



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO**

**DOCTORADO EN CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN Y DE LA SALUD ANIMAL**

**PROTOTIPO DE UNA EVALUACIÓN GENÉTICA PARA ESTIMAR LAS DIFERENCIAS ESPERADAS**

**DE LA PROGENIE (DEP'S) PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUCTIVAS EN GANADO**

**SIMMENTAL**

**T E S I S**

**QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE  
DOCTOR EN CIENCIAS**

**P R E S E N T A:**

**JUAN JOSÉ BAEZA RODRÍGUEZ**

**TUTOR PRINCIPAL:**

**DR. MOISÉS MONTAÑO BERMÚDEZ  
FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES CUAUTITLÁN, UNAM**

**MIEMBROS DEL COMITÉ TUTOR:**

**DR VICENTE ELIEZER VEGA MURILLO  
INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES FORESTALES, AGRÍCOLAS Y PECUARIAS**

**DR. MIGUEL ENRIQUE ARECHAULETA VELASCO  
INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES FORESTALES, AGRÍCOLAS Y PECUARIAS**

**Cuautitlán Izcalli, Estado de México, Mex.**

**2016**



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.

## DEDICATORIA

*A mis hijos*

*María José, Rosy Betty y Juan José que son el motor de mi vida y cuya existencia me ha convertido en un mejor ser humano; con la esperanza de que vean en mí un ejemplo a seguir.*

*A mi Esposa Rosy*

*Por haberme apoyado en todo momento y hacerse cargo de nuestra familia en los momentos más complicados; siempre ha estado ahí para mí con su amor y fortaleza.*

*A mi padres **Elba**(†) y Juan **José**(†)*

*Que siempre me motivaron a buscar nuevos horizontes y su ejemplo de perseverancia, fuerza ante los retos, el valor que mostraron para salir adelante y amor incondicional me ha impulsado a alcanzar metas.*

*A Mis hermanos Alma, Aracelly, Sara, Liz y Pedro*

*Que siempre me han apoyado, aconsejado y querido incondicionalmente; su soporte ha sido fundamental durante todo el periodo de estudio.*

## AGRADECIMIENTOS

*A las siguientes instituciones, por su contribución a mi programa doctoral.*

- *Universidad Nacional Autónoma de México, en especial a la Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán. (UNAM)*
- *Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT)*
- *Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP)*

*Al Dr. Moisés Montaña Bermúdez, por el gran compromiso y amistad que me brindó para que pudiese desarrollar el presente proyecto; sus enseñanzas y paciencia fueron apoyos fundamentales durante el curso del programa doctoral.*

*Al Dr. Vicente Eliezer Vega Murillo, por su gran apoyo y motivación para la culminación de mis estudios y para la elaboración de esta tesis.*

*Al Dr. Miguel Enrique Arechavaleta Velasco, por su tiempo compartido y por impulsar el desarrollo de mi formación.*

*Al MC. Jorge Ariel Vivas Rodríguez, por su apoyo y las facilidades que me otorgó en el desarrollo de la investigación de la tesis.*

## CONTENIDO

DEDICATORIA.....	II
AGRADECIMIENTOS .....	III
CONTENIDO.....	IV
INDICE DE CUADROS Y FIGURAS .....	VII
RESUMEN .....	IX
ABSTRCT.....	XII
TITULO.....	XV
CAPITULO 1 .....	1
INTRODUCCIÓN .....	1
CAPITULO 2 .....	4
REVISIÓN DE LITERATURA .....	4
Fertilidad de vaquillas .....	5
Consideraciones sobre las estimaciones de parámetros genéticos con modelos lineales y no lineales.....	10
Grupos contemporáneos.....	18
Correlación genética entre la Fertilidad de vaquillas y características de crecimiento y calidad de la canal.....	24
Literatura citada.....	30
CAPITULO 3 .....	37

LINEAR AND LOGISTIC MODELS FOR MULTIPLE-BREED GENETIC ANALYSIS OF HEIFER FERTILITY IN MEXICAN SIMMENTAL-SIMBRAH BEEF CATTLE. ....	37
Introduction .....	39
Material and methods .....	41
Population of study .....	41
Data editing .....	41
Trait definition .....	41
Statistical analysis. ....	42
Models for univariate analyses .....	44
Comparison of models .....	47
Results and Discussion.....	50
Parameter estimation and model fitting .....	50
Goodness of fit.....	53
Prediction of random effects.....	56
Evaluation of predictive ability with cross-validation.....	58
Conclusions .....	63
References .....	63
CAPITULO 4 .....	68
PROTOTIPO DE EVALUACIÓN GENÉTICA NACIONAL PARA FERTILIDAD DE VAQUILLAS SIMMENTAL-SIMBRAH Y CHAROLAIS-CHARBRAY. ....	68
Resumen .....	69
Abstract.....	70
Introducción .....	71

Materiales y métodos.....	72
Población de estudio.....	72
Variable de respuesta .....	73
Modelos estadísticos .....	73
Análisis estadísticos .....	76
Resultados y Discusión.....	77
Componentes de varianza y heredabilidad.....	77
Grupos contemporáneos .....	79
Grupos familiares.....	81
Tendencias genéticas .....	84
Ordenamiento de sementales.....	87
Conclusiones e implicaciones.....	91
Literatura citada .....	92

## INDICE DE CUADROS Y FIGURAS

Cuadro 2.1. Heredabilidades estimadas para características reproductivas usadas comúnmente en ganado de carne.....	32
Table 3.1. Pedigree and data structure: Mean, standard deviation (SD), range, minimum (Min) and maximum (Max) for heifer fertility of Simmental-Simbrah beef cattle.....	58
Figure 3.1. Genetic trends of heifer fertility based on expected progeny differences (EPD) using the animal linear, sire linear, and sire logistic models for Simmental and Simbrah breeds.....	66
Table 3.2. Variance components estimators of restricted maximum likelihood and heritabilities of heifer's fertility for the models: linear animal (LAM), linear sire (LSM), and logistic sire (BSM).....	70
Table 3.3. Correlations of Spearman rank (above diagonal) and Kendall Tau b (below diagonal) between the predicted breeding values obtained from the models: linear animal, linear sire, and logistic sire for heifers fertility.....	72
Table 3.4. Cross validation by using different prediction criteria for all tested models of heifer fertility in Simmental-Simbrah beef cattle (Procedure 1).....	74
Table 3.5. Cross validation by using different prediction criteria for all tested models of heifer fertility in Simmental-Simbrah beef cattle (Procedure 2).....	77
Cuadro 4.1. Estructura general de los datos y de los pedigríes utilizados para evaluar la fertilidad de vaquillas en poblaciones Simmental-Simbrah y Charolais-Charbray.	89
Cuadro 4.2. Medias, mínimos y máximos de la información utilizada para evaluar la fertilidad de vaquillas en poblaciones Simmental-Simbrah y Charolais-Charbray....	90.



Cuadro 4.3. Estimadores de componentes de varianza y heredabilidad de la fertilidad de vaquillas. ....	95
Figura 4.1. Distribución de los grupos contemporáneos en función del número de vaquillas para la para la evaluación Simmental- Simbrah (A) y para la Charolais-Charbray (B).....	97
Figura 4.2. Distribución del tamaño de las familias paternas de las vaquillas en la evaluación Simmental- Simbrah (A) y para la Charolais-Charbray (B).....	98
Figura 4.3. Relación entre la confiabilidad y el tamaño de familia paterna para la evaluación Simmental- Simbrah (A) y para la Charolais-Charbray (B).....	101
Figura 4.4. Tendencia genética de la fertilidad de vaquillas para la evaluación Simmental- Simbrah (A) y para la Charolais-Charbray (B).....	103
Cuadro 4.4. Diferencias esperadas en la progenie (DEP) y confiabilidades estimadas para grupos de sementales superiores para las evaluaciones Simmental-Simbrah y Charolais-Charbray. ....	105

## RESUMEN

Se desarrolló un prototipo de evaluación genética nacional multirracial para ganado Simmental-Simbrah en México y poner a disposición de los ganaderos valores genéticos para fertilidad de vaquillas, como indicador de la eficiencia reproductiva.

El proyecto abordó el estudio de la evaluación genética de la fertilidad de vaquillas en dos etapas: En la primera se realizó la comparación de tres modelos, dos lineales y uno logístico, para la estimación de parámetros genéticos de ésta característica binomial. En la segunda etapa se evaluó el modelo que mejores resultados produjo en la primera etapa en dos poblaciones multirraciales, la Simmental-Simbrah y la Charolais Charbray; en el estudio de este prototipo de evaluación se tomó en cuenta los parámetros genéticos, las diferencias estimadas de la progenie y las tendencias genéticas.

En la comparación de modelos de la primera etapa del proyecto se emplearon registros de hembras primerizas nacidas entre 1984 y 2007. En los análisis se utilizaron los registros productivos de 37,390 vaquillas y el pedigrí de 59,018 individuos. Para el análisis, a la variable fertilidad se le asignó un uno cuando la vaquilla parió antes de los 1,281 días de edad y un cero en caso contrario. Se ajustaron tres modelos mixtos generalizados para una sola característica en una población multirracial: un modelo animal lineal y dos modelos semental, uno lineal y otro logístico. Los modelos se analizaron por el procedimiento de máxima verosimilitud restringida utilizando el algoritmo de información promedio. Se

realizaron dos estrategias de validación cruzada para evaluar la habilidad de predicción de los modelos. Los estimadores de heredabilidad obtenidos con los modelos lineales fueron menores que los estimados con el modelo logístico,  $0.04 \pm 0.00$ ,  $0.05 \pm 0.00$  and  $0.20 \pm 0.03$ , respectivamente. La correlación Spearman entre los valores de cría estimados con el modelo semental lineal y con el logístico fue alta (0.99). En contraste, correlaciones medias se estimaron entre el modelo animal y los modelos semental, 0.71 con el lineal y 0.54 con el logístico. El mejor modelo para estimar las diferencias esperadas de la progenie utilizando información de ancestros fue el semental logístico, mientras que el modelo animal lineal estimó mejor empleando información dispersa. En general, se consideró que el mejor ajuste y predicción se obtuvo con el modelo animal lineal, así como el mayor número de animales con diferencia esperada de la progenie.

El objetivo de la segunda etapa del proyecto fue desarrollar un prototipo de evaluación genética multirracial para la fertilidad de vaquillas en las poblaciones Simmental-Simbrah y Charolais-Charbray. Se utilizó información de 49,943 hembras Simmental-Simbrah, nacidas entre 1984 y 2011 y de 49,871 hembras Charolais-Charbray, nacidas entre 1990 y 2011. Los estimadores de los componentes de varianza y los valores genéticos se obtuvieron ajustando un modelo lineal mixto para una sola característica. Los estimadores de heredabilidad fueron similares,  $0.07 \pm 0.008$  y  $0.06 \pm 0.008$ , para Simmental-Simbrah y Charolais-Charbray, respectivamente. La mediana del número de hembras por grupo contemporáneo fue 10, en un rango intercuartil de 5 a 20, en ambos casos, Simmental-Simbrah y Charolais-Charbray. La mediana del número de hembras por familia de medias

hermanas paternas fue 5 en ambos casos, Simmental-Simbrah y Charolais-Charbray. Las Diferencias Esperadas en la Progenie en fertilidad de vaquillas variaron de: -5.79 a 8.72, -9.56 a 8.84, -7.94 a 8.22, y -7.29 a 6.14, para Simmental, Simbrah, Charolais y Charbray, respectivamente. Las heredabilidades estimadas indicaron que puede haber respuesta genética a la selección de la fertilidad en las poblaciones evaluadas. Las tendencias genéticas estimadas mostraron un cambio genético favorable en la fertilidad de las cuatro razas durante el período 2007 - 2011. La amplitud de las diferencias esperadas de la progenie presente en las poblaciones estudiadas indicaron la presencia de sementales sobresalientes para la fertilidad de vaquillas.

## ABSTRACT

A multibreed national genetic evaluation prototype was developed for livestock Simmental-Simbrah in Mexico. To make breeding values available to breeders for fertility of heifers as an indicator of reproductive efficiency.

The project addressed the Study of genetic evaluation of heifer fertility in two stages: In the first, the comparison of three models, two linear and one logistic. for the estimation of Genetic parameters of this binomial characteristic. The second stage evaluated the model that had the best results in stage one, in two multibreed populations, the Simmental-Simbrah and the Charolais Charbray. In the assessment of this prototype evaluation was taken of genetic parameters, estimated progeny differences and genetic trends.

In the comparison of models of the first stage of the project, data of heifers born between 1984 and 2007 were used. The analyzes used productive records of 37,390 heifers and the pedigree of 59,018 individuals. For the analysis, the fertility variable was assigned a one when the heifer calving before the 1,281 days of age and a zero otherwise. Three generalized mixed models were fitted for a single characteristic in a multibreed population: A linear animal model and a two sire models, one linear and one logistic. The models were analyzed by the restricted maximum likelihood procedure using the average information algorithm. Two cross-validation strategies were conducted to evaluate the predictive ability of the models. The heritability estimators obtained with the linear models were smaller than the estimated with the logistic models:  $0.04 \pm 0.00$ ,  $0.05 \pm 0.00$  and  $0.20 \pm 0.03$  respectively. The Spearman

correlation between the breeding values estimated with the linear sire model and the Logistic was high (0.99). In contrast, mean correlations were estimated between the animal model and the sire models, 0.71 with the linear and 0.54 with the logistic. The best model to estimate the expected progeny differences using information from ancestors was the logistic sire model while the linear animal model estimated better using dispersed information. In general, it was considered that the best fit and prediction was obtained with the linear animal model as well as the greater number of animals with expected difference in progeny.

The objective of the second stage of the project was to develop a prototype of multi breed genetic evaluation for the fertility of heifers in Simmental-Simbrah and Charolais-Charbray populations. We used information of 49,943 Simmental-Simbrah females born between 1984 and 2011 and 49,871 Charolais-Charbray females born between 1990 and 2011. The estimators of the variance components and breeding values were obtained by fitting a mixed linear model for a single characteristic. The heritability estimates were similar,  $0.07+0.008$  and  $0.06+0.008$ , for Simmental-Simbrah and Charolais-Charbray respectively. The median number of females per contemporary group was 10 in an interquartile range of 5 to 20, in both cases Simmental-Simbrah and Charolais-Charbray. The median number of females by family of sire half-sisters was 5 in both cases, Simmental-Simbrah and Charolais-Charbray. Expected progeny differences in heifer fertility varied from: -5.79 to 8.72, -9.56 to 8.84, -7.94 to 8.22 and -7.29 to 6.14 for Simmental, Simbrah, Charolais and Charbray respectively. Estimated heritabilities indicated that there may be genetic response to the selection of fertility in the populations evaluated. Genetic trends

showed a favorable genetic change in the fertility of the four breeds during the 2007-2011 period. The rank of the expected differences in the progeny, present in the population studied, indicated the presence of outstanding sires for the fertility of heifers.

## TITULO

PROTOTIPO DE UNA EVALUACIÓN GENÉTICA PARA ESTIMAR LAS DIFERENCIAS ESPERADAS DE LA PROGENIE (DEP'S) PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUCTIVAS EN GANADO SIMMENTAL.



## **CAPITULO 1**

### **INTRODUCCIÓN**

## INTRODUCCIÓN

La eficiencia reproductiva de la hembra es un factor importante de la rentabilidad de los sistemas de producción de carne de bovino. Se reconoce que las tasas reproductivas altas influyen significativamente sobre la eficiencia biológica y económica de los sistema vaca-cría (Dickerson, 1970). Van Eenennaam *et al.* (2013) consideran que el mejoramiento en reproducción puede ser hasta cuatro veces más importante que el mejoramiento en características de crecimiento. El inicio temprano de la vida productiva de una vaca de carne, no solo reduce los gastos de mantenimiento empleados en su desarrollo, sino que incrementa el número de partos y la cantidad de kilogramos de becerro destetado en su vida productiva, así como su permanencia en el hato. Núñez-Domínguez *et al.* (1991) encontraron que las vaquillas que tienen su primer parto antes de los 24 meses permanecen más tiempo en el hato y destetan más kilogramos de becerro, comparadas con las que tienen su primera cría entre los tres y cuatro años de edad. Una tendencia similar fue observada por Aranda-Ávila *et al.* (2010), quienes informaron que las vaquillas que parieron antes de los 2.5 años permanecieron mayor tiempo en el hato comparadas con las que tuvieron su primer becerro después de los 3 años; también hallaron que las vaquillas más jóvenes al parir fueron las más productivas: las de 2.5 años destetaron  $736.6 \pm 35.3$  kg, las de 3 años  $609.5 \pm 35.3$  kg y las mayores a 3.5 años  $563.2 \pm 6$  Kg.

Los objetivos del presente estudio fueron: 1) Comparar la utilización de modelos lineales y no lineales en la estimación de la varianza genética y la heredabilidad de la fertilidad de vaquillas de carne de la raza Simmental; y 2) desarrollar un prototipo

para la evaluación genética nacional de la fertilidad de vaquillas en ganado Simmental.

## **CAPITULO 2**

### **REVISIÓN DE LITERATURA**

## REVISIÓN DE LITERATURA

El progreso genético que se puede obtener en un programa de selección está determinado por la tasa reproductiva, ella define el intervalo generacional y la intensidad que se pueda aplicar.

Los valores de heredabilidad estimados para la fertilidad de vaquillas son bajos y sugieren que los efectos ambientales son los principales responsables de la expresión de la fertilidad en vacas y vaquillas (Cammack *et al.*, 2009). Sin embargo, estudios donde se ha evaluado el ordenamiento y la amplitud de los estimadores de valores genéticos de diferentes razas de bovinos de carne concluyen que las diferencias esperadas en la progenie para fertilidad de vaquillas son una herramienta útil para mejorar la eficiencia reproductiva. Berry y Evans (2014) encontraron que la variación genética en características reproductivas es lo suficientemente amplia para asegurar un programa exitoso de mejora genética del comportamiento reproductivo. Asimismo, resultados obtenidos en ganado Nelore indican que la variable gestación de vaquillas se puede utilizar como criterio de selección para mejorar la fertilidad del hato (Shiotsuki *et al.*, 2009).

### Fertilidad de vaquillas

La fertilidad es una característica compuesta que difícilmente puede ser explicada por completo por un simple fenotipo. El éxito de un evento en particular y el tiempo al cumplimiento de dicho evento son los componentes principales de la fertilidad. Diferentes mediciones de la fertilidad se han investigado; las heredabilidades que se estimaron en la mayoría de estas características tuvieron el inconveniente de ser

bajas, lo que las ha limitado para ser consideradas como criterio de selección. Shorten *et al.* (2015) estimaron la heredabilidad de la tasa de preñez (TP) en ganado Angus. La TP se definió como la observación de que una vaquilla se haya diagnosticado como gestante, asignado 1 al valor de la variable y 0 en el caso de no haber sostenido la gestación. Los datos se analizaron con tres modelos mixtos lineales generalizados con distribución binomial para una sola característica. Los modelos empleados fueron: 1) modelo padre-abuelo materno que tuvo a TP como característica a evaluar; 2) modelo animal que tuvo a la madre como objeto de análisis y; 3) modelo animal que tuvo al embrión como objeto de análisis. Las heredabilidades estimadas fueron muy bajas,  $0.0049 \pm 0.0478$ ;  $0.0166 \pm 0.0164$ ;  $0.0237 \pm 0.0204$  para los modelos 1, 2, 3, respectivamente.

