



Universidad Nacional Autónoma de México

Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia



TITULO

Estimación de parámetros genéticos para vida productiva acumulada hasta la décima lactancia y vida de ható real en vacas Holstein.

Tesis

Para obtener el título de
Medico Veterinario Zootecnista

Presenta:

Daniel Arenas Escamilla

Asesor:

Dr. Hugo Horacio Montaldo Valdenegro



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



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.

Dedicatorias

A mis padres, Gloria Escamilla Gil y Marcos David Arenas de la Rosa por las enseñanzas y el apoyo siempre incondicional, a mis hermanos y sobrino David, Gloria y César por el cariño que siempre me brindan, a mi pareja y amiga Nahomi por todo el amor y apoyo que me proporciona, a mis amigos los cuales no quisiera mencionar uno a uno, puesto que no terminaría, ya que así como un carácter cuantitativo está influenciado por una multitud de genes y factores ambientales en distintas proporciones, existen una gran cantidad de personas, familia, amigos, compañeros, profesores, que afectan directamente o indirectamente y en distintas maneras, la expresión de este trabajo y de mi vida misma tanto académica como laboral y social por lo que también de manera recíproca les dedico este trabajo.

Agradecimientos

“La gratitud convierte lo que tenemos en suficiente. Es la señal de las almas nobles.” Esopo

Un especial agradecimiento merece la Universidad Nacional Autónoma de México, la máxima casa de estudios, por abrirme las puertas para formarme profesional y humanamente.

Por siempre crear en mi un cariño y amor hacia esta honorable y prestigiada universidad, a través de su porra “Goya” así como de la emblemática mascota.

A mi Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia por crear en mi un amor más consciente hacia los animales; por brindarme las mejores experiencias y amistades que perduran y perduraran en mi vida. Por su extraordinario trabajo en mi formación como Médico veterinario zootecnista.

A mis profesores, por su compromiso con mi aprendizaje, siempre teniendo vocación y amor hacia nuestra profesión.

A mi asesor, por compartir conmigo sus conocimientos y experiencias, por impulsarme a descubrir en mí el talento para desarrollar el presente trabajo.

A mis padres por siempre inculcarme el aprendizaje continuo y las ganas de formarme como profesionalista, por su apoyo incondicional que me hizo posible asistir a clases, prácticas y concluir mi carrera.

CONTENIDO

| | |
|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------|
| TITULO | I |
| Dedicatorias..... | II |
| Agradecimientos..... | III |
| RESUMEN..... | - 1 - |
| INTRODUCCION..... | - 3 - |
| Población de estudio..... | - 7 - |
| Parámetros genéticos | - 8 - |
| Heredabilidad | - 8 - |
| Correlaciones fenotípicas y genéticas..... | - 9 - |
| Definiciones y Modelos estadísticos de longevidad para su evaluación y estimación de parámetros genéticos. | - 10 - |
| MATERIAL Y MÉTODOS | - 14 - |
| Características de longevidad usadas en este estudio. | - 15 - |
| Modelo estadístico de análisis | - 16 - |
| RESULTADOS..... | - 18 - |
| Estadísticos descriptivos..... | - 18 - |
| Heredabilidades..... | - 19 - |
| Correlaciones genéticas..... | - 20 - |
| Correlaciones fenotípicas..... | - 21 - |
| DISCUSIÓN..... | - 22 - |
| CONCLUSIONES..... | - 26 - |
| REFERENCIAS | - 28 - |

RESUMEN

Arenas Escamilla Daniel

Estimación de parámetros genéticos para vida productiva acumulada hasta la décima lactancia y vida de hato real en vacas Holstein.

