaz G R, Regalado C, Apodaca C, Nuñez R, Tewolde A. Índice de herencia de producción de leche provenientes de tres hatos Holstein de la comarca lagunera. Memorias de la XVI Reunión Anual de la Asociación Mexicana de Producción Animal, 1982: p. 56.
22. Diers H, Swalve H. Estimation of genetic parameters and breeding values for linear scored type traits. *World Review of Animal Production* 1990; 25:67-70.
23. Ducrocq V, Quaas R L, Pollak E J, Casella G. Length of productive life of dairy cows. 2. Variance component estimation and sire evaluation. *J. Dairy Sci.* 1988; 71:3071.
24. Ducrocq V. Genetic parameters for type traits in the French Holstein breed based on a multiple-trait animal model. *Livestock Production Sci.* 1993; 36:143-156.
25. Edlun D P, White J M, Vinson W E. Genetic parameters of a linearized type appraisal program. *J. Dairy Sci.* 1989; 62(Suppl. 1):144 (Abs.).
26. Falconer D S. Introduction to quantitative genetics. 3d ed. Longman. New York. 1989
27. Foster W W, Freeman A E, Berger P J. Association of type traits scored linearly with production and herd life of Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1989; 72:2651-2664.
28. Hazel L N, Dickerson G E, Freeman A E. The selection index -then, now, and for the future. *J. Dairy Sci.* 1994; 77:3236-3251.
29. Henderson C R. Estimation of changes in herd environment. *J. Dairy Sci.* 1949; 32:706.
30. Henderson C R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics* 1975; 31:423-447.
31. Henderson C R, Quaas R L. Multiple trait evaluation using relatives records. *J. Dairy Sci.* 1976; 43:1188-1197.
32. Henderson C R. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. *Biometrics* 1976; 32:69-83.
33. Henderson C R. Applications of linear models in animal breeding. Univ. Guelph.

34. Henderson, C. R. 1988. Theoretical basis and computational methods for a number of different animal models. *Proc. of the Animal Model Workshop, J. Dairy Sci.* 1984; 71 (supplement 2):1-16.
35. Holstein Association of Canada. Who's Who. Canadian Holstein Sires Review. 1977, 1987, 1991, 1997.
36. Holstein Association of United States. Holstein Type-Production, Sires Summaries. 1977, 1987, 1991, 1997.
37. ICAR (International Committee for Animal Recording). International Agreement of recording practices. Rome. 1995.
38. Jairath L K, Hayes J F and Cue R I. Multitrait restricted maximum likelihood estimates of genetic and phenotypic parameters of lifetime performance traits for Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1994; 77 :303-312.
39. Klassen D J, Monardes H G, Jairath L, Cue I R, Hayes J F. Genetic correlations between lifetime production and linearized type in Canadian Holstein. *J. Dairy Sci.* 1992; 75:2272-2282.
40. Klei L, Pollak E J, Quaas R L. Genetic and environmental parameters associated with linearized type appraisal scores. *J. Dairy Sci.* 1988; 71:2744-2752.
41. Lund T, Miglior F, Dekkers J C M, Burnside E B. Genetic relationships between clinical mastitis, somatic cell count, and udder conformation in Danish Holsteins. *Liv. Prod. Sci.* 1994; 39:243-251.
42. Meyer K, Burnside E B, Hammond K, McVintock A E. Evaluating dairy sires for conformation of their daughters: use of first classification records. *Aust. J. Agric. Res.* 1985; 36:509-525.
43. Meyer K, Brotherstone S, Hill W G. Inheritance of linear type traits in dairy cattle and correlations with milk production. *Animal Prod.* 1987; 44:1-10.
44. Meyer K. DFREML-A set of programs to estimate variance components under an individual animal model. *Proc. of the Animal Model Workshop, J. Dairy Sci.* 1988a;71 (supplement 2):33-34.

45. Meyer K J, Burnside E B. Joint sire and cow evaluation for conformation traits using an individual animal model. *J. Dairy Sci.* 1988b; 71:1034-1049.
46. Meyer K. Approximate accuracy of genetic evaluation under an Animal Model. *Livestock Prod. Sci.* 1989; 21:87-100.
47. Misztal I, Wiggans G R. Approximation of prediction error variances in Large-scale Animal Models. *Proc. of the Animal Model Workshop, J. Dairy Sci.* 1988; 71 (supplement 2):27-32.
48. Misztal I, Short F H, Lawlor T J and Vanraden P M. Multiple -trait estimation of variance components of yield and type traits using an animal model. *J. Dairy Sci.* 1992; 75:544-551.
49. Misztal I, Lawlor T J, Short T H. Implementation of single- and multiple- trait animal models for genetic evaluation of Holstein type traits. *J. Dairy Sci.* 1993; 76:1421-1432.
50. Montaldo V H, Torres N S. Repetibilidad de la producción de leche e intervalo entre partos en una población de vacas Holstein en México. *Arch. De Zootecnia* 1993; 42 (159):361-366.
51. Nelder J A and Mead R. A simplex method for function minimization. *Computer J.* 1965; 7:308.
52. Norman H D, Van Vleck L D. Type appraisal: III. Relationships of first lactation production and type traits with lifetime performance. *J. Dairy Sci.* 1972; 55:1726-1734.
53. Patterson H D and Thompson R. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 1971; 58 (3):545-554.
54. Pérez N M I y Ruiz L F de J. Estimación de parámetros genéticos para algunas características de conformación de ubre y puntos finales en ganado Holstein de registro en México. *Téc. Pecu. Méx.* 1998; 36(1):25-34.
55. Pollack E J, Van der Werf J and Quaas R L. Selection bias and multiple trait evaluation. *J. Dairy Sci.* 1984; 67:1590.