Jamrozik *et al.* (2012) investigaron la naturaleza de la asociación genética entre la fertilidad a primera inseminación o tasa de partos y el tiempo transcurrido del inicio del empadre al parto o días al parto, evaluadas en novillas y vacas. Para la estimación de componentes de varianza y parámetros genéticos se utilizaron procedimientos Bayesianos en modelos animal lineales, inclusive con las características binarias. Las heredabilidades en general fueron bajas y, en ambas características, las vacas adultas tuvieron estimadores mayores que las vaquillas;  $0.025 \pm 0.004$  y  $0.020 \pm 0.003$  para fertilidad y  $0.036 \pm 0.005$  y  $0.018 \pm 0.003$  para días al parto, respectivamente. La correlación genética entre todas las características fue alta: entre vaquillas y vacas, la correlación para la tasa de parto fue de  $0.69 \pm 0.03$ . Los investigadores concluyeron que la fertilidad de vaquillas y vacas multíparas son características genéticamente diferentes.

Urioste *et al.* (2007) evaluaron la variabilidad genética de la fertilidad del segundo, tercero y cuarto parto, así como la relación existente entre partos subsecuentes en condiciones de pastoreo. Las tasa de parto se definieron como variables binarias, donde cada vaquilla que parió fue codificada como 1, mientras que fallaron al hacerlo, como 0. La información de las diferentes oportunidades de parición anual fue analizada con modelos semental umbrales y procedimientos bayesianos, univariados y multivariados. Las heredabilidades obtenidas fueron moderadas y la amplitud de las estimaciones estuvo entre 0.27 a 0.35. La correlación genética entre la fertilidad del segundo y cuarto parto fue alta y positiva ( $0.68 \pm 0.23$ ); mientras que las consecutivas fueron moderadas y negativas,  $-0.39 \pm 0.32$  y  $-0.54 \pm 0.30$  entre las tasas de fertilidad del segundo-tercero y tercero-cuarto partos, respectivamente. Los autores concluyeron que la utilización de la tasa de fertilidad de vacas multíparas para desarrollar DEP es dudosa, aún cuando la heredabilidad resultó moderada y la información para su estimación es fácil y económica de registrar; entre las limitaciones encontradas en el presente estudio está la dificultad de definir que variable de fertilidad utilizar, dado que, la probabilidad de éxito alcanzado en un año decrece en el siguiente parto y el grado de incertidumbre de las correlaciones obtenidas fue alto.

En la mayoría de los programas de mejora, la circunferencia escrotal se incluye como criterio indicador de la edad a la pubertad, desarrollo y fertilidad de las vaquillas de carne. Aunque en diversos trabajos, se ha demostrado que su asociación con la fertilidad no es fuerte. Van Melis *et al.* (2010) estudiaron la relación genética entre la circunferencia escrotal medida a los 18 meses de edad (SC18) con la fertilidad (HP)

y la permanencia productiva (Stay). La fertilidad se definió como la preñez de vaquillas a los 14 meses de edad; a la variable binaria HP, se le asignó 1 cuando la hembra gestó y 0 cuando no. Los componentes de (co)varianza y los parámetros genéticos se estimaron con un análisis Bayesiano trivariado lineal-probit-probit via muestro de Gibbs. Las heredabilidades estimadas para SC18 y HP fueron altas ( $0.42 \pm 0.01$  y  $0.53 \pm 0.03$ , respectivamente) y baja para Stay,  $0.10 \pm 0.01$ . Asimismo, los estimadores de correlación genética fueron bajos entre SC18 y las variables reproductivas:  $0.29 \pm 0.05$  y  $0.19 \pm 0.05$  con HP y Stay, respectivamente; por el contrario la correlación entre HP y Stay fue alta,  $0.64 \pm 0.07$ . Los autores sugirieron que no hubo una fuerte relación genética entre SC18 y las variables de fertilidad, por lo que usarla como criterio de selección, no mejoraría significativamente la habilidad de las hembras a concebir a los 14 meses, ni a permanecer en el hato hasta los 5 años. Por el contrario, opinaron que al utilizar a HP como criterio de selección, indirectamente también se mejoraría Stay. Los investigadores concluyeron, que basados en los resultados obtenidos, los DEP para HP pueden ser utilizados para la selección de toros productores de vaquillas precoces y longevas. Por otro lado, también concluyeron que no sería satisfactorio utilizar SC18 para el fin arriba mencionado. Morris *et al.* (2000) también obtuvieron una correlación baja entre la circunferencia escrotal y la tasa de preñez ( $0.12 \pm 0.11$ ). Por otro lado, y a diferencia de la circunferencia escrotal, encontraron una correlación genética alta entre la tasa de preñez y la pubertad temprana en vaquillas Angus en Nueva Zelanda. Los resultados obtenidos por Martínez-Velázquez, *et al.* (2003) en *Bos taurus*, concordaron con los arriba mencionados. Encontraron correlaciones cercanas a cero



entre la circunferencia escrotal y las características de fertilidad, tasa de preñez y de parto en vaquillas; las características de precocidad, edad a la pubertad y edad a primer parto tuvieron correlaciones bajas con la circunferencia escrotal,  $-0.15$  y  $0.15$ , respectivamente. Johnston *et al.* (2014) evaluaron la correlación genética entre la circunferencia escrotal y características reproductivas de vaquillas Brahman y multirracial. La correlación de SC con las tasas de preñes y parto fueron bajas,  $0.14 \pm 0.13$  y  $0.24 \pm 0.17$  para Brahman y  $0.08 \pm 0.22$  y  $0.18 \pm 0.22$  para la multirracial, respectivamente; como se puede observar los errores estándar de los estimadores fueron grandes. Los autores concluyeron que la SC es un modesto predictor de la edad a la pubertad, pero no lo es de las características reproductivas de las hembras. Evans *et al.* (1999) calcularon un estimador cercano a cero para la correlación genética de estas dos características en ganado Hereford. Eler *et al.* (2004) encontraron que esta correlación fue baja en ganado Nelore ( $0.20 \pm 0.13$ ), pero concluyeron que la incorporación de la circunferencia escrotal en un análisis para dos características incrementa la exactitud de la predicción de las diferencias esperadas en la progenie de toros jóvenes.

La selección a largo plazo de vaquillas que gesten a edad temprana no impacta en el peso maduro del hato. Boligon y Albuquerque (2011) encontraron que la correlación genética entre la característica de gestación a los 16 meses de edad y el peso maduro fue positiva y baja, lo que sugiere que la inclusión de la primera en un programa de mejora impactará en la precocidad de las novillas sin un cambio genético significativo en el peso maduro. También indican que, a diferencia de lo anterior, la edad a primer parto tuvo una correlación moderada y negativa con

características de crecimiento temprano (ganancia predestete y peso al año) y el peso adulto, lo que sugiere que estas dos variables reproductivas deben ser estudiadas independientemente.

### **Consideraciones sobre las estimaciones de parámetros genéticos con modelos lineales y no lineales.**

Para la implementación de los modelos lineales mixtos, que comúnmente se utilizan en la estimación de parámetros y valores genéticos, se requiere del cumplimiento de ciertos supuestos: los errores y efectos aleatorios deben tener una distribución normal; la variable de respuesta se evalúa directamente como una combinación lineal de efectos fijos y aleatorios; y los errores deben ser independientes y normalmente distribuidos. Sin embargo, la expresión fenotípica de la mayoría de las características reproductivas es binomial y no cumple con los supuestos arriba mencionados: las variables no tienen una distribución normal; los valores estimados pueden salirse del espacio parametral permitido para las funciones de predicción, que el ajuste directo de la variable de respuesta no puede considerarse; y la varianza está en función de la media.

La fertilidad de vaquillas es una de las características de importancia en reproducción animal; ésta presenta una expresión discontinua de fenotipos que no pueden ser explicados con la herencia mendeliana. Características de este tipo, conocidas como umbrales o quasicontinuas, pueden ser analizadas de manera lineal, postulando una distribución continua subyacente de fenotipos, que por medio de umbrales fijos, se

relaciona con la distribución observada, donde, el fenotipo observable cambia al sobrepasarlos (Gianola, 1982).

La utilización de los modelos lineales mixtos generalizados están recomendados cuando los supuestos de los modelos lineales mixtos estándar no pueden ser mantenidos; se pueden emplear aun cuando la distribución de los datos no es normal; o cuando la media no está linealmente relacionada a los parámetros del modelo; o cuando las varianzas de los datos están relacionadas con la media.

La idea principal de un modelo lineal generalizado es especificar el modelo en términos de la distribución de los datos y de la función de la media; expresar la media en términos de alguna transformación de  $X\beta$ . Es común denotar al predictor lineal como  $X\beta=\eta$  y la transformación de la media como  $g(\mu)$ , también llamada función de ligamiento.

La función que relaciona ambas distribuciones es conocida como la función de ligamiento; entre las funciones de este tipo, las más comúnmente utilizadas, la de probabilidad inversa o umbral (probit) y la logística (logit) son las que se emplean para la distribución Binomial, con características de dos niveles de respuesta; y para las variables categóricas, la Log-lineal se utiliza en la distribución Poisson.

La mayoría de las heredabilidades publicadas para características de fertilidad con expresión binomial son bajas (Cammack *et al.*, 2009). Sin embargo, las estimaciones realizadas con procedimientos no lineales tienden a ser mayores que las de procedimientos lineales. Guerra *et al.* (2006), en un estudio con poblaciones multirraciales y utilizando modelos semental, encontraron que los estimadores de

heredabilidad para tasa de parición calculados con el modelo umbral y el logístico, aunque fueron bajos ( $0.150 \pm 0.049$ , y  $0.130 \pm 0.047$ , respectivamente), duplicaron al estimador del modelo lineal,  $0.063 \pm 0.024$ ; para la tasa de sobrevivencia se obtuvieron diferencias ligeramente mayores entre la heredabilidad del modelo lineal y la de los no lineales,  $0.160 \pm 0.058$ ,  $0.190 \pm 0.078$  y  $0.049 \pm 0.022$  para los modelos umbral, logístico y lineal, respectivamente. Los autores, después de transformar los estimadores de heredabilidad en la escala observable, obtenidos con el modelo semental lineal generalizado, a la escala umbral subyacente, ya no encontraron diferencias entre los estimadores de los tres diferentes procedimientos. Así mismo, hallaron que los ordenamientos de los DEP de sementales fueron similares en los tres modelos. Vazquez *et al.* (2009), en un estudio donde la variable mastitis fue definida como binomial, también encontraron que los efectos de los sementales estimados con el modelo lineal y el probit estuvieron altamente correlacionados. Similarmente, Abdollahi-Arpanahi *et al.* (2013) encontraron diferencia entre el estimador de heredabilidad para fertilidad a primera inseminación calculado con un modelo animal lineal,  $0.039$  ( $0.036, 0.044$ ) y otro con un probit,  $0.062$  ( $0.050, 0.077$ ), los intervalo de confianza de las heredabilidades están entre paréntesis; aunque, como se puede observar, son más bajos; estas estimaciones se llevaron a cabo en un entorno bayesiano y ambos modelos tuvieron la misma habilidad de predicción; de igual forma, los efectos aleatorios predichos estuvieron muy correlacionados. Los autores concluyeron, que a diferencia de lo que se esperaba teóricamente, el modelo no lineal no superó en comportamiento al modelo lineal en la evaluación genética de la fertilidad a primera inseminación.

La varianza ambiental no es constante a lo largo del rango de valores de los genotipos, por lo que, en la escala observable, no se puede asumir independencia entre la varianza de los residuales y la de los predictores. Otro problema a considerar, es que en la escala observable la varianza genética aditiva depende de la posición del umbral que determina la prevalencia de la característica, situación que debe ser considerada a la hora de aplicar los modelos lineales mixtos. La evaluación genética de datos binomiales, realizada directamente en la escala observable, tiene la complicación de estimar la heredabilidad con el sesgo de no estar libre de la varianza no aditiva (Dempster y Lerner, 1950); La magnitud del sesgo está en función del incremento de la misma heredabilidad y del desvío de la prevalencia de la característica en relación del 50%. En distribuciones asimétricas, es difícil no encontrar sesgos de varianzas de dominancia y epistasis en la heredabilidad, por lo que, los predictores de los modelos mixtos producirán varianzas del error de predicción grandes (Gianola, 1982). Johnston y Bunter (1996) analizaron la fertilidad de vaquillas Angus con un modelo lineal mixto bivariado y determinaron que los componentes de varianza que estimaron estuvieron sesgados; supusieron que la razón del sesgo fue no haber considerado en el análisis la naturaleza binaria de la característica.

Diversos trabajos han puesto de manifiesto la existencia de diferencias entre estimadores de heredabilidad de poblaciones de bovinos de diferentes razas; aunque estas discrepancias son más evidentes cuando la comparación se realiza entre razas *Bos taurus* contra *Bos indicus*, se han encontrado diferencias entre heredabilidades de razas *Bos taurus* evaluadas al mismo tiempo. Buddenberg *et al.* (1989) llevaron a

cabo un estudio para estimar la heredabilidad de la tasa de preñez de vacas Angus, Hereford y Polled Hereford; En la evaluación se utilizaron datos binarios y transformados a logit, en un procedimiento de mínimos cuadrados con un modelo mixto, donde cada raza fue analizada independientemente. Las heredabilidades fueron bajas, tanto en la escala binomial, como en la binomial transformada a escala probit. En ambos casos, Angus obtuvo heredabilidades mayores que Hereford y Polled Hereford, 0.17, 0.04 y 0.05, en escala binomial y,  $0.34 \pm 0.03$ ,  $0.08 \pm 0.02$ ,  $0.10 \pm 0.02$  en escala probit, respectivamente. Los autores consideraron que las tasas de preñez fueron bajas, el rango de estas fue de 0.67 a 0.86, y por consiguiente las heredabilidades probit fueron satisfactorias; en lo referente a las diferencias entre las razas, argumentaron que estas se debieron a una mayor proporción de hijas por semental en Angus.

Recientemente, se han reportado estimadores de heredabilidad altos para características de fertilidad y precocidad en hembras, en su mayoría han sido para la raza Nelore; en estos trabajos, se emplearon preferentemente procedimientos bayesianos en la evaluación genética y tomaron en cuenta la naturaleza binomial de las variables reproductivas. Las heredabilidades encontradas fueron significativamente mayores a las que tradicionalmente se han calculado, estando en el rango de 0.45 a 0.75. Aunque en razas *Bos taurus*, también se ha publicado que hay diferencia entre estimadores de heredabilidad calculados con métodos lineales o con no lineales, los valores de estos últimos fluctúan de bajos a moderados, no llegan a ser altos.

Boligon y Albuquerque (2011) evaluaron la fertilidad de vaquillas a los 16 meses de edad; los componentes de (co)varianza se estimaron por inferencia Bayesiana, para lo que se utilizó un modelo animal umbral no lineal. El porcentaje de preñez fue bajo (14.20%); el estimador de heredabilidad fue alto (0.45), el cual fue de igual magnitud a la media y moda, por lo que los autores indicaron que la distribución de la variable estuvo cercana a la normalidad. Estos investigadores, señalaron que, dado que la heredabilidad fue alta, puede ser utilizada como criterio de selección para incrementar la probabilidad de que las vaquillas de 16 meses queden gestantes. Eler *et al.* (2002) obtuvieron resultados similares con Nelore comercial. Estos autores evaluaron la misma variable y utilizaron básicamente la misma metodología, con la diferencia de que emplearon un modelo univariado; en este estudio, la heredabilidad fue alta ( $0.57 \pm 0.01$ ) y la tasa de preñez fue del 20%, aunque baja, es similar a la reportada por otros autores; la tendencia genética de 10 años, indicó una ganancia anual promedio de 0.60%/año y el DEP promedio de los sementales fue  $0.78 \pm 7.46\%$  y tuvieron un amplio rango que fue de -24.50 a 24.55%. Similares procedimientos y estimadores de heredabilidad fueron obtenidos por Shiotsuki *et al.* (2009), Mercadante *et al.* (2003), Van Melis *et al.* (2010) y Silva *et al.* (2003); en este último trabajo se observó el valor de heredabilidad más alto,  $0.73 \pm 0.01$ . En el cuadro 1 están los estimadores de heredabilidad de los trabajos arriba mencionados.

Número menor de trabajos se encontraron que evaluaran la fertilidad de bovinos *Bos taurus* con inferencia Bayesiana similar a la mencionada en el párrafo anterior. Urioste *et al.* (2007) evaluaron vacas Angus en Uruguay; al igual que con Nelore, los estimadores de heredabilidad para la fertilidad de vacas de segundo, tercero y cuarto

parto fueron moderados y estuvieron entre 0.27 a 0.40. Estos autores concluyen que los resultados que obtuvieron fueron debido al empleo de técnicas estadísticas más apropiadas, que describen de mejor manera la variación genética de las características reproductivas.



**Cuadro 1.** Heredabilidades estimadas para características reproductivas usadas comúnmente en ganado de carne.

Característica	Raza	Modelo	Método	No.	h <sup>2</sup>	Referencias
HP16	Nelore		IB		0.45 ± 0.02 <sup>p</sup>	Boligon y Albuquerque, 2010
CS	Angus	S	IB	1	0.40 ± 0.13 <sup>p</sup>	Urioste <i>et al.</i> , 2007
HP14	Nelore	A	IB		0.57 ± 0.01 <sup>p</sup>	Eler <i>et al.</i> , 2002
HP16	Nelore	A	IB	2	0.49 ± 0.03 <sup>p</sup>	Shiotsuki <i>et al.</i> , 2009
CS	Nelore	A	MLG	1	0.04 ± 0.06 <sup>b</sup>	Mercadante, <i>et al.</i> , 2003
HP14	Nelore	A	IB	3	0.53 ± 0.03 <sup>p</sup>	van Melis <i>et al.</i> , 2010
HP14	Nelore	S	IB	2	0,73 ± 0,01 <sup>p</sup>	Vasconcelos <i>et al.</i> , 2003

### **Grupos contemporáneos.**

El uso ineficiente de la información de los grupos contemporáneos y la existencia de registros parciales son dos problemas que tienen impacto sobre los estimadores de heredabilidad y que limitan las actuales evaluaciones genéticas para características reproductivas. En la actualidad las principales razas de bovinos de carne de México llevan a cabo evaluaciones genéticas; dentro de las cuales, Simmental tiene una de las mejores estructuras de información, condición necesaria para tratar de obtener el mejor balance entre la mayor precisión y el menor sesgo a la hora de definir los grupos contemporáneos.

La manera en la cual se forman los grupos contemporáneos es determinante para el aprovechamiento eficiente de la información disponible. Es importante tener en cuenta la conectividad de los animales y la conservación de la mayor información posible. La forma utilizada más comúnmente es hato-año-época (HYS) al nacimiento, en ésta se combinan los principales efectos de manejo y ambientales, con características tanto fijas como aleatorias (Van Vleck, 1987).

Un problema común asociado con la formación de los grupos contemporáneos, es la arbitraria determinación de la época, que no siempre cumple con el criterio de máxima precisión con mínimo sesgo. Carabaño *et al.* (2004) compararon seis formas alternativas de épocas para distribuir la información: la tradicional HYS, hato-año-mes (HYM), hato-clusters de 30 (HC30), hato-clusters de 90 (HC90), hato-clusters adaptativo de 30-90 (HC30-90) y, hato-clusters adaptativo de 30-180 (HC30-180).