MVZ. Hugo Horacio Montaldo Valdenegro

Dada la importancia del estudio e inclusión de la longevidad en los objetivos de selección genética y la estimación de parámetros genéticos para la mejora productiva y económica de los bovinos productores de leche, se realizó la estimación de la heredabilidad, correlaciones genéticas y fenotípicas para 11 características de longevidad; la longevidad acumulada hasta las 10 primeras lactancias (DL1, DL2, DL3, DL4, DL5, DL6, DL7, DL8, DL9 y DL10) y la longevidad real de hato (VHR) utilizando 242,751 registros pertenecientes a vacas lecheras de la raza Holstein de Chile obtenidos de 805 hatos lecheros entre 1998 y 2012, con oportunidad de completar 10 lactancias. Se realizaron análisis univariados y bivariados usando un modelo lineal mixto y estimación por máxima verosimilitud restringida (REML). Para las diez lactancias acumuladas estudiadas se estimaron heredabilidades con valores desde 0.0117 ± 0.0016 (DL1) hasta 0.0807 ± 0.0306 (DL10) y para la vida de hato real (VHR) se obtuvo una heredabilidad de 0.0537 ± 0.0030 , resaltando también las heredabilidades de la tercera lactancia acumulada (DL3) de 0.0371 ± 0.003 y la quinta lactancia acumulada (DL5) de 0.0577 ± 0.0033 . En total se obtuvieron 55 correlaciones genéticas, las más importantes son entre VHR y DL3 de 0.9497, y entre VHR y DL5 de 0.9867, lo que deja ver

la utilidad práctica de utilizar DL3 y DL5 y que al seleccionarlás lo esperable es tener una adecuada respuesta a la selección para la vida de hato real y las lactancias subsecuentes. Se confirma la conveniencia de usar datos de longevidad basados en DL1 y DL2 como criterios tempranos de selección en las vacas Holstein de Chile. Aunque las heredabilidades se pueden considerar relativamente bajas, la importancia económica de la longevidad hace que se recomiende utilizar datos acumulados de las primeras lactancias como criterios de selección adecuados para esta población.

Palabras clave: Longevidad, Heredabilidad, Correlaciones genéticas, Univariados, Bivariados, Máxima Verosimilitud Restringida (REML), Vida de Hato Real (VHR), Lactancias acumuladas (DL).

INTRODUCCION

Una herramienta de gran importancia para el desarrollo del ser humano, no solo en la actualidad sino desde el inicio de la domesticación tanto de plantas como de animales, es la aplicación de la genética, en particular la selección genética, que ha ayudado al avance y transformación de la industria ganadera al incrementar la productividad animal (aumento de producción láctea, mejor conversión alimenticia, mayor contenido de grasa en leche, etc.), para lograr una mayor rentabilidad y que estos beneficios se mantengan a largo plazo (Cole *et al.*, 2021).

En las poblaciones de ganado lechero existen distintos rasgos considerados objetivos de la selección genética y su definición ha evolucionado con el tiempo como respuesta a las cambiantes necesidades de los productores, los consumidores y la sociedad; así también la forma con la que se miden estos rasgos y es procesada esta información ha evolucionado gracias a los avances de tecnología y de los programas de control de producción (Miglior *et al.*, 2017).

En su inicio, la selección de ganado lechero solo se centraba en el aumento de la producción de leche y la conformación (Miglior *et al.*, 2017), pero con el tiempo se observó que esta selección centrada en unos pocos aspectos de la productividad de los animales era inadecuada, dado que aumentaba los problemas reproductivos, de mastitis e ignoraba importantes efectos económicos derivados de cambios en la composición de la leche (Schuster *et al.*, 2020).

Aunque las características de producción y composición de la leche están consideradas entre las más importantes en la selección de ganado lechero, los programas de mejoramiento

genético de ganado han evolucionado para incluir a la longevidad y otros rasgos, como son características de conformación y funcionales (profundidad de la ubre, ángulo de la pezuña, largo del pezón, fertilidad), para que las vacas puedan enfrentar mejor los desafíos derivados de los altos niveles de producción de leche (Musingi *et al.*, 2018). Un rasgo de interés productivo debe cumplir varios criterios antes de ser considerado para la selección genética: deberá tener un valor económico como producto o productos comercializables; el rasgo debe tener suficiente variación genética para calcular la tasa de progreso genético dentro del programa de selección; debe estar claramente definido y ser medible; adicionalmente, puede ser favorecido si tiene correlaciones genéticas favorables con otros rasgos económicamente importantes lo cual puede reducir los costos de medición (Miglior *et al.*, 2017), pero esto último en la práctica no siempre sucede.