- 56.Powell R L, Wiggans G R. Animal model evaluations for mexican Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1991; 74:1420-1427.
- 57.Quaas R L, Pollack E J. Mixed model methodology for farm and ranch beef cattle testing programs. *J. Anim. Sci.* 1980; 51(6):1277-1287.
- 58.Rogers G W, Mc Daniel B T. The usefulness of selection for yield and functional type traits. *J. Dairy Sci.* 1989; 72:187-193.
- 59.Rogers G W, Hargrove G L, Lawlor J L and Ebbersole J L. Correlations among type traits and somatic cell counts. *J. Dairy Sci.* 1991; 74:1087-1091.
- 60.Ruiz F A, Apodaca C. Parámetros genéticos de producción de leche por lactancia, intervalo entre partos y producción de leche por día de intervalo entre partos. Memorias Reunión de Investigación Pecuaria en México, 1980: 80.
- 61.Ruiz L F, Oltenacu P A, Blake R W. Efecto del nivel de producción de leche sobre la duración de vida productiva de ganado Holstein de registro en México. *Téc. Pecu. Méx.* 1994; 32 (3):105-112.
- 62.Schaeffer L R, Hunt M S, Burnside E B. Evaluation of Holstein-Friesian dairy sires for conformation of their daughters. *Can. J. Anim. Sci.* 1978; 58:409-417.
- 63.Schaeffer L R. Estimates of variance components for Holsteins -type sires. *Can. J. Anim. Sci.* 1983; 63:763-771.
- 64.Schaeffer G B, Vinson W E, Pearson R E, Long R G. Genetic and phenotypic relationships among type traits scored linearly in Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1985; 68:2984-2988.
- 65.Short T H, Lawlor T J, Lee K L. Genetic parameters for three experimental linear type traits. *J. Dairy Sci.* 1991; 74:2020-2025.
- 66.Short T H, Lawlor T J. Genetic parameters of conformation traits, milk yield, and herd life in Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1992; 75:1987-1998.
- 67.Smith S P, Allaire F R, Taylor W R, Kaeser H E and Conley J. Genetic parameters and environmental factors associated with type traits scored on an ordered scale during first lactation. *J. Dairy Sci.* 1985; 68:2058-2071.

- 68.Smothers C D, Pearson R E and Hoeschele I. Herd final score and its relationships to genetic and environmental parameters of conformation traits of United States Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1993; 76:1671-1677.
- 69.Sosa F C F. Estimación de índice de herencia y constancia para producción de leche y tipo en un hato Holstein del noroeste de México. (Tesis de licenciatura) Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM, México, D. F. 1980.
- 70.Sosa F C F. Multivariate estimation of variance and covariance components using restricted maximum likelihood in dairy cattle. Massey University , Ph. D. Thesis. 1992.
- 71.Thomas C L, Vinson W E, Pearson R E and Norman H D. Components of genetic variance and covariance for linear type traits in Jersey cattle. *J. Dairy Sci.* 1985; 68:2989-2994.
- 72.Thompson J R, Freeman A E, Wilson D J, Chapin C A, Berger P J and Kuck A. Evaluation of a linear type program in Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1981; 64:1610-1617.
- 73.Thompson J R, Lee K L, Freeman A E and Johnson L P. Evaluation of a linearized type appraisal system for Holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 1983; 66:325-331.
- 74.Van der Werf J H J and De Boer I J M. Estimation of additive genetic variance when base population are selected. *J. Animal. Sci.* 1990; 68:3124.
- 75.Van Vleck L D y Nuñez-Domínguez R. Evaluaciones genéticas de toros y vacas lecheras con el modelo animal. *Agrociencia* 1992; 2 (1) : 33-57.
- 76.Van Vleck L D. Selection index and introduction to mixed model methods. CRC Press. 1993.
- 77.Veerkamp R F, Hill W G, Stott A W, Brotherstone S and Simm G. Selection for longevity and yield in dairy cows using transmitting abilities for type and yield. *Animal Science* 1995: 61: 189-197.
- 78.Vinson W E, Pearson R E and Johnson L P. Relationships between linear descriptive type traits and body measurements. *J. Dairy Sci.* 1982: 65:995-1003.

79. Visscher P M and Goddard M E. Genetic analyses of profit for Australian Dairy cattle. *Animal Science*, 1995; 61:9-18.
80. Westell R A, Burnside E B and Schaeffer L R. Evaluation of Canadian Holstein-friesian sires on disposal reasons of their daughters. *J. Dairy Sci.* 1982;65:2366-2372.
81. Wiggans G R, Misztal I and Van Vleck L D. *Proc. of the Animal Model Workshop, J. Dairy Sci.* 1988: 71 (supplement 2): 115-125.
82. Wiggans G R and VanRaden P M. Animal Model evaluation within herd linked to national evaluations. *J. Dairy Sci.* 1990: 73: 1956-1963.
83. Zhang W C, Dekkers J C M, Banos G and Burnside E B. Adjustment factors and genetic evaluation for somatic cell score and relationship with other traits of Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1994: 77: 659-665.