Los autores encontraron diferencias sustanciales en la pérdida de información entre los grupos contemporáneos alternativos. HC30-180 registró la menor pérdida con el 7% y HYM la mayor con el 14% de registros perdidos. También observaron que la varianza residual disminuyó en la medida en que el tiempo que comprendía cada grupo era menor. Contrariamente a lo que esperaban, los estimadores de la varianza genética aditiva se vieron afectados por la definición de los grupos contemporáneos; fueron significativamente más grandes en HYS y HC30-180. A criterio de los autores, los modelos que incluyeron a HYM o HC30 como grupo contemporáneo fueron los óptimos; tuvieron la menor variación dentro de grupo, la mayor entre grupos y la mejor habilidad de predicción, aunque, las mayores pérdidas de información, lo que, según publicaron, es inaceptable desde el punto de vista de los productores. Por otro lado, los que incluyeron los grupos de 90 días tuvieron la mayor variación dentro y la menor entre grupos, con muy poca mejora en la confiabilidad de la predicción de los valores genéticos directos. Los autores concluyeron que los grupos contemporáneos de períodos cortos fueron los que mejor ajustaron la varianza ambiental y los de períodos largos podrían dar lugar a sesgo en las estimaciones de los parámetros.

La inclusión de grupos contemporáneos (GC) en el modelo como efecto aleatorio puede incrementar el tamaño efectivo de éstos; el número efectivo de hijas o de información, con la cual el animal es evaluado aumenta y por consiguiente la varianza del error de predicción disminuye. Por otro lado, utilizando GC aleatorios cuando éste es grande o cuando el error de la relación de varianzas del GC es relativamente pequeño, o en ambos casos, la disminución de la varianza del error de

predicción disminuye poco. Aun cuando hay la probabilidad de aumento de información disponible para la realización de la evaluación, el riesgo de la presencia de sesgo en las predicciones está presente si se practica selección entre los sementales o si hay asociación entre los sementales y los GC. Ugarte *et al.* (1992) utilizando simulación, compararon dos modelos para la predicción de los valores genéticos, en donde: uno utilizó los GC como efecto fijo y el otro como aleatorio; generaron poblaciones con cuatro diferentes tasas de error de la varianza de los GC, dos tipos de asociación, aleatoria o no, de los sementales con los GC, y 11 tamaños de GC. Se encontró en los modelos con GC fijo, que la varianza del error de predicción (VEP) disminuyó en relación con el incremento del tamaño de los GC; estimaron que el valor más alto de VEP se dio cuando el tamaño fue menor a nueve; el modelo con CG aleatorio mostró tener ventaja sobre el fijo donde el tamaño de los GC fue pequeño, por el incremento del número efectivo de hijas. La correlación entre los valores reales y los predichos fue positiva y varió con relación al tamaño de los GC. La evaluación realizada en poblaciones con asociación entre los efectos sementales y GC mostró sesgo cuando se incluyó en el modelo el GC aleatorio; estimaron que los sementales superiores genéticamente son subestimados y los inferiores sobreestimados. Los autores concluyeron que la utilización del GC como efecto aleatorio cuando los sementales están distribuidos aleatoriamente entre los GC, reduce VEP y el cuadrado medio del error, y genera un mejor ordenamiento de los valores genéticos que el producido por el modelo fijo, en especial con GC pequeños; cuando el GC aleatorio es empleado en poblaciones con correlación entre sementales y GC, se incrementa el número efectivo de hijas pero el cuadrado medio

del error se incrementa por el sesgo producto de la asociación. Van Vleck (1987), en concordancia, consideró que la inclusión de GC como fijo elimina el sesgo debido a la asociación entre los efectos semental y GC. Visscher y Goddard (1993) recomienda la utilización de los GC aleatorios solo si hay plena seguridad de no haber una distribución no aleatoria de los sementales a través de los GC; su utilización incrementa significativamente la confiabilidad de la selección.

Santana *et al.* (2013) propusieron como alternativa para incrementar el número de registros disponibles para ser incluidos en las evaluaciones genéticas, incluir una parte de los efectos del GC tradicional, como variable aleatoria no correlacionada, conservando el resto como efecto fijo; se evaluaron características posdestete en una población multirracial. En este trabajo se obtuvo un incremento considerable de información con el GC aleatorio en relación del obtenido con el fijo; también se incrementó en número la progenie, tanto en sementales, como en las madres. En promedio, el tamaño de los GC incremento en 63%, 37% y 63% para la ganancia de peso posdestete, circunferencia escrotal y grado muscular, respectivamente. Los autores calcularon parámetros genéticos similares para los dos modelos. El sesgo que produjo la inclusión del efecto GC aleatorio en la evaluación genética de la población en estudio fue pequeño o nulo. La correlación encontrada entre el número promedio de hijos de los sementales con los respectivos promedios de los GC fue moderada, fluctuó ente 0.35 y 0.40, lo que indicó una relación aleatoria entre sementales y GC. El cambio entre el ordenamiento de los animales, según sus valores genéticos, en las evaluaciones realizadas con GC fijos o aleatorios fue mínimo, tuvieron una correlación de 0.97 y el incremento promedio de la confiabilidad

observada en todas las características fue del 35%. Los autores opinaron que la advertencia de Van Vleck (1987), Ugarte *et al.* (1992) y Visscher y Goddard (1993) de que los valores genéticos pueden estar sesgados si son estimados cuando la distribución en los GC no es aleatoria, no aplicó en su trabajo; además, se utilizó un modelo animal a diferencia de los modelos semental de los otros autores, los que tampoco consideraron efectos de selección, apareamientos y tendencias en el tiempo. Los investigadores concluyeron que la utilización de parte del GC como efecto aleatorio no correlacionado en la evaluación de características postdestete tuvo poco impacto en el ordenamiento de los animales, además de producir un importante incremento en el número de registros disponibles para la predicción de valores genéticos con mínimo o nulo sesgo.

En la evaluación genética de características categóricas se debe tomar en cuenta su naturaleza discreta (Gianola 1982). Ramirez-Valverde *et al.* (2001) evaluaron la dificultad al parto con modelos lineales y umbrales; en los modelos incluyeron el efecto GC como aleatorio y encontraron una ventaja pequeña en ajuste de los modelos umbrales sobre los lineales. Phocas y Laloe (2003), al igual que en el trabajo arriba mencionado, evaluaron la misma característica y compararon los modelos lineales y umbrales, con la diferencia de incluir la comparación entre el efecto de GC como fijo y aleatorio; además de haber realizado simulación para emular la presencia de hatos pequeños y obtener una evaluación sesgada bajo la asociación no aleatoria entre los sementales y los hatos. Estos autores mencionaron que los modelos umbrales pueden tener problemas estadísticos en la estimación de los efectos fijos cuando hay GC pequeños. En la evaluación se utilizaron modelos

Semental-Abuelo materno. Se formaron cuatro alternativas: el modelo fijo umbral (FTM), que se consideró como el de referencia para las comparaciones; el modelo aleatorio umbral (RTM); el modelo fijo lineal (FLM); y el modelo aleatorio lineal (RLM). Los resultados obtenidos con los datos de campo mostraron que la correlación mayor, entre valores genéticos, con el modelo de referencia fue con FLM ( $r = 0.94$ ), inclusive fue más alta que con su contraparte RTM ( $r = 0.91$ ). En la simulación se compararon los modelos RTM y FLM; dentro de cada modelo, la correlación entre los valores genéticos verdaderos y los valores genéticos predichos se incrementó a medida que incrementó el tamaño de los hatos. Igual tendencia tuvo la correlación entre los valores genéticos predichos de RTM y los de FLM. Los autores observaron que la correlación entre los valores reales y lo predichos estuvo ligada al tipo de asociación entre los valores genéticos y el efecto de los hatos, esto es, menor correlación con asociaciones negativas; la correlación más baja se da entre los peores sementales en los peores hatos; caso inverso ocurre con asociaciones positivas. Los investigadores concluyeron que al no poder utilizar FTM por el tamaño pequeño de GC, el mejor modelo para la evaluación genética de la dificultad al parto en la población de Charolais evaluada sería FLM; con él se obtuvo el menor sesgo en las predicciones bajo condiciones existentes de GC pequeños y asociación negativa entre sementales y hatos; por otro lado, en la situación de GC de tamaño grande, sus valores genéticos tuvieron la mayor correlación con los del modelo de referencia.

## **Correlación genética entre la Fertilidad de vaquillas y características de crecimiento y calidad de la canal.**

Phocas y Sapa (2004) evaluaron la potencial influencia de la selección genética para crecimiento sobre el comportamiento reproductivo de vaquillas de razas de carne francesas; al estimar correlaciones genéticas entre características de crecimiento y fertilidad de vaquillas Charolais, Limousin y Blonde d' Aquitaine. La fertilidad se definió como la observación de que una vaquilla parió después de un período fijo de inseminación artificial (74 días) a los dos años de edad, y fue registrado como 1 (exitoso) y 0 (no exitoso). La fertilidad de vaquillas fue analizada ignorando la naturaleza discreta de la variable, dado que la evaluación genética se basó en un modelo semental lineal para múltiples características. Los estimadores de heredabilidad para la fertilidad de las vaquillas en las tres razas fueron bajos: 0.08 para las Blonde d'Aquitane, 0.02 para las Charolais y 0.00 para las Limousin; Los autores argumentaron, que la ausencia completa de variabilidad genética para la fertilidad de Limousin se debió, probablemente, a la eliminación de la progenie de los peores sementales para esta característica. El estimador de la correlación genética entre el crecimiento de la vaquilla, medido como el peso a los 18 meses, y su fertilidad fueron contrastantes; mientras que en las vaquillas Blonde d'Aquitaine fue cercana a cero, en las Charolais fue de 0.45. Así mismo, los autores encontraron que la correlación entre la fertilidad de vaquillas y la precocidad en las razas Charolais y Blonde d'Aquitaine fueron altas y estuvieron en torno a 0.7. De los resultados de esta investigación, los autores ponen en duda la tradicional creencia del antagonismo genético entre las características de crecimiento y las reproductivas de la hembra de



las razas de carne; y opinan que el mejoramiento en diferentes componentes de la productividad de las hembras puede llevarse a cabo simultáneamente; e indican que seleccionar por crecimiento de la vaquilla no tiene efecto en su fertilidad.

En un experimento de selección para peso al año en ganado Nelore, Mercadante *et al.* (2003) estudiaron la influencia que el cambio en esta característica tuvo sobre la fertilidad de las vaquillas. En este trabajo, la fertilidad se definió como variable binomial, donde: 1 fue asignado a las vaquillas que parieron y 0 a las que no lo hicieron. Para su análisis, se consideró un modelo animal mixto probit, umbral, para una sola característica. La heredabilidad para la fertilidad de vaquillas fue baja ( $0.04 \pm 0.06$ ) y los autores consideraron que estaba acorde con lo reportado en otros trabajos similares. En este trabajo, no se encontraron diferencias en fertilidad entre la línea control y la seleccionada y, después de 16 años de selección para crecimiento, no hubo cambio correlacionado en la reproducción de las vaquillas, aun cuando, en este estudio se determinó que la fertilidad de vaquillas no tuvo variabilidad genética. Los autores concluyeron que la tendencia genética positiva que se obtuvo para crecimiento, no interfirió con el comportamiento reproductivo de las vaquillas.

Berry y Evans (2014) cuantificaron la contribución de la genética aditiva a las diferencias fenotípicas en el comportamiento reproductivo en ganado de carne cruzado e investigaron la existencia de un predictor temprano del mérito genético para el comportamiento reproductivo. Entre las variables estudiadas estuvo el parto de las vaquillas a los 42 días del inicio de la época de nacencias (CALV42); una de las formas de la fertilidad de vaquillas; la expresión de la variable se registró como 1 si la vaquilla parió en los primeros 42 días de haber iniciado la época de parición, y

como 0 en caso contrario. Los componentes de (co)varianza entre la característica de fertilidad y las características de crecimiento o conformación, se estimaron a través de una serie de modelos semental lineales mixtos bivariados. La heredabilidad que se obtuvo para la fertilidad fue 0.06 y fue similar a los estimadores calculados en los modelos bivariados. Las correlaciones genéticas entre CALV42 con las variables de tipo muscular fueron cercanas a 0; CALV42 tuvo una correlación baja y negativa ( $-0.16 \pm 0.113$ ) con el peso al destete directo, pero con el peso al destete materno y el peso posdestete fueron moderadas  $0.41 \pm 0.125$  y  $0.21 \pm 0.137$ , respectivamente. Las correlaciones de CALV42 con características de la canal fueron cercanas a 0. Un punto a tomar en consideración fue que las características de muscularidad tuvieron nula correlación con CALV42 para vaquillas, pero las asociaciones fueron moderadas y negativas con la fertilidad de las vacas adultas. Los autores concluyeron que las características de conformación, peso vivo y de sacrificio pueden ser usadas como predictores del comportamiento reproductivo y recomendaron su inclusión en los programas nacionales de evaluaciones genéticas multirraciales. Por otro lado, de los resultados obtenidos de este estudio, determinaron que existe un antagonismo entre las características reproductivas y las terminales, a través de la correlación genética desfavorable entre la muscularidad y el comportamiento reproductivo.

Bormann *et al.*, (2006) desarrollaron valores de cría para fertilidad de vaquillas Angus. El porcentaje de preñez se evaluó catalogando cada registro individual de las vaquillas como éxito o fracaso, según el diagnóstico de gestación. La tasa de preñez a primera inseminación se codificó de la misma manera. El análisis genético de ambas variable binarias se llevó a cabo mediante modelos animal lineales

generalizados utilizando la teoría umbral. Los valores de cría obtenidos fueron transformados de la escala umbral a la observable. Para ambas variables se emplearon modelos univariados y una serie de modelos bivariados lineal-umbral con los pesos al nacimiento, destete y al año. La varianza genética y la heredabilidad para el porcentaje de preñez y la tasa de concepción a primer servicio fueron:  $0.47 \pm 0.30$ ,  $0.13 \pm 0.07$ ,  $0.11 \pm 0.09$ ,  $0.03 \pm 0.03$ , respectivamente. Dado que todos los errores estándar de las covarianzas fueron muy grandes, los autores determinaron que las correlaciones no fueron diferentes de cero. Estos investigadores concluyeron que, para el caso del porcentaje de preñez, aun cuando la heredabilidad fue baja, la amplitud de los valores de cría de los padres de las vaquillas es suficiente ( $-0.02$  a  $0.05$ ) para lograr mejoramiento en fertilidad, seleccionado para esta característica; por el contrario, publicaron que para la tasa de concepción a primer servicio, la amplitud de los valores de cría de los sementales no es suficiente ( $-0.01$  a  $0.02$ ) para lograr progreso genético.

Boligon y Albuquerque (2011) investigaron la asociación genética entre la preñez a la edad de 16 meses y la ganancia de peso a diferentes edades y la factibilidad de que estas características sirvan como criterios de selección en el mejoramiento genético de la precocidad sexual del ganado Nelore. La preñez a los 16 meses se definió en base a la concepción y parto de las vaquillas; Las vaquillas que parieron antes de los 31 meses se consideraron como sexualmente precoces y se codificaron como 1; las hembras, que tuvieron el parto entre los 31 y 42 meses de edad se codificaron como 2. Se utilizó inferencia bayesiana para la estimación de los componentes de (co)varianza, para lo que se empleó un modelo animal lineal-umbral para dos

características, donde las variables de crecimientos se consideraron lineales y el porcentaje de preñez se incluyó como umbral. La heredabilidad para el porcentaje de preñez a los 16 meses fue alta ( $0.45 \pm 0.02$ ); el porcentaje de preñez tuvo correlación genética moderada con el peso al año ( $0.25 \pm 0.06$ ) y baja ( $0.14 \pm 0.05$ ) con el peso maduro; la correlación fenotípica fue de  $15 \pm 0.04$  y de  $0.09 \pm 0.05$ , respectivamente. Los autores opinan que no hay una relación genética fuerte entre el porcentaje de preñez y las características de crecimiento, que son las que se usan comúnmente como criterio de selección en el ganado Nelore; selección basada en crecimiento predestete o peso al año no mejoraría sustancialmente la capacidad de gestar de vaquillas de 16 meses de edad. También opinan, que la correlación genética baja entre el porcentaje de preñez a los 16 meses y el peso maduro sugiere que el incremento de la tasa de gestación a esta edad no impactaría en el tamaño de la vaca adulta.

En un estudio con ganado comercial Nelore, Shiotsuki *et al.* (2009) evaluaron la fertilidad de vaquillas a los 16 meses de edad como posible candidato a criterio de selección y su posible asociación genética con variables de crecimiento, conformación, muscularidad y finalizado. La variable de fertilidad fue considerada como binaria; a las vaquillas que parieron antes de los 31 meses de edad, se asignó 1 como expresión de la variable y 0 de lo contrario. Se emplearon análisis para dos características para la estimación de los componentes de varianza, utilizando modelo umbral para la fertilidad de las vaquillas y modelos lineales para las demás características. A excepción de la fertilidad en vaquillas, donde se utilizó un modelo umbral (no lineal), se emplearon modelos lineales para las demás variables. La

heredabilidad obtenida para fertilidad de vaquillas fue alta ( $0.49 \pm 0.03$ ), según los autores, similar a lo que se ha obtenido en ganado cebú anteriormente. Correlaciones heterogéneas se estimaron entre la fertilidad y el resto de las características: con altura a la grupa fue moderada y negativa ( $-0.34 \pm 0.07$ ), para peso a los 550 días y conformación fue baja,  $0.08 \pm 0.03$  y  $0.05 \pm 0.04$ , respectivamente, y baja con finalizado y muscularidad,  $0.18 \pm 0.03$  y  $0.16 \pm 0.03$ , respectivamente. Los autores concluyen que la variabilidad genética que se observó en la fertilidad de vaquillas fue grande, por lo que esta variable puede ser incluida como criterio de selección en los programas de mejora, aunque, su utilización a largo plazo impactaría en la reducción de la altura de los animales; también argumentan, que por lo contrario, la mejora genética de las características de apreciación: muscularidad, conformación y finalizado no modificaría la fertilidad de vaquillas.

### Literatura citada.

Abdollahi-Arpanahi R, Peñagaricano F, Aliloo H, Ghiasi H y Urioste JI Comparison of Poisson, probit and linear models for genetic analysis of number of inseminations to conception and success at first insemination in Iranian Holstein cows. *Livest Sci* 2013, 153(1–3), 20–26.

Aranda-Ávila, I., Magaña-Monforte J. Magaña-Monforte, Segura-Correa J. C. Segura-Correa. 2010. Effect of breed type and age at first calving on length of productive life in a cow-calf system in southeastern Mexico. *Trop. Anim. Health Prod* 2010, 42:1737-1741.

Berry DP y Evans RD. Genetics of reproductive performance in seasonal calving beef cows and its association with performance traits. *J Anim Sci* 2014, 92:1412-1422. <http://doi.org/10.2527/jas2013-6723>

Boligon AA y Albuquerque LG. Genetic parameters and relationships of heifer pregnancy and age at first calving with weight gain , yearling and mature weight in Nelore cattle. *Livest Sci* 2011, 141:12-16. <http://doi.org/10.1016/j.livsci.2011.04.009>

Bormann JM, Totir LR, Kachman SD, Fernando RL y Wilson DE. Pregnancy rate and first-service conception rate in Angus heifers. *J Anim Sci* 2006, 84(8):2022–2025.

Buddenberg, B. J., Brown, C. J., Johnson, Z. B., Dunn, J. E., y Peterson, H. P. Heritability estimates of pregnancy rate cows under natural mating. *J Anim Sci*

1989, 67:2589-2594.

Cammack, K. M., Thomas, M. G., y Enns, R. M. Reproductive traits and their heritabilities in beef cattle. *The Professional Animal Scientist* 2009, 25(5):517–528.