Para lograr una mayor rentabilidad, las empresas lecheras requieren de vacas de alta producción de grasa y proteína y que permanezcan el mayor tiempo posible en el rebaño (González and Bas, 2002), sin dejar de lado la salud, es decir, que no se enfermen o se enfermen lo menos posible. No cabe duda que el aumento de la producción de leche también ha significado un aumento de los problemas metabólicos, lo que repercute en la producción y salud de los animales, obligando a una mayor eliminación temprana de estos (González and Bas, 2002; Hu *et al.*, 2021), asimismo, estos problemas inciden acortando el periodo productivo de las vacas del rebaño; las vacas más productivas tienden a ser eliminadas con más frecuencia que sus contemporáneas de menor producción por una mayor incidencia de problemas metabólicos, reproductivos y sanitarios (González and Bas, 2002).

En general, la selección para el aumento de la producción de leche aumenta el riesgo de desecho debido a una eficiencia reproductiva, reducida y mayor sensibilidad a las

enfermedades, por lo tanto, el equilibrio entre la longevidad y la producción es importante para mejorar la capacidad genética de ambos rasgos.

La longevidad en el ganado lechero se puede definir como una medida de la capacidad de las vacas para sobrevivir en el rebaño ya sea al desecho voluntario como al involuntario (Valencia Posadas *et al.*, 2008; Miglior *et al.*, 2017). El desecho voluntario es aquel en el que las vacas fueron desechadas debido a la baja producción u otros problemas y el desecho involuntario es aquel en el que las vacas se salen del rebaño a causa de mastitis, cojera extrema, mala reproducción, enfermedad o muerte (Forabosco *et al.*, 2009).

La longevidad es un reflejo de las condiciones en que se desarrolla el sistema productivo, y es un componente fundamental de la rentabilidad de los hatos, después de los rasgos de producción tiene el mayor valor económico, ya que reduce los costos de remplazo y maximiza el periodo rentable. Al mejorar la longevidad se podría ayudar el desarrollo y mejora de la genética del hato, pues interviene en los factores que el productor lechero considera para tomar decisiones de eliminación, de este modo se puede optimizar el desecho voluntario y reducir el desecho involuntario, también existiría mayor intensidad de selección por producción. En general, las vacas que permanecen en el hato más tiempo producen más progenie, por lo tanto, contribuyen más a las siguientes generaciones (Miglior *et al.*, 2017, Hu *et al.*, 2021)(González and Bas, 2002).

La longevidad se ve afectada por muchos factores, como los factores inherentes a la vaca (lactación, salud, rasgos de conformación y rendimiento reproductivo) y factores externos (precio de la leche, nutrición, manejo, costos de alimentación) (Hu *et al.*, 2021). Las enfermedades digestivas y metabólicas son importantes componentes de la compleja relación entre producción, reproducción, salud y longevidad (Rogers, 2002). Una disminución en el

desecho involuntario aumenta las oportunidades para el desecho voluntario, aumenta también la retención de vacas maduras de mayor rendimiento y la subsiguiente disminución en la proporción de vacas jóvenes, permitiendo que más vacas alcancen la edad de su máxima producción de leche (Imbayarwo-Chikosi *et al.*, 2015); además esto reduce los costos asociados con el suministro de alimentación con altos niveles de energía y proteína a las vacas jóvenes que requieren de estos nutrientes para alcanzar la madurez fisiológica mientras se encuentran en preñez o lactancia (Imbayarwo-Chikosi *et al.*, 2015). Una alta eliminación involuntaria en los sistemas de producción intensivos tiene una incidencia fuertemente negativa sobre las proyecciones económicas de las empresas lecheras. Si los niveles de eliminación son altos la tasa de crecimiento del rebaño es cero o negativa y hace que muchas producciones deban comprar vaquillas para mantener estable su masa animal, en dichos casos esta compra puede llegar a ser el segundo costo más importante después de la alimentación (González and Bas, 2002). Además, comprando animales se pierde control sobre la calidad genética de las vacas de reemplazo.