Carabaño MJ, Moreno A, López-Romero y Díaz C . Comparing alternative definitions of the contemporary group effect in Avileña Negra Ibérica beef cattle using classical and Bayesian criteria. *J Anim Sci* 2004, 82:3447-3457.

Dempster ER y Lerner IM. Heritability of threshold characters. *Genetics* 1950, 35(2), 212–236.

Dickerson G. Efficiency of Animal Production, Modeling the Biological Components. *J Anim Sci* 1970, 30:849-859.

Doyle SP, Golden BL, Green RD y Brinks JS. Additive genetic parameter estimates for heifer pregnancy and subsequent reproduction in Angus females. *J Anim Sci* 2000, 78:2091–2098.

Eler JP, Ferraz JBS, Balieiro JCC y Mattos EC. Genetic analysis of average anual productivity of Nellore breeding cows (COWPROD). *Genetic and Molecular Research* 2008, 7(1):234-242.

Eler JP, Silva JA, Ferraz JB, Dias F, Oliveira HN, Evans JL, y Ferraz JBS. Genetic evaluation of the probability of pregnancy at 14 months for Nellore heifers 2002, *J Anim Sci* 2002, 80:951-954.

Eler JP, Silva, J a IIV, Evans JL, Ferraz JBS, Dias F, y Golden BL. Additive genetic relationships between heifer pregnancy and scrotal circumference in Nellore cattle. *J Anim Sci* 2004, 82:2519-2527.

Evans JL, Golden BL, Bourdon RM y Long KL. Additive genetic relationships between heifer pregnancy and scrotal circumference in Hereford cattle. *J. Anim. Sci* 1999, 77:2621-2628.

Gianola D. Theory and Analysis of Threshold Characters. *J Anim Sci* 1982, 54(5):1079–1096.

Gianola, D. Theory of Quantitative Genetics with Reference to Animal Breeding. Gianola D 1979.

Guerra JLL, Franke DE y Blouin DC. Genetic parameters for calving rate and calf survival from linear, threshold, and logistic models in a multibreed beef cattle population. *J Anim Sci* 2006, 84:3197-3203.

Jamrozik J, McGrath S, Kemp R y Miller S. Genetic analysis of female fertility traits in Canadian Simmentals. *Livest Sci* 2012, 150(1–3):302–309. <http://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.09.018>

Johnston DJ, Corbet NJ, Barwick SA, Wolcott ML y Holroyd RG. Genetic correlations of young bull reproductive traits and heifer puberty traits with female reproductive performance in two tropical beef genotypes in northern Australia. *Animal Production Science* 2014, 54:74-84. <http://doi.org/10.1071/AN13044>

Johnston DJ, y Bunter KL. Days to calving in Angus cattle: Genetic and



environmental effects, and covariances with other traits. *Livest Prod Sci* 1996, 45(1):13–22. [http://doi.org/10.1016/0301-6226\(95\)00088-7](http://doi.org/10.1016/0301-6226(95)00088-7)

MacNeil MD y Vukasinovic N. A prototype national cattle evaluation for sustained reproductive success in Hereford cattle. *J Anim Sci* 2011, 89:1712-1718.

Martinez GE, Koch RM, Cundiff LV, Gregory KE, Kachman SD y Van Vleck LD. Genetic parameters for stayability, stayability at calving, and stayability at weaning to specified ages for Hereford cows. *J Anim Sci* 2005, 83: 2033-2042.

Martínez-Velázquez G, Gregory KE, Bennett GL y Van Vleck LD. Genetic relationships between scrotal circumference and female reproductive traits. *J Anim Sci* 2003, 81(2):395-401. <http://doi.org/10.1111/j.1439-0531.2008.01186.x>

Mercadante MEZ, Packer IU, Razook AG, Cyrillo JNSG y Figueiredo LA. Direct and correlated responses to selection for yearling weight on reproductive performance of Nelore cows *J Anim Sci* 2003, 81:376–384.

Morris C, Wilson JA, Bennett GL, Cullen NG, Hickey SM y Hunter JC. Genetic parameters for growth, puberty, and beef cow reproductive traits in a puberty selection experiment. *New Zealand Journal of Agricultural Research* 2000, 43:83-91. <http://doi.org/10.1080/00288233.2000.9513411>.

Núñez-Domínguez R, Cundiff LV, Dickerson GE, Gregory KE y Koch RM.. Lifetime production of beef heifers calving first at two vs three years of age. *J Anim Sci* 1991, 69:3467-3479.

Phocas F y Laloe D. Evaluation models and genetic parameters for calving difficulty

in beef cattle. *J Anim Sci* 2003, 81(4):933–938.

Phocas F y Sapa J. Genetic parameters for growth, reproductive performance, calving ease and suckling performance in beef cattle heifers. *Animal Science* 2004, 79:41-48. doi:10.1017/S1357729800054515.

Ramirez-Valverde R, Misztal I y Bertrand JK. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle. *J Anim Sci* 2001, 79:333–338.

Román PSI, Ríos UA, Montañó BM, García RA, Vega MVE, Sifuentes RAM, Martínez VG, Vázquez PC, Ruiz LFJ. Mejoramiento genético de los bovinos en el trópico. En: González PE, Dávalos FJL, Rodríguez ROL editores. Estado del arte sobre investigación e innovación tecnológica en ganadería bovino tropical. 1ª ed. REDGATRO – CONACYT. 2015:99-152.

Santana ML, Eler JP y Ferraz JBS. Alternative contemporary group structure to maximize the use of field records: Application to growth traits of composite beef cattle. *Livest Sci* 2013, 157(1):20–27. <http://doi.org/10.1016/j.livsci.2013.06.034>

Shiotsuki L, Silva JAVII, Tonhati H y Albuquerque LG. Genetic associations of sexual precocity with growth traits and visual scores of conformation, finishing, and muscling in Nelore cattle *J Anim Sci* 2009, 87(5):1591-1597. <http://doi.org/10.2527/jas.2008-1173>

Shorten PR, Morris C y Cullen NG. The effects of age, weight, and sire on pregnancy rate in cattle. *J Anim Sci* 2015, 93(4):1535-45. <http://doi.org/10.2527/jas.2014->

[8490](#).

Silva JA II V, Van Melis M H, Eler JP y Ferraz SJB. Estimación de Parâmetros Genéticos para Probabilidade de Prenhez aos 14 Meses e Altura na Garupa em Bovinos da Raça Nelore. *R Bras Zootec* 2003, 32(5):1141-1146.

Ugarte E, Alenda R y Carabaño MJ. Fixed or Random Contemporary groups in genetic evaluations. *J Dairy Sci* 1992, 75(1):269–278.  
[http://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(92\)77762-5](http://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(92)77762-5).

Urioste JI, Chang YM, Naya H y Gianola D. Genetic variability in calving success in Aberdeen Angus cows under extensive recording. *Animal* 2007, 1(8):1081-8.  
<http://doi.org/10.1017/S1751731107000390>

Van Eenennaam LA. Considerations related to breed and biological type. Chapter 3 in “Management considerations in beef heifer development and puberty”. D. J. Patterson and M. F. Smith Eds. *Vet Clin Food Anim* 2013, 29: 493-516

Van Melis MH, Eler JP, Rosa GJM, Ferraz JBS, Figueiredo LGG, Mattos EC y Oliveira HN. Additive genetic relationships between scrotal circumference, heifer pregnancy, and stayability in Nellore cattle. *J Anim Sci* 2010, 88(12):3809-3813.  
<http://doi.org/10.2527/jas.2009-2127>.

Van Vleck LD. Contemporary Groups for Genetic Evaluations. *J Dairy Sci* 1987, 70(11):2456–2464. [http://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(87\)80309-0](http://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(87)80309-0)

JA II V, Van Melis M H, Eler JP y Ferraz SJB. Estimación de Parâmetros Genéticos para Probabilidade de Prenhez aos 14 Meses e Altura na Garupa em Bovinos da

Raça Nelore. *R Bras Zootec* 2003, 32(5):1141-1146.

Vazquez AI, Gianola D, Bates D, Weigel KA y Heringstad B. Assessment of Poisson, logit, and linear models for genetic analysis of clinical mastitis in Norwegian Red cows. *J Dairy Sci* 2009, 92(2), 739-48. <http://doi.org/10.3168/jds.2008-1325>

Visscher PM y Goddard ME. Fixed and Random Contemporary Groups. *J Dairy Sci* 1993, 76(5):1444-1454. [http://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(93\)77475-5](http://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(93)77475-5).

## **CAPITULO 3**

### **LINEAR AND LOGISTIC MODELS FOR MULTIPLE-BREED GENETIC ANALYSIS OF HEIFER FERTILITY IN MEXICAN SIMMENTAL-SIMBRAH BEEF CATTLE.**

Este capítulo será abordado a través de un artículo científico sometido en el Journal of Applied Animal Research en abril de 2016, el documento se encuentra en el formato en el que fue presentado.

## **Linear and logistic Models for Multiple-breed genetic analysis of heifer fertility in Mexican Simmental-Simbrah beef cattle.**

The aim of this study was to compare alternative models for the genetic evaluation of heifer fertility in Simmental-Simbrah cattle. The analyses were conducted using a database with 37,390 female birth information recorded from 1984 to 2007, and 59,018 individuals in the pedigree. Three generalized mixed models were adjusted for a single trait in a multiracial population: Linear animal model, linear sire model, and logistic sire model. The models were analyzed by restricted maximum likelihood procedure with Average-Information algorithm. Two strategies of cross-validation were carried out to evaluate the predict ability of the models. The heritability obtained from linear animal and sire models had lower values than that estimated with the logistic model,  $0.04 \pm 0.00$ ,  $0.05 \pm 0.00$  and  $0.20 \pm 0.03$ , respectively. High Spearman and Kendall correlations were observed between the ranks of breeding values estimated from the linear and logistic sire models, 0.99 and 0.94, respectively. In contrast, between the animal and sire models, these correlations were lower, 71 and 54%, respectively. The logistic sire model was the best estimating the breeding values with ancestors information, while the linear animal model was the best predicting with scattered information. It was considered that best fit and prediction was produced with the linear animal model as well as the largest number of animals with DEP.

Keywords: Heritability; Cross-validation; Binomial trait; Genetic trend; Prediction ability.

## Introduction

Improving reproductive performance means greater benefit in productive efficiency than what can be obtained with growth traits (Dickerson, 1970); Van Eenennaam (2013), using economic principles, reported that improvement in reproduction can be up to four times more important than improving traits of final products in cow-calf systems which sale calves at weaning.

The genetic improvement of beef cattle in Mexico has carried out by selecting in traits of growth and carcass quality; few beef cattle breeds associations have included genetic evaluations of traits related to the sexual precocity and fertility in their improvement programs. These are complex characteristics that are not commonly used for selection purposes but have significant influence on the biological and economic efficiency of the cow-calf system. Progress in its implementation as a genetic performance traits has been slowed down for several reason: the long time that it takes to obtain relevant information, the difficulty in measuring such traits, the low heritability of reproductive characteristics and statistical problems associated with the application of linear models to binomial traits (i. e. estimators outside the parametric ranges  $(0, 1)$ , inefficient estimators due to the presence of heterocedasticity, association between mean and variance, etc. and biased breeding values).

A management tactic commonly recommended to increase the production efficiency is the cull of females that do not get pregnant within the deadlines set in a production systems (MacNeil & Vukasinovic, 2011; Dziuk & Bellows, 1983; Azzam & Azzam,

1991). Eliminating heifers that were not pregnant at an early age is equivalent to removing of the herd subfertile females. According to a study conducted in Montana, when a heifer fails to become pregnant in the first breeding season, calving percentage on her productive life will be approximately 55% (Selk, 2015). Given the little inheritable nature of this trait (<10%) (Cammack et al., 2009), using it as improving factor does not guarantee genetic gain; reproductive behavior observed is not a good indicator of genetic merit. Selecting for this performance, animals of any genetic potential would be eliminated, lower or higher. Expected Progeny Difference (EPD) is the best option to improve reproductive characteristics; this estimator gives a clear picture of the genetic status of any individual within the population.

Currently, herd fertility, heifer fertility, and stayability are main features that researchers are exploring. Heifer fertility is a trait included in the breeding objectives as an indicator of sexual maturity (Shiotsuki et al, 2009); comprises puberty, fertilization and the successful maintenance of pregnancy. The heifer's ability to calve at early age is regarded as a profitable performance indicator.

Heifer fertility is a dichotomous variable, it is distributed as a Bernoulli random variable; in this kind of variables there is dependence between mean and variance and the mean takes values in the range 0-1. Therefore, random effects, as the additive genetic, do not have a normal distribution as continuous variables do; this is an assumption in the standard procedures of estimating breeding values and its failure to comply could result in bias. Gianola (1982) published that variables exhibiting discontinuous distributions are analyzed better if a continuous underlying



distribution is postulated. One way to solve this problem is by using nonlinear models, as logistics, where logits would be within the limits 0 to 1, and the random effects have a normal distribution.

The aim of this study was to compare alternative models for the genetic evaluation of heifer fertility in Simmental-Simbrah cattle, allowing using as much information as possible and having less bias. For this purpose, goodness of fit, prediction ability and rank of breeding values of three models were compared; an animal linear model, a sire linear model, and a sire logistic model.

## **Material and methods**

### ***Population of study***

Information was provided by The Mexican Simmental-Simbrah Association; consisting of 37,390 useful records of heifers that were took from 1984 to 2007. Table 1 shows the structure and descriptive statistics of the database.

### ***Data editing***

Basic depuration of data included eliminating individuals without parents' identification, coming from embryo transfer technique or females which did not have production or progeny records. Genetic analysis was conducted using a database of multibreed heifers and 59,018 individuals in the pedigree.

### ***Trait definition***

To define fertility (FERT), records were coded as "1" when heifer's first calving

occurred before 1270 days old; otherwise, fertility was coded as "0".

***Statistical analysis.***

To prepare data for genetic analysis, preliminary linear models were fitted to identify important fixed effects for the expression of FERT (Ghorbani et al., 2013), with the GLM procedure of SAS (2010).

**Table 3.1.** Pedigree and data structure: Mean, standard deviation (SD), range, minimum (Min) and maximum (Max) for heifer fertility of Simmental-Simbrah beef cattle.

Pedigree structure	Animal Model		Sire Model		
	Mean	SD	Range	Min	Max
Number of animals in pedigree	59,018				
Number of animals with productive records	37,390				
Number of sires in pedigree	3,430				
Number of sires with progeny in the data	3,430				
Number of dams in pedigree	26,101				
Number of dams with progeny and own productive record	1,524				
Statistical average for both models	Mean	SD	Range	Min	Max
Calves / sire	10.81	17.64	313	1	314
Sires / year / herd	4.38	3.77	29	1	30
Active years / sire	4.08	3.13	17	1	18
Dam / sire	10.82	17.64	313	1	314
Calves / dam	1.42	0.78	8	1	9

### ***Models for univariate analyses***

Three generalized mixed models were adjusted for the genetic evaluation of heifer fertility as a single trait, in a multiracial population of Simmental-Simbrah cattle: 1) Linear animal model (LAM), 2) linear sire model (LSM), and 3) logistic sire model (BSM); the logistic animal model was not considered in this study because of the extreme categories problem (i.e. all observations in individual subclasses are either 0 or 1) hinders its implementation (Koeck *et al.*, 2010).

The fixed effect considered for all models were: contemporary group (CG) and covariates: age at calving of cow's dam (lineal (MA) and quadratic (MA2), Simmental breed genes proportion (GP), heterozygosis (Het) and recombination loss (RL). Contemporary Group was defined as an effect determined by the herd, year and season of heifer's birth. Herd identification was assigned taking into account the number designated to the heifer's owner at its birth and who remained as its owner at weaning. Contemporary groups with less than four records were eliminated. Four birth seasons were created: 1) January-March, 2) April-June 3) July-September and 4) October-December. Age of the dam at the heifer birth was calculated in days.

The fixed effects GP, Het and RL were included in the model with the objective of performing the multiracial evaluation, in this way it was possible to include more animals, improve the evaluation of purebred individuals and simultaneously compare Simmental and Simbrah cattle. These effects were estimated for each animal as:

$$GP = \frac{Sire_i + Dam_i}{2},$$

$$Het = (Sire_i * (1 - Dam_i)) + (Dam_i * (1 - Sire_i)),$$

$$RL = (Sire_i * (1 - Sire_i)) + (Dam_i * (1 - Dam_i)),$$

in which  $Sire_i$  and  $Dam_i$  were the proportion of Simmental in the sire and dam, respectively.

For the generalized linear mixed models analysis of LAM and LSM, an identity link function were used to connect expected value of the random variable FERT with a linear function of explanatory variables; on the other hand, in the case of BSM the logit link function was utilized. For all models, the linear predictors were:

$$\eta = X\beta + Za$$

Where the conditional distribution for  $y|a$  was binomial, with parameter  $\pi$  for probability of calving; and the  $\eta=g(\pi)$  link functions;  $\beta$  was a  $p \times 1$  vector for fixed effects;  $a$  was a  $q \times 1$  vector of direct genetic random effect (animal or sire, depending on corresponding model);  $X$  and  $Z$  were incidence matrices that associate the data with the related effects. It was assumed that random effects followed a multivariate normal distribution. The mixed model normal equations were as follows:

$$\begin{bmatrix} X'H'R^{-1}HX & X'H'R^{-1}HZ \\ Z'H'R^{-1}HX & Z'H'R^{-1}HZ + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{\delta} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'H'R^{-1}y^* \\ Z'H'R^{-1}y^* \end{bmatrix}$$

Where,

$$H = \frac{\partial \mu}{\partial \eta'} = \frac{\partial \frac{e^{\eta_i}}{1 + e^{\eta_i}}}{\partial \eta_i}$$

$$R = \text{var}(y|u), \text{ and}$$

$$y^* = y - \mu + H\eta$$

Random effects means were equal to zero and the structure of (co)variance used was:

$$\begin{pmatrix} a \\ e \end{pmatrix} | \sigma_a^2, \sigma_e^2 \sim N \left[ 0, \begin{pmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I_n\sigma_e^2 \end{pmatrix} \right]$$

Where, **A** is the additive numerator relationship matrix (59,018 x 59,018 order for the animal model and order of 40,820 x 40,820 for the sire models),  $\sigma_a^2$  the direct additive genetic variance,  $\sigma_e^2$  the residual variance, and  $I_n$  the identity matrix with order equal as number of records (37,390). It was assumed that genetic effects, animal or sire, were independent of residuals in the model. The LAM and LSM were run with responses binomially distributed and with no adjustment to residual variance. For the logit function of logistic sire model, errors had a standard logistic distribution with  $\theta$  mean and variance was set to  $\pi^2/3$  (Williams, 2011, Guerra et al., 2006).

All models were analyzed with the ASREML software. Genetic and phenotypic parameters were estimated by Restricted Maximum Likelihood using an Average Information (AI) algorithm. The convergence for maximization of the likelihood function was presumed when the REML log-likelihood last changes less than 0.002 x iteration number and the individual variance parameter estimate change less than 1%.