El tiempo de vida natural de las vacas es de aproximadamente 20 años, pero el tiempo medio de desecho en los hatos comerciales es mucho más corto, donde la vida productiva de las vacas lecheras es de 3.0 a 4.5 años, ya que, a medida que la vaca envejece los rasgos funcionales pueden deteriorarse y en muchos casos la vaca es desechada (Clasen *et al.*, 2017), sin embargo, la máxima producción se observa en la 5ta lactancia (Clasen *et al.*, 2017; Hu *et al.*, 2021). La vida productiva de una vaca se estima que puede representar hasta el 50% del valor económico de los rasgos de producción (Imbayarwo-Chikosi *et al.*, 2015). Hasta el 80% de las vacas lecheras desechadas presentan problemas de salud, algunos de estos tienen correlaciones genéticas desfavorables con la longevidad, por lo que la selección para

longevidad mejora la salud y por ende el bienestar de las vacas (Hu *et al.*, 2021). Existen estudios que demuestran que si se tiene mayor inversión en infraestructura y servicios veterinarios para reducir problemas como; mastitis, cojeras e infertilidad se mejora el bienestar de las vacas y con ello también la longevidad media del rebaño (Langford and Stott, 2012; Owusu-Sekyere *et al.*, 2023).

La inclusión de la longevidad en el objetivo de mejoramiento se ha cuestionado porque es un rasgo con baja heredabilidad (Musingi *et al.*, 2018), además por el tiempo necesario para la obtención de información fenotípica de la vida productiva completa de cada vaca. Sin embargo, en prácticamente todos los índices de selección actuales de bovinos productores de leche se incluye la longevidad (VanRaden, 2004; Hu *et al.*, 2021), ya que existen rasgos productivos y de conformación que están genéticamente correlacionados con la longevidad y en consecuencia estos rasgos se pueden utilizar para su evaluación indirecta (Valencia Posadas *et al.*, 2008; Clasen *et al.*, 2017).

Población de estudio.

El consumo percapita mundial de lacteos para el año 2019 fue de 114.8 kilogramos (López *et al.*, 2022). Según datos del Instituto Nacional de Estadística de Chile (INE) para el 2019 el total de cabezas de bovinos fue de 3,408,419 de las cuales 1,042,605 correspondia a bovinos de leche y en particular 494,989 de la raza Holstein (INE, 2019a). Mientras que la producción lactea vacuna a nivel mundial para el 2018 se estima que fue de 715.23 millones de toneladas, por su parte Chile para el 2018 tubo una produccion 2.55 millones de toneladas que representa el 0.3% de la produccion mundial (Fernández and Farías Pérez, 2019; FAO, 2021).

Parámetros genéticos

Heredabilidad

El término heredabilidad se define como la proporción de la variación fenotípica de una característica en una población que se debe a factores genéticos (Falconer and Mackay, 2001; Klug *et al.*, 2006). En otras palabras, es la parte de la variación fenotípica observada en una población determinada que se debe a la varianza aditiva, que es al fin y al cabo lo que se transmite a la descendencia, puesto que las interacciones genéticas (como la dominancia y epístasis) no se heredan de modo consistente a los hijos; la heredabilidad se utiliza en el mejoramiento animal para evaluar la respuesta potencial de una población a la selección artificial de cualquier característica cuantitativa. (Falconer and Mackay, 2001; Klug *et al.*, 2006).

La heredabilidad en sentido estricto (h^2) es la proporción de varianza fenotípica (V_P) debida exclusivamente a la varianza genética aditiva (V_A), se calcula con el cociente entre la varianza genética aditiva (V_A) y la varianza fenotípica (V_P):

$$h^2 = \frac{V_A}{V_P}$$

La varianza aditiva es la principal causa de la respuesta a la selección. Es decir, este parámetro poblacional nos permite cuantificar el parecido entre el rendimiento (fenotipo) de

la progenie y de sus progenitores. Por eso la importancia de conocerlo. Cada característica en cada población tiene sus propios valores de heredabilidad y varianza aditiva, sin embargo, en términos generales, las heredabilidades de una misma característica no difieren mucho entre poblaciones distintas (Falconer and Mackay, 2001; Klug *et al.*, 2006).

Correlaciones fenotípicas y genéticas.

En términos generales, el coeficiente de correlación es una medida cuantitativa estandarizada de similitud / disimilitud entre dos variables. Las correlaciones se cuantifican mediante el coeficiente de correlación (r), que mide la fuerza de su asociación, este se obtiene al dividir la covarianza de las dos variables (x e y) por el producto de las desviaciones estándares de estas mismas (x e y):

$$r = \frac{COV_{xy}}{S_x S_y}$$

El coeficiente de correlación puede estar entre 1 y -1, entre más cercano sea el valor de la correlación a 1 o -1, mayor la fuerza de asociación, donde una correlación perfecta implica un valor de -1 o 1, lo que indicaría que al conocer el valor de una variable sería posible determinar el valor de la otra. Además, un valor positivo indica una asociación directa entre las variables, un valor negativo indica que existe una relación inversa entre las variables. (Spiegel and Stephens, 2009; Heumann *et al.*, 2016).

Con base a lo anterior, la correlación genética se puede definir como una medida del grado de similitud genética entre dos o más valores genéticos aditivos de dos características en los mismos individuos. Asimismo, para la estimación de los coeficientes de correlación fenotípicos y genéticos tenemos definiciones similares:

Correlación fenotípica; $r_{p_{xy}} = \frac{COV_{p_{xy}}}{S_{p_x}S_{p_y}}$

Donde: p_x es el fenotipo de la variable x ; p_y es el fenotipo de la variable y; por tanto: $r_{p_{xy}}$

Correlación fenotípica entre variable 1 y 2; $COV_{p_{xy}}$ Covarianza fenotípica entre las variables x e y; S_{p_x} desviación estándar fenotípica de la variable x; S_{p_y} desviación estándar fenotípica de la variable y.

Correlación genética; $r_{g_{xy}} = \frac{COV_{g_{xy}}}{S_{g_x}S_{g_y}}$

Donde: Donde: p_x es el valor genético de la variable x ; p_y es el valor genético de la variable y; por tanto: $r_{g_{xy}}$ Correlación genética entre las variables x e y; $COV_{g_{xy}}$ Covarianza genética entre las variables x e y ; S_{g_x} desviación estándar genética de la variable x; S_{g_y} desviación estándar genética de la variable y.

Definiciones y Modelos estadísticos de longevidad para su evaluación y estimación de parámetros genéticos.

Se utilizan diferentes definiciones de longevidad en vacas lecheras y modelos estadísticos para evaluar genéticamente la longevidad. Una manera de definir la longevidad o supervivencia en vacas lecheras desde una perspectiva para mejoramiento genético sería como, la medida en tiempo desde un punto de partida definido en el tiempo (fecha de nacimiento, fecha de primer parto) hasta la ocurrencia de un evento determinado (salida del hato ya sea por venta o desecho) durante la vida del animal.

La longevidad puede dividirse en longevidad real, donde no se consideran las razones por las cuales los animales abandonan el rebaño y cuando se ajusta a los niveles de producción u otras características que pueden influir en el desecho de los animales, da una aproximación de la longevidad funcional. Por lo tanto, la longevidad funcional se refiere en mayor medida a la capacidad de un animal para retrasar el desecho involuntario, es decir, la capacidad de la vaca para evitar el desecho por razones distintas a su producción de leche. Esto indica la fertilidad, el estado físico general de un individuo y la salud, pues se asocia mejor con la incidencia de enfermedades, ya que los productores son más propensos a eliminar las vacas enfermas de su hato en comparación con vacas libres de enfermedad (Rogers, 2002, Imbayarwo-Chikosi *et al.*, 2015).

En estudios relativamente antiguos se encontraron heredabilidades altas para esta característica, pero esto puede atribuirse al uso de rebaños únicos con números pequeños de individuos y las causas de desecho entre las distintas poblaciones eran diferentes (Miglior *et al.*, 2017). Por ello se considera que la longevidad presenta una heredabilidad de baja a media, con valores que van de 0.01 a 0.30 (Hu *et al.*, 2021), pero es suficiente para lograr una mejora genética relevante, y de gran interés en el sector pecuario, dado que es una característica que tiene una influencia directa importante a nivel económico y funge también como indicador indirecto de fertilidad y salud (Miglior *et al.*, 2017).