Estimates of heritability ( $h^2$ ) for linear models were evaluated in the observable scale, while the logistic model was performed on the logistic scale. Formulas used for calculating  $h^2$  will be described next for the LAM, LSM or BSM, respectively.

$$\widehat{h}_A^2 = \frac{\widehat{\sigma}_a^2}{\widehat{\sigma}_a^2 + \widehat{\sigma}_e^2} \qquad \widehat{h}_S^2 = \frac{4\widehat{\sigma}_a^2}{\widehat{\sigma}_a^2 + \widehat{\sigma}_e^2} \qquad \widehat{h}_S^2 = \frac{4\widehat{\sigma}_a^2}{\widehat{\sigma}_a^2 + \pi^2/3}$$

The  $h^2$  were set to the same scale for comparison; estimators obtained from linear models were converted to the underlying scale using the formula (Guerra *et al*, 2006; Martinez *et al*, 2005; Van Vleck, 1972; Roff, 2001).

$$h_u^2 = \frac{h_o^2 p(1-p)}{z^2}$$

where  $h_u^2$  is the underlying scale heritability,  $h_o^2$  is observed scale heritability,  $p$  is the proportion of individuals in the population who calved and  $z$  is the standard normal curve ordinate at threshold point where it cuts an area equal to  $p$ .

### **Comparison of models**

The models were compared based on their goodness of fit; two information criteria were used to estimate overall fit of each model, Akaike (AIC) and Bayesian (BIC); the following formulas were used:

$$AIC = -2 \log (L) + 2p$$

$$BIC = -2 \log (L) + p * \log (n)$$

Where  $L$  is likelihood,  $p$  the number of parameters in the model and  $n$  the number of

observations. Objective of the AIC was to identify the best model generated by data and the BIC was to find the best prediction model (Crawley, 2002). The models with lowest AIC or BIC were considered the best models.

Models were also compared through the animals' rank obtained on the basis of breeding values estimated with the complete data set; CORR procedure of SAS (2010) software was used to calculate two nonparametric measures of association, rank correlation coefficient of Spearman (CORS) and the tau-b of Kendall (CORK); both statistics were used to evaluate the existing correspondence among breeding values obtained from the three models.

The ability of models to predict breeding values was assessed by k-fold cross-validation approach; Two strategies of cross-validation were conducted: In the first approach, all data set was divided into two groups, one with animals born before 2004 who formed the training group with approximately 75% of the records, and remaining individuals formed the test group; In the second essay, the entire data set was randomly divided into four sub-groups of equal size, for this, random sampling without replacement was applied; each of these subgroups served as test group while the other three came together to form the corresponding training group. Afterwards, in both appraisals, the training group served to estimate all fixed and random effects; which they were used to predict observations in the testing group.

Two criteria were used to compare the predictive ability of the models; the mean-square error of prediction (MSEP) and the Pearson correlation (CORR). The MSEP for each iteration was calculated by formula:



$$MSEP_i = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2$$

Where  $y_i$  is the observed response,  $\hat{y}_i$  the predicted response, and  $n$  the number of data in the test subset. The  $\hat{y}$  for individual  $i$  within a test group was derived as the sum of predicted effects over all effects estimated in the training set. In each training analysis the data excluded one group to train on the remaining groups to estimate independent effects, which were then used to predict response of individuals from the omitted group (validation set). The MSEP for each model was the arithmetic mean of its  $k$ -MSEP <sub>$i$</sub>  to obtain a single result; model with the lowest MSEP value was the one with better predictive ability.

$$\overline{MSEP} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k MSEP_i$$

Pearson correlation was used to estimate existing association between the breeding values (BV) observed and those predicted for each subgroup in every model; test data served to obtain observed BV, and training data for predicted ones. Similarly, to MSEP, arithmetic mean of the CORR of  $k$  subgroups served as single value to compare the models.

$$\rho_{y,\hat{y}} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{cov(y, \hat{y})}{\sigma_y \sigma_{\hat{y}}}$$

Where  $cov(y, \hat{y})$  is the estimated covariance between the observed BV, and those predicted,  $\sigma_y$  the standard deviation of the observed BV, and  $\sigma_{\hat{y}}$  of predicted BV ones;

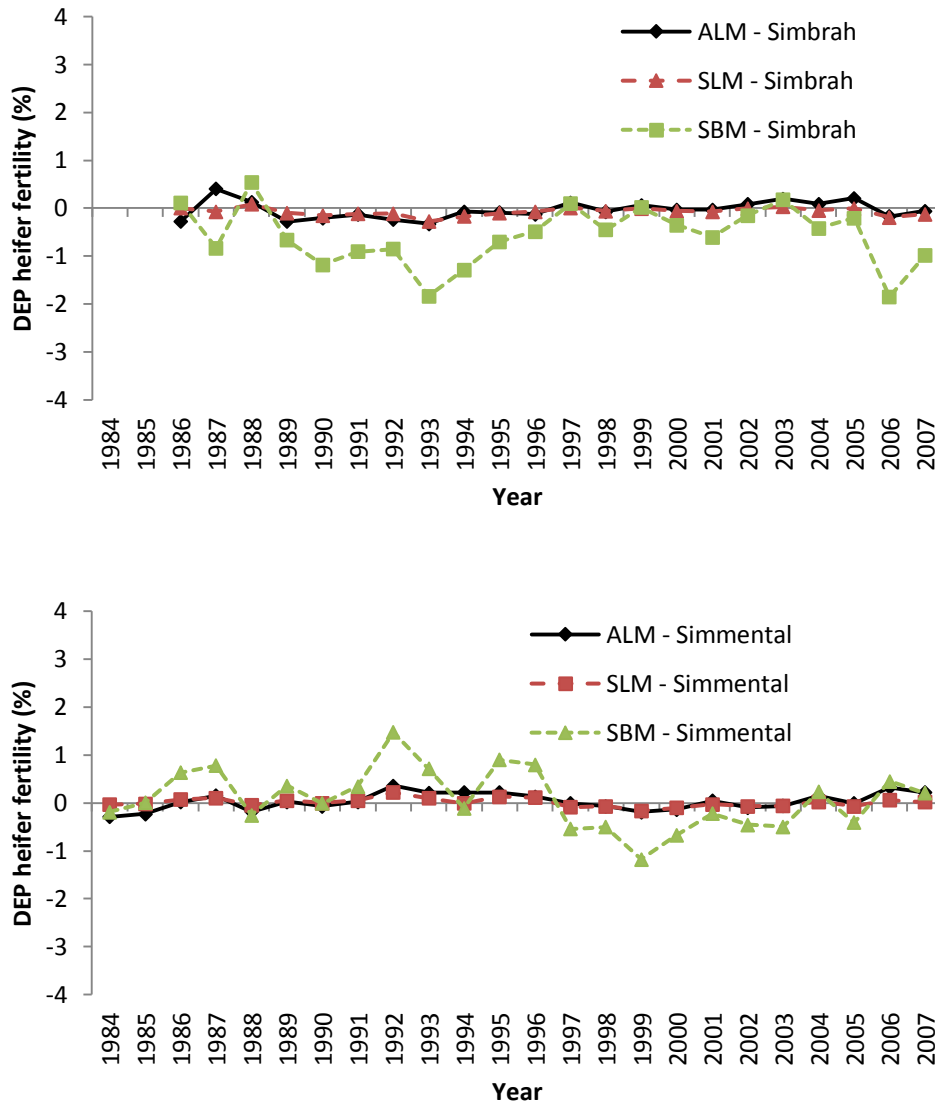
$n$  is the number of records in the test or training subgroup. Decision criterion was: the model with the highest correlation was the one who had better prediction ability.

## **Results and Discussion**

### ***Parameter estimation and model fitting***

The mean and the variance obtained for the fertility of the heifers were 0.271 and 0.198, respectively. Thirty percent of heifers calved before the 1270 days old. Figure I shows the genetic trends of fertility in the Simmental and Simbrah heifers based on EPD estimated with the linear animal model for heifers born between 1984 and 2007. No clear genetic trend for both breeds was observed.

**Figura 1.** Genetic trends of heifer fertility based on expected progeny differences (EPD) using the animal linear, sire linear, and sire logistic models for Simmental and Simbrah breeds.



Variance components estimated with different models could not be directly compared because they belong to different distributions. It is more relevant if the comparison is between ratios of two components, as it would be for  $h^2$  (Abdollahi-Arpanahi *et al.*, 2013), and is advisable to put them in the same scale (Dempster & Lerner, 1950; Van Vleck & Gregory, 1992).

The heritabilities calculated with the three models are presented in Table 2. Differences were found between  $h^2$  obtained from different distributions: lower values were obtained from the linear models than with the logistic models. The estimated  $h^2$  for LAM, LSM and BSM, were 0.04, 0.05 and 0.20, respectively; the LAM and LSM estimates are converted to a linear scale. Sun & Su (2010) reported that logistic model estimate higher  $h^2$  than the linear models for reproductive traits; Sun and Su (2010) reported that heritabilities for reproductive traits were higher when they were estimated with logistic models than with linear models; although the heritabilities estimates of the BSM were more than the double that the estimates from the linear models, all of them were less than 0.05. Matos *et al.* (1997) found the same differences that we found in this study, between  $h^2$  estimates from linear models and from thresholds models for sheep fertility; but  $h^2$  of the linear animal model was higher than  $h^2$  of sire models, indicating that  $h^2$  estimated for these characteristics obtained with binomial data in the linear models were lower when they were converted to a linear scale, 0.07 vs. 0.04 for LAM and 0.09 vs. 0.05 for LSM; this may indicate that the additive variance estimator was confounded partially with non-additive genetic variance ( Gianola, 1982). In a simulation study, Hoeschele & Tier (1995) determined that animal model produced a greater bias in the estimate of  $h^2$

than the sire model; this in small progeny groups (<40), like in our study. Divergences in the  $h^2$  were also found when the type of model was taking into account; there were differences between  $h^2$  obtained with a linear animal model and that obtained with linear sire model, although the differences were lower with transformed values. Similarly, in a simulation study, Van Vleck & Gregory (1992) found that  $h^2$  was overestimated when it was calculated with binomial data by linear animal model, and then transformed to the underlying scale. An interesting point to consider in this study was the moderate  $h^2$  obtained with the logistic model;  $h^2$  calculated by the linear models and then transformed represented one quarter of  $h^2$  estimated by the logistic model. As in this study, Doyle et al (1996), Doyle et al (2000), Djemali et al (1987), Buddenberg et al (1989), Evans et al. (1999), and Snelling et al. (1996) found a moderate  $h^2$  (>0.20); likewise the  $h^2$  in the underlying scale of nonlinear models were greater than those calculated on the observed scale by linear models, and they attributed this difference to the lower prediction accuracy of the latter.

### ***Goodness of fit***

Table 2 shows the log-L values of the univariate analysis for each proposed model, and the information criteria (AIC and BIC). In our study, these two criteria were used to compare the models; this was possible because their likelihood functions were similar and because the same records were used; the results indicated that there were small differences between the adjustments of the three models.

The predictive ability of the three models was evaluated considering all the information of the database. The model that showed greater MSEP was the LAM,

followed by the BSM, and LSM, with 11.12, 0.01 and 0.0001, respectively. CORR coefficients, obtained between the observed and adjusted values, indicated a different situation for the models, LAM had the best fit, followed by BSM and then LSM, with coefficients of 0.67, 0.63 and 0.62, respectively. Considering the information criteria (AIC and BIC), MSEP, and CORR, the model with the best fit was LSM.

**Table 3.2.** Variance components estimators of restricted maximum likelihood and heritabilities of heifer's fertility for the models: linear animal (LAM), linear sire (LSM), and logistic sire (BSM).

	LAM	LSM	BSM
Additive variance	0.00948(0.00136)	0.01211 <sup>1</sup> (0.00192)	0.69373 <sup>1</sup> (0.10699)
Error variance	0.12848(0.00152)	0.13516(0.00107)	3.2865 <sup>4</sup>
Phenotypic variance	0.13796(0.00108)	0.13819(0.00109)	3.4634(0.02675)
Heritability	0.0687(0.0097) <sup>2</sup>	0.0876(0.0137) <sup>3</sup>	---
Underlying scale heritability	0.036(0.0052) <sup>5</sup>	0.047(0.0073) <sup>5</sup>	0.2003(0.0293) <sup>3</sup>
Heterogeneous variance factor (Deviance/DF)	---	---	0.79
Number of records	37,390	37,390	37,390
log L	2,797.61	2,791.05	2,834.35
AIC	<b>84.33</b>	100.33	116.33
BIC	68.36	68.36	68.33

<sup>1</sup> 4(Sire variance)

<sup>2</sup> (Additive variance) / (additive + error variance)

<sup>3</sup> 4(sire variance) / (sire variance + error variance)

<sup>4</sup> Error variance restricted to  $\pi^2 / 3$

<sup>5</sup> Transformation:  $h^2_u = h^2_b (\mathbf{p}(1-\mathbf{p}) / \mathbf{Z}^2)$ . where:  $h^2_u$  is the  $h^2$  in underlying scale,  $h^2_b$  the  $h^2$  in binomial scale,  $\mathbf{p}$  the fraction of cows that calved, and  $\mathbf{Z}$  the height to the ordered at the truncation point for a  $\mathbf{p}$  area under the normal curve.

Models with lower values in AIC or BIC had best fit (bold font)

### ***Prediction of random effects***

From the point of view of genetic improvement, the differences in the rank of breeding values between models was relevant. The correlations CORS and CORK between predicted breeding values (PBV) obtained from the different models with all records available are presented in Table 3. A high correlation was observed between LSM and the BSM of 0.99 for CORS and of 0.94 for CORK, indicating that small differences between the rank of the PVB of the two sire models are expected. Similar results were obtained by Sun & Su (2010), they used the entire database in the genetic evaluation of success to first service, and they suggest that with a database large enough, the realignment in the ranks would not be significant. The correlation between the PBV obtained with the sire models and the generated with the animal model were in average 0.71 for CORS and 0.54 for CORK. The difference between the ranges of PVB was greater when it was obtained from the comparison between the animal model and any of the two sire models, than when this was the result of the contrast made between the sire models, even though the latter have different linking function. Therefore, it was considered that the rank of PBV was affected more meaningfully by the relationship information than by the type of distribution used in the estimation. Ramirez Valverde *et al.* (2001) found that when reliability of the sires change, the rank of PBV also changed and, in their case, as the information was increased, the CORS of LAM gradually improved to the point that was similar to the nonlinear sire model. Contrary to what is stated here, the results obtained by Vazquez *et al.* (2009) suggest that the model type, linear or nonlinear, has an impact on the arrangement of PBV and therefore, correlations may change.



**Table 3.3.** Correlations of Spearman rank (above diagonal) and Kendall Tau b (below diagonal) between the predicted breeding values obtained from the models: linear animal, linear sire, and logistic sire for heifers fertility.

---

Model	Linear Animal	Linear Sire	Logistic Sire
Linear Animal		0.71	0.71
Linear Sire	0.54		0.99
Logistic Sire	0.54	0.94	

---

### ***Evaluation of predictive ability with cross-validation***

Predictive ability of the models was also compared through two cross-validation studies. The studies were performed using two alternative procedures: 1) the population was divided in 2 sub-samples and 2) the population was divided in 4 sub-samples. The results of the predictive ability of procedure 1 are shown in Table 4; and from procedure 2 are in Table 5. Procedure 1 for cross-validation was a temporary strategy (generational) that evaluate how well each model predict breeding values, when the values to predict were of young animals through the phenotype of their ancestors and relatives relationship information. Using the mean-square error of prediction (MSEP) as evaluation criterion, it was observed that the best fit was obtained with the BSM, secondly the LSM and finally LAM with 0.02, 3.19 and 27.91, respectively. With regard to the Pearson correlation for evaluating model fit, it was found that fit's differences between models were small, two percentage points in CORS, and the BSM had the best prediction according to the CORK indices, followed by LSM and then by LAM with 0.35, 0.26 and 0.23 respectively. Unlike what was observed in the assessment of the adjustment using all data set, judging with SMPE and CORR criteria, the BSM performed the best prediction of the BV with young animals and had the best association between PBV's ranks of the subpopulations of training and test, according to nonparametric rank correlations.

Cross-validation (procedure 2) was used as a strategy to evaluate the predictive ability of the models when 25% of the information was not available. As in the procedure 1, MSEP and CORR were used to investigate the predictive ability of the

models, and CORS and CORK to compare the association between the dispersion of the PBV. LSM had the best estimates of the association between the PBV predicted with all information and those predicted with the reduced information for the three models; we consider that this model made the best prediction of the PBV when a quarter of the information was not included in the evaluation, even when LAM had greater value of MSEP than LSM.

**Table 3.4.** Cross validation by using different prediction criteria for all tested models of heifer fertility in Simmental-Simbrah beef cattle (Procedure 1).

	LAM <sup>5</sup>	LSM <sup>6</sup>	BSM <sup>7</sup>
Sub sample size	12,475	12,475	12,475
MSEP <sup>1</sup>	27.91	3.19	0.02
CORR <sup>2</sup>	0.35	0.33	0.35
CORS <sup>3</sup>	0.33	0.35	0.35
CORK <sup>4</sup>	0.23	0.26	0.35

<sup>1</sup> Mean-square error of prediction; <sup>2</sup> Pearson correlation; <sup>3</sup> Spearman correlation; <sup>4</sup> Kendall correlation;

<sup>5</sup> Animal linear model; <sup>6</sup> Sire linear model; <sup>7</sup> Sire logistic model.

The results are shown in table 6. Although the greatest MSEP obtained was for LAM, we considered that it was the model that best predicted the PBV when the information was reduced; this model also had the best estimates of association between PBV's ranks. Correlation coefficients estimated for LSM and BSM were very similar and 29% lower than those obtained with LAM. The MSEP obtained from the assessments made on the four subpopulations of each linear model, LAM and LSM, were of small magnitude and constant within model. Contrary to the above, the MSEP for evaluations conducted with BSM were above than those obtained in the linear models, and very divergent between them, this probably caused by sampling. Opposite form what it was found, Vazquez *et al* (2009) obtained similar MSEP for both sire models, linear and logistic. In their cross validation test, Sun & Su (2010) estimated comparable CORS, but with slight advantage in stability for the logistic sire model over the linear sire model.

Like us, Ramirez-Valverde *et al.* (2001) evaluating calving difficulty, found that increasing the number of records per sire improved the predictability of the animal model with respect to the non-linear sire model, with the difference that in our case, LAM exceeded the predictability of BSM, while in their study, the performance of the models ended up being similar. Divergence between the two cross-validation procedures in this study, lies primarily in the number of progeny per sire; although the procedure 1 measured the contribution of recent records in the estimation of PBV, also has implicit a greater reduction of progeny per sire than it was present in the procedure 2; the CORS of LAM in the latter procedure, doubled the estimate of the first, while in the case of BSM this increase was only 60%. These authors found a

better predictive ability of the animal model over the sire model, as can be seen in the results obtained in the procedure 2, where the animal model has better performance regardless of which of the two sire models was compared to.

**Table 3.5.** Cross validation by using different prediction criteria for all tested models of heifer fertility in Simmental-Simbrah beef cattle (Procedure 2).

	LAM <sup>5</sup>	LSM <sup>6</sup>	BSM <sup>7</sup>
SUB-SAMPLE 1			
N	5,168	5,168	5,168
MSEP	3.62	0.74	81.06
CORR	0.72	0.54	0.56
CORS	0.68	0.50	0.52
CORK	0.51	0.36	0.37
SUB-SAMPLE 2			
N	5,234	5,234	5,234
MSEP	10.8	1.70	83.90
CORR	0.74	0.55	0.55
CORS	0.72	0.52	0.52
CORK	0.054	0.38	0.38
SUB-SAMPLE 3			
N	5,158	5,158	5,158
MSEP	6.64	1.56	130.94
CORR	0.73	0.51	0.52
CORS	0.70	0.47	0.47
CORK	0.52	0.35	0.34
SUB-SAMPLE 4			
N	5,166	5,166	5,166
MSEP	7.09	2.75	248.55
CORR	0.77	0.61	0.59
CORS	0.74	0.56	0.57
CORK	0.55	0.41	0.41
SAMPLE MEAN			
$\overline{\text{MSEP}}$	7.04	1.69	136.11
$\overline{\text{CORR}^2}$	0.74	0.55	0.56
$\overline{\text{CORS}^3}$	0.71	0.51	0.52
$\overline{\text{CORK}^4}$	0.53	0.38	0.38

<sup>1</sup> Mean-square error of prediction; <sup>2</sup> Pearson correlation; <sup>3</sup> Spearman correlation; <sup>4</sup> Kendall correlation;

<sup>5</sup> Animal linear model; <sup>6</sup> Sire linear model; <sup>7</sup> Sire logistic model.

## Conclusions

The performance of models: linear animal, linear sire, and logistic sire in the genetic evaluation of heifers fertility was compared. The results showed that the  $h^2$  of heifers fertility was better estimated with BSM than with the linear models, although this did not lead to a better prediction of PVB; the differences obtained in both cross-validation procedures indicated that the estimation of the PBV was not significantly affected by the distribution of the adjusted variable; on the other hand, the quality of information and connectivity impacted on the prediction and ranking of the PBV. Taking into account all the criteria used to compare the models, it can be concluded that the genetic evaluation of Simmental heifers fertility can be performed better with LAM, provided that the database is large enough; the interpretation of the logistic evaluation results are more complicated and, on the other hand, the number of animals with DEP was higher in the animal model than the sire models

## References

- Abdollahi-Arpanahi R, Peñagaricano F, Aliloo H, Ghiasi H, Urioste JI. 2013. Comparison of Poisson, probit and linear models for genetic analysis of number of inseminations to conception and success at first insemination in Iranian Holstein cows. *Livest. Sci.* 153:20-26.
- Azzam SM, Azzam AM. 1991. A Markovian Decision Model for Beef Cattle Replacement that Considers Spring and Fall Calving. *J. Anim. Sci.* 69:2329-2341.

- Buddenberg BJ, Brown CJ, Johnson ZB, Dunn JE, Peterson HP. 1989. Heritability estimates of pregnancy rate in beef cows under natural mating. *J. Anim. Sci.* 67:2589-2594
- Cammack KM, Tomas MG, Enns RM. 2009. Reproductive traits and their heritabilities in beef cattle. *The Professional Animal Scientist.* 25:517-528.
- Crawley MJ. 2002. *Statistical computing: An introduction to data analysis using S-Plus.* 1st ed. Chichester, West Sussex, England: John Wiley & Son Ltd . p. 772.
- Dempster ED, Lerner IM. 1950. Heritability of threshold characters. *Genetics.* 35:212-236.
- Dickerson G. 1970. Efficiency of Animal Production, Modeling the Biological Components. *J. Anim. Sci.* 30:849-859.
- Djemali M, Berger PJ, Freeman AE. 1987. Ordered categorical sire evaluation for dystocia in Holsteins, *J. Dairy Sci.* 70:2374-2384.
- Doyle SP, Green RD, Golden BL, Mathiews GL, Comstock CR, LeFever DG. 1996. Genetic parameter estimates for heifer pregnancy rate and subsequent re-breeding rate in Angus cattle. *J. Anim. Sci.* 74(Suppl. 1):117. (Abstr.)
- Doyle SP, Golden BL, Green RD, Brinks JS. 2000. Additive genetic parameter estimates for heifer pregnancy and subsequent reproduction in Angus females. *J. Anim. Sci.* 78:2091–2098.
- Dziuk RA, Bellows RA. 1983. Management of Reproduction of Beef Cattle, Sheep and Pigs. *J. Anim. Sci.* 57(Suppl. 2):355-379.



- Evans JL, Golden BL, Bourdon RM, Long KL. 1999. Additive genetic relationships between heifer pregnancy and scrotal circumference in Hereford cattle. *J. Anim. Sci.* 77:2621–2628.
- Ghorbani Sh, Tahmoorespur M, Maghsoudi A., Abdollahi-Arpanahi R, 2013. Estimates of (co)variance components for production and reproduction traits with different models in Fars native fowls. *Livest. Sci.* 151, 115-123.
- Gianola D. 1982. Theory and Analysis of the Threshold Characters. *J. Anim Sci.* 54: 1079-1096.
- Guerra JLL, Franke DE, Blouin DC. 2006. Genetic parameters for Calving Rate and Calf Survival from Linear, Threshold, and Logistic Models in a Multibred Beef Cattle Population. *J. Anim. Sci.* 84:3197-3203.
- Hoeschele I, Tier B. 1995. Estimation of variance components of threshold characters by marginal posterior modes and means via Gibbs sampling, *Genet. Sel. Evol.* 27:519-540.
- Koeck A, Heringstad B, Egger-Danner C, Fuerst C, Fuerst-Waltl B. 2010. Comparison of different models for genetic analysis of clinical mastitis in Austrian Fleckvieh dual-purpose cows. *J. Dairy Sci.* 93:4351-4358.
- Matos CA, Thomas DL, Gianola D, Tempelman RJ, Young LD. 1997. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: I. Estimation of genetic parameters, *J. Anim. Sci.* 75, 76-87.
- Martinez GE, Koch RM, Cundiff LV, Gregory KE, Kachman SD, Van Vleck LD. 2005. Genetic Parameters for Stayability, Stayability at Calving, and Stayability at Weaning to Specified Ages for Hereford Cows. *J. Anim. Sci.* 83:2033-2042.

- MacNeil MD, Vukasinovic N. 2011. A Prototype National Cattle Evaluation for Sustained reproductive success in Hereford Cattle. *J. Anim. Sci.* 89:1712-1718.
- Meyer K. 2006. PX × AI: Algorithmics for Better Convergence in Restricted Maximum Likelihood Estimation. *Proc. Eighth World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.* Comm. No. 24–00.
- Ramirez-Valverde R, Misztal I, Bertrand JK. 2001. Comparison of threshold vs linear and animal vs sire models for predicting direct and maternal genetic effects on calving difficulty in beef cattle, *J. Anim. Sci.* 2001. 79:333–338
- Robertson A, Lerner IM. 1949. The heritability of all-or-none traits: viability of poultry. *Genetics* 34:395-411.
- Roff DA. 2001. The threshold model as a general purpose normalizing transformation. *Heredity* 86:404-411.
- SAS. 2010. The data analysis for this paper was generated using SAS/STAT software, Version 9.3 for Windows. Copyright © 2002-2010 SAS Institute Inc. SAS and all other SAS Institute Inc. product or service names are registered trademarks or trademarks of SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
- Selk G. 2015. 3 Advantages of culling open replacement heifers. *Progressive Cattleman*. [Published on 21 April 2015; updated 2016 february 19]. Available from: <http://www.progressivecattle.com/topics/reproduction/6794-3-advantages-of-culling-open-replacement-heifers>.

- Shiotsuki L, Silva JAIV, Tonhati H, Albuquerque LG. 2009. Genetic associations of sexual precocity with growth traits and visual scores of conformation finishing and muscling in Nelore cattle. *J. Anim. Sci.* 87, 1591-1597.
- Snelling WM, MacNeil MD, Golden BL. 1996. Application of continuous and binary trait methods to reproductive measures of Hereford cattle. *J. Anim. Sci.* 74(Suppl. 1):115 (Abstr.).
- Sun C, Su G. 2010. Comparison on models for genetic evaluation of non-return rate and success in first insemination of the Danish Holstein cows, *Livest. Sci.*, 127: 205–210.
- Van Eenennaam LA, 2013. Considerations related to breed and biological type. Chapter 3 in “Management considerations in beef heifer development and puberty”. D. J. Patterson and M. F. Smith Eds. *Vet Clin Food Anim* , 29: 493-516
- Van Vleck LD. 1972. Estimation of Heritability of Threshold Characters. *J. Anim. Sci.* 55: 218-225.
- Van Vleck LD, Gregory KE. 1992. Multiple-trait restricted maximum likelihood for simulated measures of ovulation rate with underlying multivariate normal distributions. *J. Anim. Sci.* 70:57-61.
- Vazquez AI, Gianola D, Bates D, Weigel KA , Heringstad B. 2009. Assessment of Poisson, logit, and linear models for genetic analysis of clinical mastitis in Norwegian Red cows. *J. Dairy Sci.*, 92:739–748.
- Williams R. 2011. Comparing Logit and Probit Coefficients Between Models and Across Groups. (<https://www3.nd.edu/~rwilliam/stats/Oglm.pdf>)

## **CAPITULO 4**

### **PROTOTIPO DE EVALUACIÓN GENÉTICA NACIONAL PARA FERTILIDAD DE VAQUILLAS SIMMENTAL-SIMBRAH Y CHAROLAIS- CHARBRAY.**

Este capítulo será abordado a través de un artículo científico sometido en la Revista Mexicana de Ciencias Veterinarias; el documento se encuentra en el formato en el que fue presentado y aprobado en octubre de 2016

## Resumen

El objetivo del presente estudio fue desarrollar un prototipo de evaluación genética multirracial para la fertilidad de vaquillas (FERT) en las poblaciones Simmental-Simbrah y Charolais-Charbray. Se utilizó información de 49,943 hembras Simmental-Simbrah, nacidas entre 1984 y 2011 (EvSim) y de 49,871 hembras Charolais-Charbray, nacidas entre 1990 y 2011 (EvChar). Para el análisis, a FERT se le asignó un uno cuando la vaquilla parió antes de los 1,281 días de edad y un cero en caso contrario. Los estimadores de los componentes de varianza y los valores genéticos se obtuvieron ajustando un modelo lineal mixto para una sola característica. Los estimadores de heredabilidad fueron similares,  $0.07 \pm 0.008$  y  $0.06 \pm 0.008$ , para EvSim y EvChar, respectivamente. La mediana del número de hembras por grupo contemporáneo fue 10, en un rango intercuartil de 5 a 20, en ambos casos, EvSim y EvChar. La mediana del número de hembras por familia de medias hermanas paternas fue 5 en ambos casos, EvSim y EvChar. Las Diferencias Esperadas en la Progenie (DEP) en fertilidad de vaquillas variaron de: -5.79 a 8.72, -9.56 a 8.84, -7.94 a 8.22, y -7.29 a 6.14, para Simmental, Simbrah, Charolais y Charbray, respectivamente. Las heredabilidades estimadas indican que puede haber respuesta genética a la selección de FERT en las poblaciones evaluadas. Las tendencias genéticas estimadas muestran un cambio genético favorable en FERT de las cuatro razas durante el período 2007 - 2011. Los rangos de las DEP permiten identificar sementales sobresalientes para la fertilidad de sus hijas.

Palabras Clave: Ganado de carne; heredabilidad, tendencias genéticas

PROTOTYPE OF A NATIONAL GENETIC EVALUATION FOR HEIFERS

FERTILITY IN SIMMENTAL-SIMBRAH Y CHAROLAIS-CHARBRAY

**Abstract**

The objective of this study was to develop a prototype of multibreed genetic evaluation for heifer fertility (FERT) in Simmental-Simbrah and Charolais-Charbray populations. Information from 49,943 Simmental-Simbrah females born between 1984 and 2011 (EvSim) and 49,871 Charolais y Charbray females (EvChar), born between 1990 y 2011 were used. For the analysis, a one was assigned when a heifer calved before 1,281 days of age, otherwise a zero was assigned. Variance components estimators and breeding values were obtained by fitting a linear mixed model for a single trait. Estimates of heritability were similar,  $0.07 \pm 0.008$  and  $0.06 \pm 0.008$ , for EvSim and EvChar, respectively. Median number of heifers per contemporary group was 10, with an interquartile range from 5 to 20, in both cases, EvSim and EvChar. Median number of paternal half sibs per family was 5 for both, EvSim and EvChar. The ranges of Expected Progeny Differences (EPD) for FERT were: -5.79 to 8.72, -9.56 to 8.84, -7.94 to 8.22, and -7.29 to 6.14, for Simmental, Simbrah, Charolais y Charbray, respectively. Heritability estimates suggest that there may be genetic response to selection of FERT in the populations evaluated. Estimated genetic trends suggest a favorable genetic change of FERT in the four breeds during the period 2007 to 2011. The ranges of the EPD allowed identification of outstanding sires for heifer fertility.

Key words: beef cattle; heritability; genetic trends,

## Introducción

La rentabilidad de los sistemas de producción de carne de bovino depende fundamentalmente de la eficiencia reproductiva de la hembra. Se reconoce que las tasas reproductivas altas influyen significativamente sobre la eficiencia biológica y económica de los sistemas de producción vaca-cría<sup>(1)</sup>. El impacto económico por mejorar el comportamiento reproductivo puede ser hasta cuatro veces mayor que el logrado por mejorar características de crecimiento y calidad de la canal<sup>(2)</sup>. Los valores de heredabilidad estimados para características del comportamiento reproductivo son bajos e indican que los efectos ambientales son los principales responsables de la expresión de la fertilidad en vacas y vaquillas<sup>(3)</sup>.

Son pocos los programas nacionales que incluyen evaluaciones genéticas de características reproductivas alrededor del mundo (Estados Unidos, Brasil, Reino Unido y Francia) y pocas las características que se evalúan dentro de cada programa; las principales son preñez de vaquillas, edad al primer parto y permanencia productiva<sup>(3,4)</sup>. Sólo en algunos de estos países las Diferencias Esperadas en la Progenie (DEP), como estimadores del mérito genético de la fertilidad de vaquillas, están disponibles para algunas razas y se han asociado positivamente con la fertilidad en la fase adulta<sup>(4,5)</sup>.

Resultados recientes muestran la posibilidad de lograr progreso genético en características reproductivas a través de selección. Heredabilidad de  $0.49 \pm 0.03$  obtenida para tasa de gestación de vaquillas en ganado Nelore indican que variables como ésta se podrían utilizar como criterio de selección en programas nacionales

para mejorar la fertilidad del hato<sup>(6)</sup>. Asimismo, Berry y Evans<sup>(7)</sup> encontraron en una población de animales cruzados *Bos taurus* que la variación genética en características reproductivas era suficiente para asegurar un programa exitoso de mejora genética del comportamiento reproductivo.

En México, se han realizado evaluaciones genéticas nacionales para la Asociación Mexicana Simmental–Simbrah A. C. y la Charolais Charbray Herd Book de México A. C., desde el 2001 y 2002, respectivamente. Estas evaluaciones se han hecho para características de crecimiento, circunferencia escrotal, talla y permanencia productiva, utilizando procedimientos multirraciales<sup>(8)</sup>, pero no se ha realizado para fertilidad de vaquillas. El objetivo del presente estudio fue desarrollar un prototipo de evaluación genética multirracial para la fertilidad de vaquillas en las poblaciones Simmental-Simbrah y Charolais-Charbray.

## **Materiales y métodos**

### ***Población de estudio***

Se utilizó la información de 49,943 hembras registradas en la Asociación Mexicana Simmental–Simbrah A.C., nacidas entre 1984 y 2011 (EvSim), y la de 49,871 hembras registradas en la Charolais Charbray Herd Book de México A.C., nacidas entre 1990 y 2011 (EvChar). Los registros de las asociaciones indicaron que no se realizó cambio de propietario de las hembras incluidas en las presentes evaluaciones genéticas, por lo que se consideró que permanecieron en el mismo grupo contemporáneo desde el nacimiento hasta los 1,281 días de edad (42 meses). Se definieron cuatro épocas en función de la distribución de los nacimientos de las



vaquillas: enero-marzo, abril-junio, julio-septiembre y octubre-diciembre. El grupo contemporáneo (GC) se integró por hatos, año y época de nacimiento de la vaquilla. Los GC con menos de cuatro registros no fueron considerados en el análisis. La edad de la madre de la vaquilla al parto se calculó en días. Los Cuadros 1 y 2 resumen la estructura de las bases de datos utilizadas.

### ***Variable de respuesta***

La característica evaluada fue la fertilidad de vaquillas (FERT); para cada vaquilla se generó una variable en función de su desempeño reproductivo; a las que parieron antes de los 1,281 días de edad se les asignó un uno y en caso contrario un cero.

### ***Modelos estadísticos***

Para determinar si los efectos fijos incluidos en el modelo lineal mixto definitivo explicaban variación significativamente, se ajustaron modelos lineales preliminares<sup>(9,10)</sup> con el procedimiento GLM del paquete estadístico SAS<sup>(11)</sup>. De esta manera se decidió incluir la edad de la madre al parto como covariable lineal y cuadrática. El modelo lineal mixto definitivo, empleado en ambas evaluaciones genéticas, quedó estructurado como se muestra a continuación:

$$y = Xb + Za + e,$$

donde, **y** es el vector de observaciones de FERT; **b** es el vector de efectos fijos para GC (4,938 y 4,528 niveles para EvSim y EvChar, respectivamente), la edad de la madre de la vaquilla al parto en días como covariable lineal y cuadrática (EM y EM2, respectivamente), el porcentaje de genes Simmental o Charolais (PG), la

heterocigosis (HET) y las pérdidas por recombinación (PR) como covariables relacionadas con el genotipo de la vaquilla <sup>(12,13)</sup>; **a** es el vector aleatorio de efectos

**Cuadro 4.1.** Estructura general de los datos y de los pedigríes utilizados para evaluar la fertilidad de vaquillas en poblaciones Simmental-Simbrah y Charolais-Charbray.

---

	Simmental-Simbrah	Charolais-Charbray
Animales en el pedigrí	75,926	72,486
Animales con registros productivos	49,943	49,871
Sementales en el pedigrí	4,976	5,741
Sementales con progenie con registros productivos	4,335	3,592
Madres en el pedigrí	37,756	41,467
Madres con registros	33,890	30,979

---

**Cuadro 4.2.** Medias, mínimos y máximos de la información utilizada para evaluar la fertilidad de vaquillas en poblaciones Simmental-Simbrah y Charolais-Charbray.

	Media	Min	Max
<b>Simmental-Simbrah</b>			
Crías por semental	11.52	1	315
Sementales por año y hato	3.52	1	59
Años activos por semental	2.51	1	19
Vacas por semental	10.87	1	256
Crías por vaca	1.47	1	9
<b>Charolais-Charbray</b>			
Crías por semental	13.88	1	346
Sementales por año y hato	5.19	1	31
Años activos por semental	2.61	1	16
Vacas por semental	13.03	1	336
Crías por vaca	1.61	1	8

genéticos aditivos directos (ANIM);  $\mathbf{e}$  es un vector aleatorio de efectos residuales;  $\mathbf{X}$  y  $\mathbf{Z}$  son matrices de incidencia que asocian los datos con los correspondientes efectos. Se asumió que los efectos aleatorios siguieron una distribución normal multivariada, con medias iguales a cero y con la estructura de (co)varianzas siguiente:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{e} \end{pmatrix} \sim N \left[ 0, \begin{pmatrix} A \sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I_e \sigma_e^2 \end{pmatrix} \right]$$

donde,  $A$  es la matriz de parentesco aditiva entre los animales que conformaron el pedigrí (de tamaño 75,926 x 75,926 para EvSim, y 74,486 x 74,486 para EvChar),  $\sigma_a^2$  es la varianza genética aditiva directa,  $\sigma_e^2$  es la varianza residual e  $I_e$  es una matriz identidad de tamaño igual al número de registros (49,943 y 49,871 para EvSim y EvChar, respectivamente). Además, se asumió que los efectos genético aditivo directo y residual fueron independientes<sup>(14,15)</sup>.

### **Análisis estadísticos**

Los estimadores de los componentes de varianza, los valores del logaritmo de la verosimilitud ( $\log L$ ) y las DEP se obtuvieron ajustando un modelo lineal mixto para una sola característica. En la estimación se asumió que FERT se distribuyó binomialmente. Los análisis se realizaron con el paquete estadístico ASREML, utilizando el algoritmo de información promedio de máxima verosimilitud restringida<sup>(16)</sup>. Se asumió convergencia cuando el logaritmo de la verosimilitud cambió menos de 0.002 y el estimador del parámetro de la varianza menos del 1%.

La fórmula utilizada para el cálculo de la heredabilidad ( $h^2$ ) fue:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$$

La DEP es el mejor estimador del mérito genético de un individuo, como esperanza del verdadero valor genético y debe tener un valor de confiabilidad asociado, que tiene una relación directa con la cantidad de información disponible para cada individuo. La confiabilidad se calculó con la siguiente fórmula<sup>(17)</sup>:

$$\text{Confiabilidad} = 1 - \sqrt{\frac{\text{Varianza del error de predicción}}{\text{Varianza genética aditiva}}}$$

Con la finalidad de evaluar el cambio de FERT a través del tiempo en las poblaciones estudiadas, se obtuvieron los promedios anuales de las DEP por año de nacimiento de las vaquillas entre 1984 y 2011. Las tendencias genéticas se estimaron mediante la regresión lineal simple de estas medias en los años correspondientes y la significancia de los coeficientes de regresión obtenidos se probó con el estadístico *t*<sup>(18)</sup>, usando el procedimiento REG de SAS<sup>(11)</sup>.

Se compararon los promedios de las DEP y de las confiabilidades, de la totalidad de sementales y de subconjuntos con el 20, 10, 5 y 1% superior de los sementales.

## **Resultados y Discusión**

### ***Componentes de varianza y heredabilidad***

Los estimadores de los componentes de varianza y heredabilidad para la fertilidad de vaquillas se presentan en el Cuadro 3. Los estimadores de heredabilidad de ambas evaluaciones fueron similares,  $0.07 \pm 0.008$  (EvSim) y  $0.06 \pm 0.008$  (EvChar). Estos

valores están dentro del rango de estimadores reportados por otros investigadores que utilizaron modelos lineales. En una población multirracial, se estimó que la heredabilidad de la tasa de parto fue de  $0.06 \pm 0.02$ <sup>(15)</sup>; en un programa de selección a largo plazo para características de crecimiento, con líneas Hereford, también se obtuvo una heredabilidad de  $0.06 \pm 0.06$  para tasa de preñez<sup>(19)</sup>. Resultados similares se obtuvieron para Hereford y cruzas de Shorthorn y Hereford con Cebú (0.079 y 0.081, respectivamente); sin embargo, heredabilidades para tasa de parto muy próximas a cero se calcularon para Angus,  $0.015$ <sup>(20)</sup>. En un estudio realizado con Angus, la heredabilidad del porcentaje de preñez de vaquillas de dos años fue de  $0.08 \pm 0.06$ , similar al encontrado en este trabajo<sup>(21)</sup>. En contraste, en Simmental, se estimaron heredabilidades para fertilidad de vaquillas menores a las del presente trabajo,  $0.02 \pm 0.003$  cuando se usó monta natural y  $0.016 \pm 0.0025$  cuando se usó inseminación artificial<sup>(5)</sup>.

Un estimador ligeramente mayor ( $0.11 \pm 0.03$ ), que el obtenido en el presente estudio, se encontró en una población Nelore en clima tropical, sujeta a selección para peso al año; los autores concluyeron que el avance genético de la fertilidad no se vio comprometido por la mejora en la característica de crecimiento<sup>(23)</sup>.

En contraste, Silva *et al.*<sup>(22)</sup> encontraron heredabilidades para preñez de 0.12 en vaquillas que parieron antes de los 46 meses y de 0.52 para las que parieron antes de los 31 meses. Diferencias en heredabilidad de la fertilidad se esperan entre poblaciones *Bos taurus* y Nelore, dado que estas últimas han sido sometidas a menor intensidad de selección para mejorar la fertilidad<sup>(24)</sup>.

Por otro lado, estimadores de heredabilidad obtenidos con modelos umbrales son mayores, de 0.21 a 0.53 <sup>(24,25,26,4,27,28)</sup>.

Los estimadores de heredabilidad del presente trabajo indican que la expresión de FERT dependió en gran proporción de factores ambientales. Sin embargo, aunque las heredabilidades estimadas en este estudio son bajas, el intervalo observado de las DEP (Cuadro 4) muestra que puede haber respuesta genética de FERT a la selección. Amplitudes ligeramente mayores entre las DEP de sementales se observaron en una población multirracial (-11.3 a 12.2) <sup>(15)</sup> y en una población Angus (-11.94 a 10.01) <sup>(26)</sup>; los autores opinaron que estas variaciones son suficientes para seleccionar con el objetivo de aumentar la tasa reproductiva.

### ***Grupos contemporáneos***

Los efectos no genéticos han sido incluidos en los modelos de predicción para remover sesgos en las evaluaciones genéticas. El grupo contemporáneo se incluye para minimizar la variación que ocasionan los cambios en las condiciones ambientales del hato, que se dan por las asociaciones entre los grupos contemporáneos y el nivel genético de los animales <sup>(29)</sup>. La varianza del error de predicción es afectada por el tamaño de los grupos contemporáneos, así como por el tamaño de las familias utilizadas en la evaluación. La disminución del tamaño de los grupos contemporáneos aumenta el número de grupos contemporáneos que deben ser estimados y los grados de libertad perdidos en el proceso. En la Figura 1 se presenta la distribución del número de hembras en grupos contemporáneos

**Cuadro 4.3.** Estimadores de componentes de varianza y heredabilidad de la fertilidad de vaquillas.

	Simmental-Simbrah	Charolais-Charbray
Varianza aditiva	0.0103 (0.0012)	0.0079 (0.0011)
Varianza del error	0.1326 (0.0013)	0.1348 (0.0013)
Varianza fenotípica	0.1429 (0.0009)	0.1428 (0.0009)
Heredabilidad	0.0721 (0.0082)	0.0594 (0.0077)
log <i>L</i>	6,223.74	6,644.90

Errores estándar entre paréntesis.

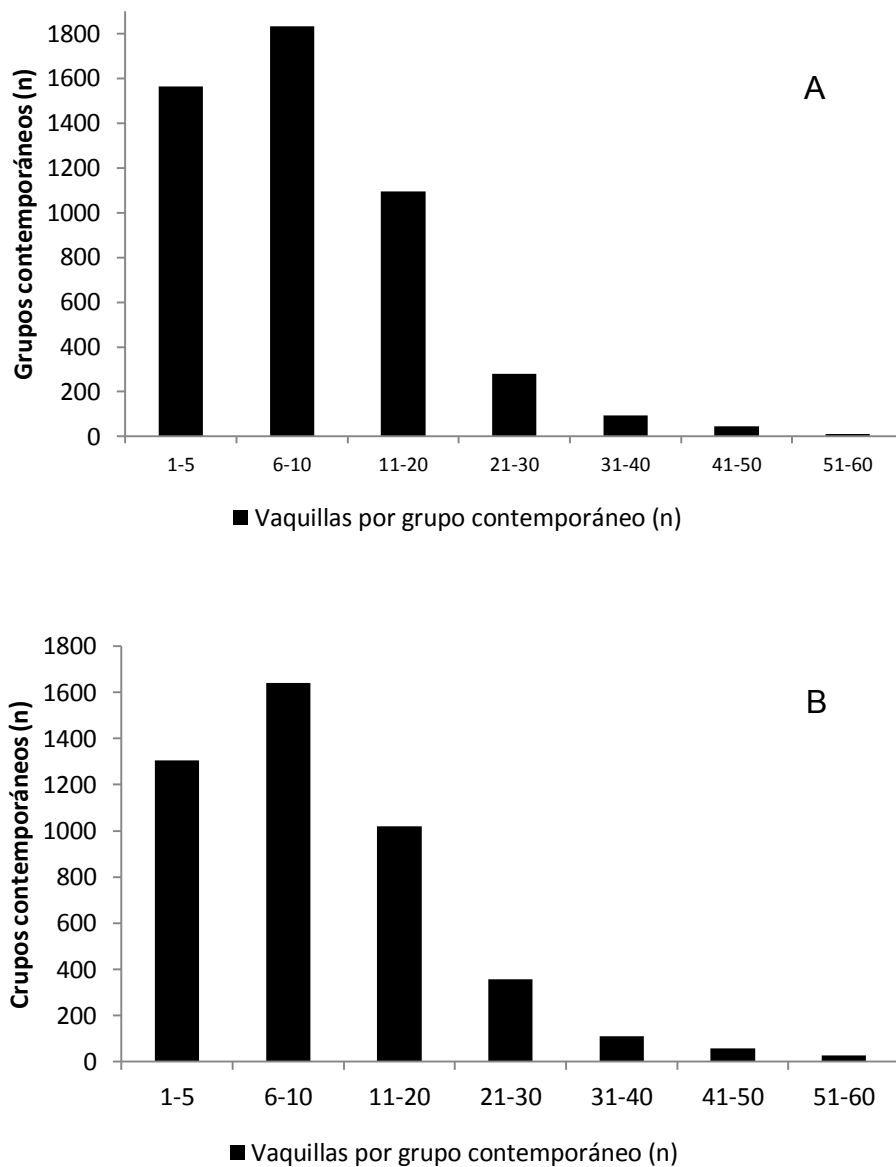
de EvSim y EvChar, respectivamente. Las medianas del número de hembras por grupo contemporáneo de EvSim y EvChar fueron similares, con 10 en un rango intercuartil de 5 a 20. En el presente trabajo se encontró, en ambas poblaciones, que la confiabilidad de los valores genéticos disminuyó a medida que decreció el tamaño del grupo contemporáneo. Los valores de confiabilidad más bajos de los sementales estuvieron por debajo de 0.12 y 0.08 para EvSim y EvChar, respectivamente, cuando el tamaño del grupo contemporáneo fue menor de 10. Ugarte *et al.*<sup>(29)</sup> encontraron que la cantidad efectiva de información para la estimación de valores genéticos disminuyó con el tamaño del grupo contemporáneo, lo que aumentó el error de predicción, aun cuando el número de hijas por semental fue constante y los mayores valores de éstos fueron de grupos contemporáneos menores de 9.



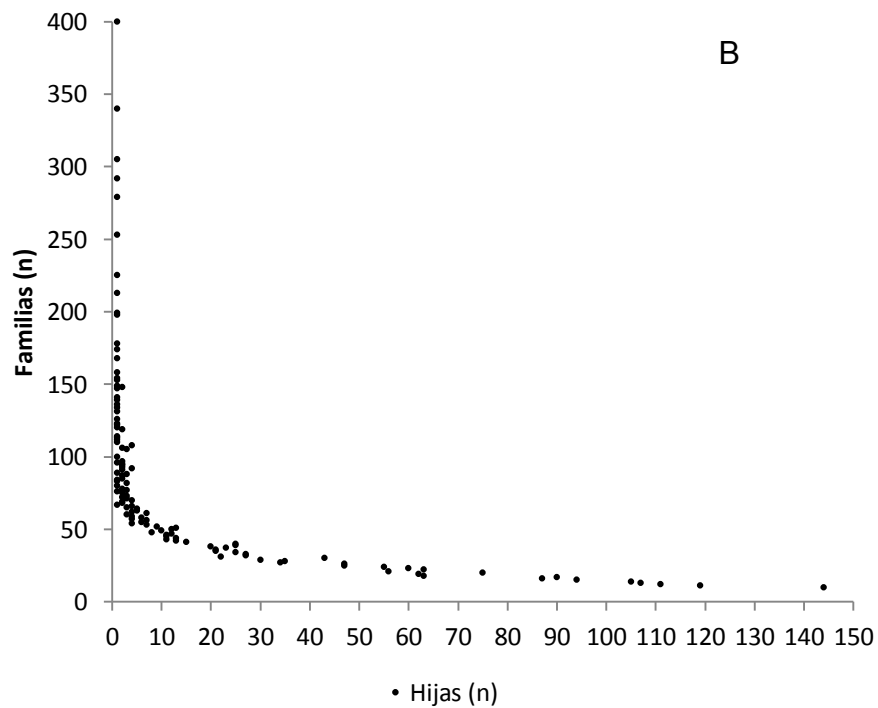
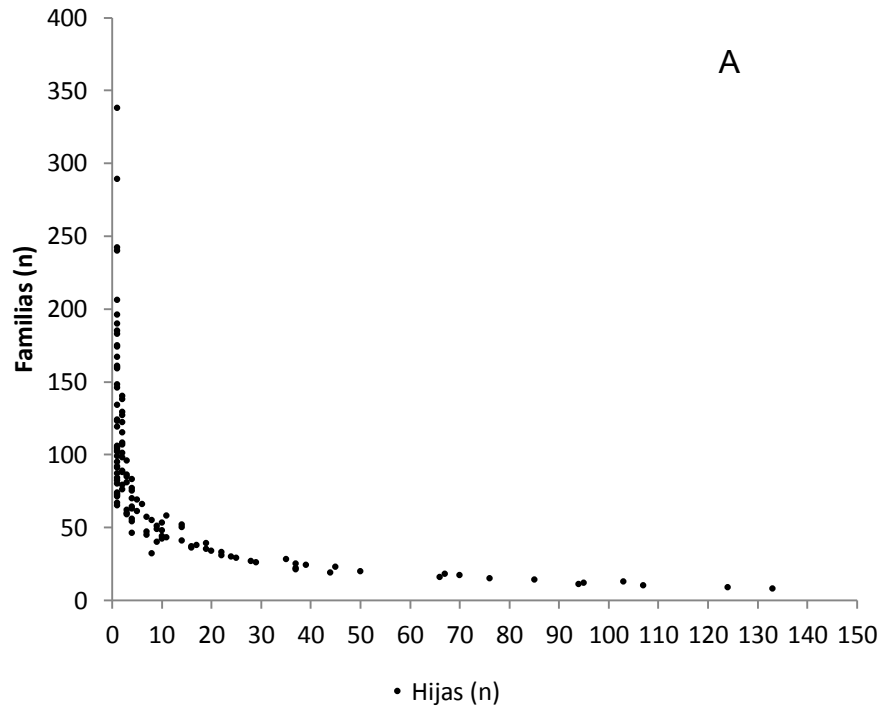
### **Grupos familiares**

El número de sementales utilizados en el presente estudio fue 4,335 y 3,592 para EvSim y EvChar, respectivamente. La distribución del tamaño de las familias paternas de las dos evaluaciones se presenta en la Figura 2. La relación entre el tamaño de los grupos contemporáneos y el de las familias de medias hermanas utilizadas en la evaluación genética determina los niveles de confiabilidad y el sesgo de los valores genéticos obtenidos. El tamaño óptimo de las familias de medios hermanos para la estimación de la heredabilidad está determinado por la relación  $4/h^2$  (30,31). Bajos estimadores de heredabilidad se obtuvieron en ambas evaluaciones, 0.07 y 0.06 para EvSim y EvChar, respectivamente. La relación entre el número de hijas y la confiabilidad de las DEP de los sementales se presenta en la Figura 3. En esta se puede observar que para alcanzar niveles de confiabilidad superiores a 0.3 se requiere que un semental tenga más de 100 hijas. En un estudio de reproducción sostenida exitosa, se encontró media y mediana de tamaño de familia de 7 y 11, respectivamente; también estimaron que para alcanzar una confiabilidad de 0.5 un semental necesitaría 90 hijas, considerando la heredabilidad de 0.05; por lo que los investigadores determinaron que para mejorar la confiabilidad se requiere que el tamaño de las familias aumente sustancialmente<sup>(31)</sup>. Como alternativa para evitar el descarte de información proveniente de GC pequeños, en especial de hijas de toros jóvenes, investigadores proponen la utilización combinada GC fijos y aleatorios selectivos,

**Figura 4.1.** Distribución de los grupos contemporáneos en función del número de vaquillas para la para la evaluación Simmental- Simbrah (A) y para la Charolais-Charbray (B).



**Figura 4.2.** Distribución del tamaño de las familias paternas de las vaquillas en la evaluación Simmental- Simbrah (A) y para la Charolais-Charbray (B).



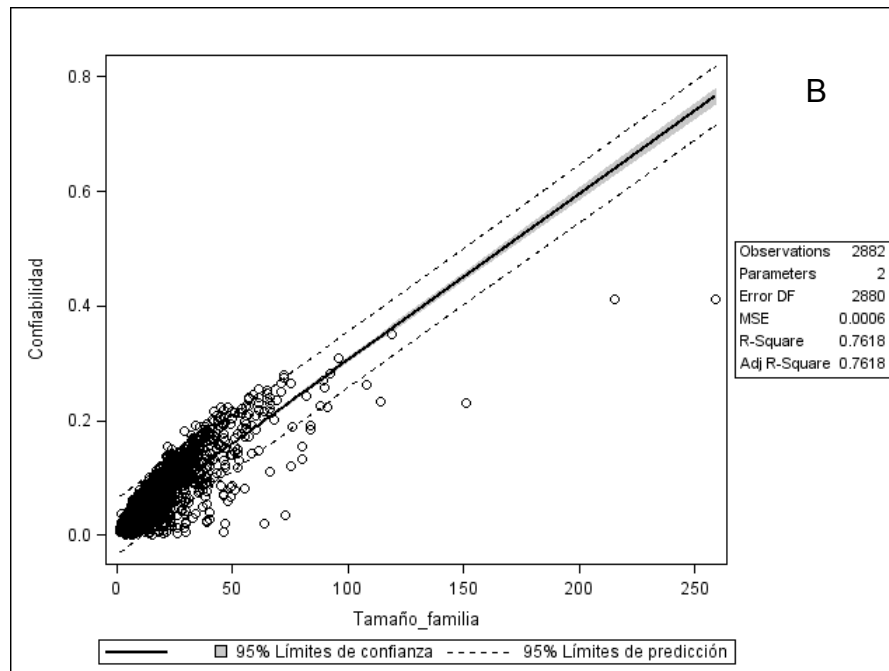
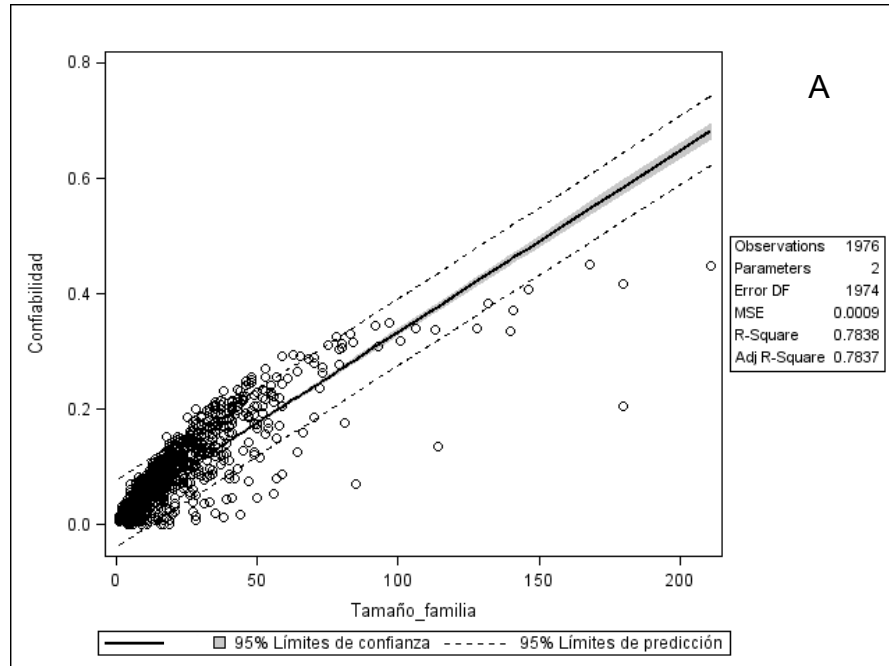
en donde han encontrado, que su utilización interfiere poco con el ordenamiento de los valores de cría, la estimación de los parámetros genéticos y las tendencias genéticas<sup>(32)</sup>.

### ***Tendencias genéticas***

La tendencia genética anual en la fertilidad de vaquillas es el cambio en el mérito genético aditivo en la población para esta característica en el tiempo. En la Figura 4 se presentan las tendencias de las DEP para FERT, a través de los años, de las razas Simmental, Simbrah, Charolais y Charbray. Tanto para EvSim como para EvChar las DEP fueron ajustadas por el promedio de las DEP del año 2001, este año se consideró como la base genética en ambas poblaciones. El cambio genético anual para Charolais, Simmental y Simbrah, entre los años de 1984 y 2011, se estimó en  $0.012 \pm 0.001$  ( $P < 0.001$ ),  $0.008 \pm 0.004$  puntos porcentuales ( $P < 0.05$ ) y  $0.002 \pm 0.003$  ( $P > 0.05$ ), y las medias generales ajustadas de las DEP para este período fueron  $0.063 \pm 0.069$ ,  $0.028 \pm 0.166$  y  $0.09 \pm 0.134$ , respectivamente. En 1984, la DEP promedio de FERT fue -0.063, -0.36 y -0.16, para las poblaciones Charolais, Simmental y Simbrah, respectivamente. A partir de este año, el promedio de las DEP incrementó de manera uniforme hasta llegar, en el 2011 a 0.29 en Charolais, 0.25 en Simmental y 0.19 en Simbrah (Figura 4). En la misma figura también se observa la tendencia genética de la población Charbray con un patrón errático que coincide con los años de menor cantidad de información disponible de esta raza. El cambio genético anual observado en Charbray entre 1988 y 2011 fue el mayor de entre las

cuatro razas ( $0.1334 \pm 0.006$  ( $P < 0.05$ ); el promedio de las DEP fue  $0.041 \pm 0.219$ . A partir del 2001, la tendencia

**Figura 4.3.** Relación entre la confiabilidad y el tamaño de familia paterna para la evaluación Simmental- Simbrah (A) y para la Charolais-Charbray (B).

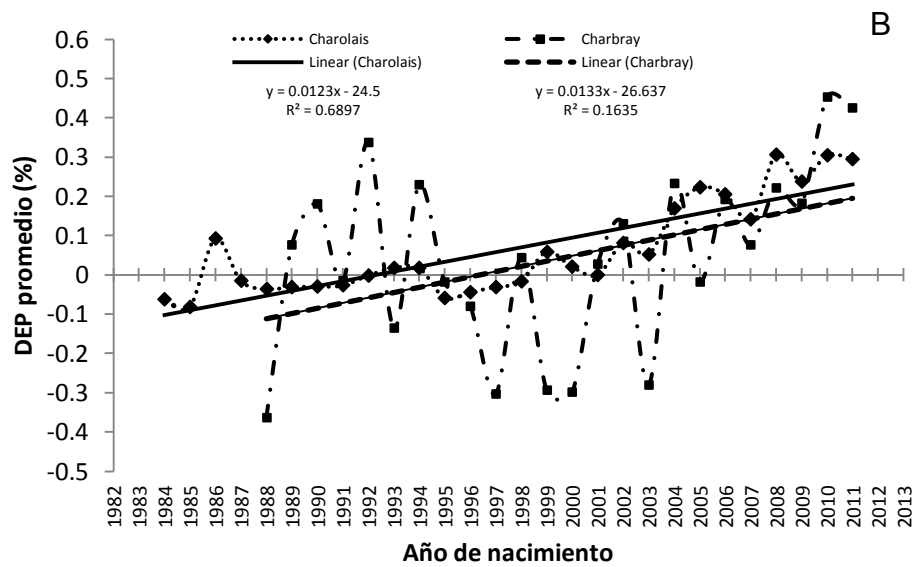
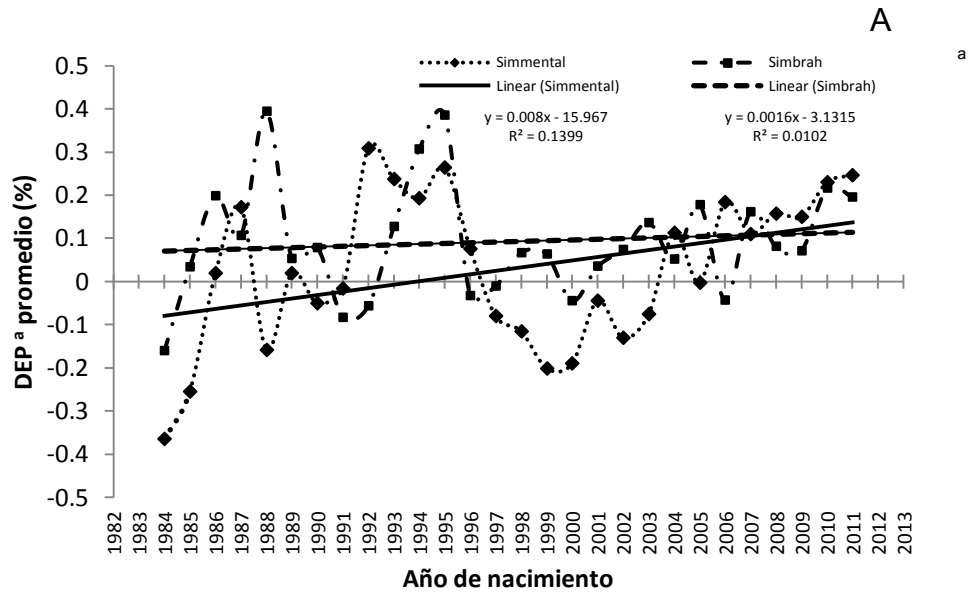


de FERT para la población Charbray siguió una pauta similar a las de las demás razas evaluadas (Figura 4). Es importante resaltar que las tendencias genéticas estimadas en ambas poblaciones muestran que existió una respuesta genética favorable de la fertilidad de las vaquillas de las cuatro razas evaluadas, durante el período 2007 – 2011 (Figura 4). En general, se observó un ligero cambio genético en las poblaciones en estudio, aun cuando se ha aplicado mayor presión de selección sobre las características de crecimiento, como el peso al destete, donde las DEP se han incrementado en el tiempo<sup>(33)</sup>. Resultados similares se encontraron en un estudio de selección para peso al año en Nelore, donde, las medias anuales de los valores genéticos para tasa de parto a primer servicio se mantuvieron prácticamente sin cambio durante 15 años<sup>(23)</sup>; estos autores concluyeron que las ganancias significativas en peso corporal del año en adelante, como resultado de su proceso de selección, no interfirieron en el comportamiento reproductivo de las vacas, en específico de los días al parto y la tasa de parto. Al comparar los resultados obtenidos en el presente trabajo con los de un estudio de tendencias genéticas para tasa de no retorno de vaquillas Noruegas, se encontró que el cambio genético fue positivo (0.16%) y solo fue similar a la tendencia observada en Charbray<sup>(34)</sup>.

### ***Ordenamiento de sementales***

En el Cuadro 4 se presentan los estadísticos de los grupos de sementales ordenados en rangos por su mayor nivel de DEP para EvSim y EvChar. El intervalo de fluctuación de las DEP fue similar para Simmental, Simbrah y Charolais, donde el valor máximo de las DEP estuvo alrededor de los 8 puntos

**Figura 4.4.** Tendencia genética de la fertilidad de vaquillas para la evaluación Simmental- Simbrah (A) y para la Charolais-Charbray (B).



Diferencias esperadas en la progenie (DEP)



porcentuales; en cambio el intervalo en Charbray fue menor. En la Figura 3 se observa, que las confiabilidades más altas estuvieron por arriba de 0.40, en los grupos familiares con más de 100 individuos. Aun cuando la heredabilidad estimada de FERT para las poblaciones estudiadas fue baja, habría que tomar en cuenta la amplitud existente entre las DEP de los sementales. Para ponerlo en contexto, consideremos que un semental que tiene una DEP de 8% tiene la posibilidad de producir hijas con un 7% más de probabilidad de parir a los 42 meses de edad que las hijas de otro semental con una DEP de 1%.

En un estudio con Angus<sup>(35)</sup>, los valores de cría para porcentaje de preñez fluctuaron entre -0.02 y 0.01, intervalo que fue menor al observado en el presente trabajo. Estos autores concluyeron que, aunque la heredabilidad fue baja (0.12), con la variabilidad de los valores de cría obtenidos se podría lograr progreso genético mediante selección. Por otro lado, intervalos de DEP más amplios (de -11.3 a 12.2%) se estimaron en una población multirracial *Bos taurus*, para porcentaje de parto<sup>(15)</sup>. Estos autores también determinaron que el intervalo de las DEP no fue afectado por el tipo de modelo estadístico que se utilizó, lineal, umbral o logístico. Con vaquillas Nelore y un modelo umbral, otros investigadores encontraron que el intervalo de las DEP y los valores de éstas fueron mayores que los que se obtuvieron en el presente trabajo (-24.5 a 24.55); atribuyendo estos resultados, tanto al método de estimación utilizado como a la mayor variabilidad genética de la fertilidad de las vaquillas en la población estudiada<sup>(36)</sup>.

**Cuadro 4.4.** Diferencias esperadas en la progenie (DEP) y confiabilidades estimadas para grupos de sementales superiores para las evaluaciones Simmental-Simbrah y Charolais-Charbray.

	n	DEP (%)	DE	Min	Max	Confiabilidad
<b>Sementales Simmental</b>						
1% superior	11	6.13	1.22	5.08	8.72	0.14
5% superior	53	3.76	1.48	2.2	8.72	0.10
10% superior	105	2.81	1.43	1.6	8.72	0.08
20% superior	209	2.01	1.29	0.89	8.72	0.06
100%	1,052	-0.18	1.62	-5.79	8.72	0.05
<b>Sementales Simbrah</b>						
1% superior	9	6.94	1.05	5.64	8.84	0.18
5% superior	46	4.41	1.48	2.88	8.84	0.13
10% superior	92	3.34	1.51	1.84	8.84	0.10
20% superior	185	2.37	1.44	1.08	8.84	0.09
100%	924	-0.06	1.78	-9.56	8.84	0.06
<b>Sementales Charolais</b>						
1% superior	27	5.07	0.86	4.27	8.22	0.13
5% superior	136	3.38	1.04	2.26	8.22	0.10
10% superior	272	2.59	1.09	1.41	8.22	0.09
20% superior	545	1.80	1.11	0.72	8.22	0.07
100%	2,717	-0.07	1.39	-7.94	8.22	0.05
<b>Sementales Charbray</b>						
1% superior	2	5.59	0.76	5.06	6.13	0.17
5% superior	5	4.51	1.07	3.59	6.13	0.13
10% superior	11	3.51	1.20	2.10	6.13	0.10
20% superior	21	2.59	1.32	1.17	6.13	0.09
100%	104	0.04	1.84	-7.29	6.14	0.07

DE= Desviación estándar; MIN = Valor mínimo de las DEP; MAX = Valor máximo de las DEP.

### **Conclusiones e implicaciones**

Las heredabilidades estimadas indican que puede haber respuesta genética a la selección de FERT en las poblaciones evaluadas. Las tendencias genéticas estimadas muestran un cambio genético favorable de la fertilidad de vaquillas Simmental, Simbrah, Charolais y Charbray durante el período 2007 - 2011. Los rangos de los valores de las DEP permiten identificar sementales sobresalientes para la fertilidad de sus hijas en las cuatro razas estudiadas

### Literatura citada

1. Dickerson G. Efficiency of animal production - Molding the biological components. *J Anim Sci* 1970; 30:849-859.
2. Van Eenennaam AL. Considerations related to breed or biological type. *Vet Clin Food Anim* 2013; 29(3):493-516.
3. Cammack KM, Thomas MG, Enns RM. Review: reproductive traits and their heritabilities in beef cattle. *Prof Anim Sci* 2009; 25:517-528.
4. Johnston DJ. Genetic improvement of reproduction in beef cattle. Proceedings, 10<sup>TH</sup> World congress of genetics applied to livestock production. Vancouver, Canada. 2014:246.
5. Jamrozik J, McGrath S, Kemp RA, Miller SP. Genetic analysis of female fertility traits in Canadian Simmentals. *Livest Sci* 2012; 150:302–309.
6. Shiotsuki L, Silva JAIV, Tonhati, Albuquerque LG. Genetic association of sexual precocity with growth traits and visual scores of conformation, finishing, and muscling in Nelore cattle. *J Anim Sci* 2009; 87:1591-1597.
7. Berry DP, Evans RD. Genetics of reproductive performance in seasonal calving beef cows and its association with performance traits. *J Anim Sci* 2014; 92:1412-1422.
8. Román PSI, Ríos UA, Montaña BM, García RA, Vega MVE, Sifuentes RAM, Martínez VG, Vázquez PC, Ruiz LFJ. Mejoramiento genético de los bovinos en el trópico. En: González PE, Dávalos FJL, Rodríguez ROL editores. Estado del arte sobre investigación e innovación tecnológica en ganadería bovino tropical. 1<sup>a</sup> ed. REDGATRO – CONACYT. 2015:99-152.
9. Ghorbani S, Tahmoorespur M, Maghsoudib A, Abdollahi-Arpanahi R. Estimates of (co)variance components for production and reproduction traits with different models in Fars native fowls. *Livest Sci* 2013; 151:115–123.
10. Orenge JSK, Ilatsia ED, Kosgey IS, Kahi AK. Genetic and phenotypic parameters and annual trends for growth and fertility traits of Charolais and Hereford beef cattle breeds in Kenya. *Trop Anim Health Prod* 2009; 41:767–774.
11. SAS. SAS/STAT software, Version 9.3 for Windows. Copyright © 2002-2010 SAS Institute Inc. SAS and all other SAS Institute Inc. product or service names are registered trademarks or trademarks of SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.

12. Dickerson GE. Experimental approaches in utilizing breed resources. Anim Breed Abstr 1969 37:191-202.
13. Dickerson G. 1973 Inbreeding and heterosis in animals. In: Proceedings of the animal breeding and genetics symposium in honor of Dr. Jay L. Lush. Pp 54-77. ASAS, ADSA and PSA, Champaign, IL.
14. Williams, R. Comparing logit and probit coefficients between models and across groups 2011. <https://www3.nd.edu/~rwilliam/stats/Oglm.pdf>. Consultado 21 Jul, 2016.
15. Guerra JLL, Franke DE, Blouin DC. Genetic parameters for calving rate and calf survival from linear, threshold, and logistic models in a multibred beef cattle population. J Anim Sci 2006; 84:3197-3203.
16. Meyer, K. PX × AI: Algorithmics for better convergence in restricted maximum likelihood estimation. Proc. 8th World Congr Genet Appl Livest Prod 2006; Comm. No. 24–00.
17. Bertrand K, Cundiff L, Golden B, Kachman SD, Quaas R, Van Vleck D, Williams RE. National Cattle Evaluation. In Cundiff LV, Van Vleck LD, Hohenbocken. Guidelines for uniform beef improvement programs. 9th Edition, Beef Improvement Federation, North Carolina State University, Raleigh 2010;65-82.
18. Bernardes PA, Grossi DA, Savegnago RP, Buzanskas ME, Urbinati I, Bezerra LAF, Lôbo RB, Munari DP. Estimates of genetic parameters and genetic trends for reproductive traits and weaning weight in Tabapuã cattle. J Anim Sci 2015; 93:5175-5185.
19. Toelle VD, Robinson OW. Estimates of genetic correlations between testicular measurements and female reproductive traits in cattle. J Anim Sci 1985; 60(1):89-100.
20. Meyer K, Hammond K, Parnell PF, Mackinnon MJ, Sivarajasingam S. Estimates of heritability and repeatability for reproductive traits in Australian beef cattle. Livest Prod Sci 1990; 25:15-30.
21. Morris CA, Wilson JA, Bennett GL, Cullen NG, Hickey SM, Hunter JC. Genetic parameters for growth, puberty, and beef cow reproductive traits in a puberty selection experiment. New Zeal J Agr Res 2000; 43:83-91.
22. Silva JAIV, Dias LT, Albuquerque LG. Estudo genético da precocidade sexual de novilhas em um rebanho Nelore. R Bras Zootec 2005; 34:1568-1572.

23. Mercadante MEZ, Packer UI, Razook AG, Cyrilo JNSG, Figueiredo LA. Direct and correlated response to selection for yearling weight on reproductive performance of Nelore cows. *J Anim Sci* 2003; 81:376-384.
24. Boligon AA, Albuquerque LG. Genetic parameters and relationships of heifer pregnancy and age at first calving with weight gain, yearling and mature weight in Nelore cattle. *Livest Sci* 2011; 141:12–16.
25. Buddenberg BJ, Brown CJ, Johnson ZB, Dunn JE, Peterson HP. Heritability estimates of pregnancy rate in beef cows under natural mating. *J Anim Sci* 1989; 67:2589-2594.
26. Doyle SP, Golden BL, Green RD, Brinks JS. Additive genetic parameter estimates for heifer pregnancy and subsequent reproduction in Angus females. *J Anim Sci* 2000; 78:2091–2098.
27. Snelling WM, MacNeil MD, Golden BL. Application of continuous and binary trait methods to reproductive measures of Hereford cattle. *J Anim Sci* 1996; 74(Suppl 1):115.
28. Van Melis MH, Eler JP, Rosa GJM, Ferraz JBS, Figueiredo LGG, Mattos EC, Oliveira HN. Additive genetic relationships between scrotal circumference, heifer pregnancy, and stayability in Nelore cattle. *J Anim Sci* 2010; 88:3809-3813.
29. Ugarte E, Alenda R, Carabano MJ. Fixed or random contemporary groups in genetic evaluations. *J Dairy Sci* 1992; 75: 269–278.
30. Robertson A. Experimental design in the evaluation of genetic parameters. *Biometrics* 1959; 15:219–226.
31. MacNeil, MD, Vukasinovic N. A prototype national cattle evaluation for sustained reproductive success in Hereford cattle. *J Anim Sci* 2011; 89:1712-1718.
32. Santana ML Jr, Eler JP, Ferraz JBS. Alternative contemporary group structure to maximize the use of field records: Application to growth traits of composite beef cattle. *Livest Sci* 2013; 157:20-27.
33. Asociación Mexicana Simmental-Simbrah. Sumario de sementales 2015. [http://www.simmentalsimbrah.com.mx/sumario\\_sementales/sumario\\_sementales.pdf](http://www.simmentalsimbrah.com.mx/sumario_sementales/sumario_sementales.pdf)
34. Andersen-Ranberg IM, Klemetsdal G, Heringstad B. Short communication: validation of two animal models for estimation of genetic trends for female fertility in Norwegian dairy cattle. *J Dairy Sci* 2003; 86:4090-4092.

35. Bormann JM, Totir LR, Kachman SD, Fernando RL, Wilson DE. Pregnancy rate and first-service conception rate in Angus heifers. *J Anim Sci* 2006; 84:2022-2025.
36. Eler JP, Silva JA, Ferraz JB, Dias F, Oliveira HN, Evans JL, Golden BL. Genetic evaluation of the probability of pregnancy at 14 months for Nellore heifers. *J Anim Sci* 2002; 80:951-954.