Las razones para el desecho voluntario aunque estén ligadas a la producción pueden cambiar con el tiempo, por lo que la elección del periodo de tiempo para la inclusión de datos puede ser más importante para evaluaciones de longevidad que para otros rasgos (Forabosco *et al.*, 2009).

Existen dos enfoques para mejorar genéticamente la longevidad, el primero es seleccionar directamente la longevidad, y el segundo indirectamente, como ya se mencionó anteriormente, mediante la selección de otras características correlacionadas genéticamente con la longevidad como criterios de selección. Para este último enfoque es importante utilizar rasgos que sean fáciles de medir y que se puedan obtener en forma temprana en la vida de las vacas, con la finalidad de evaluar si las características son útiles para la selección de la longevidad, para después calcular las heredabilidades y correlaciones genéticas de estos rasgos (Hu *et al.*, 2021). La selección directa para la longevidad mejora la salud y el estado físico e incluso puede incrementar la producción de leche, por tanto, se considera que el mejoramiento genético de la longevidad tiene beneficios tanto desde el punto de vista económico como de bienestar animal (Musingi *et al.*, 2018; Hu *et al.*, 2021).

Para poder obtener un registro directo de la longevidad real las vacas deberían haber llegado al final de su vida productiva, lo que significa que para entonces la vaca ya no está disponible para ser usada como reproductora y el intervalo de generación aumentaría demasiado, por lo tanto, sería imposible usar estas mediciones para tomar decisiones de selección en la práctica (Miglior *et al.*, 2017). De este modo se deben usar en la práctica medidas más tempranas basadas en la existencia de correlaciones genéticas con la vida productiva que se defina como el objetivo de selección (VanRaden and Klaaskate, 1993; Essl, 1998; Musingi *et al.*, 2021). En países como Noruega se utiliza como criterio de selección la suma del número de días productivos acumulados hasta el final de la tercera lactancia (INTERBULL, 2019a), una medida similar se usa en los otros países escandinavos considerando las primeras cinco lactancias (INTERBULL, 2010). Por otro lado, Estados Unidos utiliza el tiempo en ordeño antes del desecho voluntario o involuntario de manera acumulativa, aportando 80, 10 y 10.2

meses para la primera , la segunda y la tercer lactancia consecutivas, respectivamente, es decir, si una vaca termina la primer lactancia aporta alrededor de 2440 días (80 meses), al término de la segunda lactancia se aportaran 305 días (10 meses) y de la tercera en adelante la aportación es de 311 días (10.2 meses) (INTERBULL, 2019b).

Es muy importante estimar parámetros genéticos de longevidad para lactancias avanzadas y vida de hato real para hacer la estimación de los valores genéticos de las vacas y toros, además de conocer las mejores estrategias de medición de la longevidad, existen muy pocos estudios en los cuales esta información está disponible. De este modo, el presente trabajo tiene como objetivo estimar parámetros genéticos para la longevidad en una población de vacas lecheras raza Holstein de Chile, considerando diversas medidas de vida productiva real desde la primera a la décima lactancia y la vida real de hato, al incorporar información completa y no censurada de 10 lactancias, no solamente es original para la población estudiada, sino también para la población Holstein a nivel global.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para este estudio se empleó la información obtenida por la Cooperativa de Servicios Agrícolas (COOPRINSEM) de Chile, existen dos principales regiones, la región de Los Lagos y la región de Los Ríos, juntas sumaban el 85.7 % del total de bovinos lecheros del país en el año 2019 (INE, 2019b). El clima en ambas regiones es similar, comprende el templado frío lluvioso, sin estación seca, templado cálido con lluvias invernales y hacia la cordillera de los Andes tundra, con precipitaciones pluviales desde 125 mm hasta 3300 mm y temperaturas de 9°C a 20°C en promedio (Di Castri and Hajek, 1976; ODEPA *et al.*, 2019). Se contaban con registro de 805 hatos lecheros que están en control de producción por parte de COOPRINSEM, dichos hatos están formados por bovinos de distintas razas; Holstein, Jersey y diversas cruzas. Para este estudio se utilizaron 242,751 registros pertenecientes a vacas lecheras de la raza Holstein con oportunidad de expresar todas las características estudiadas, con primeros partos ocurridos entre los años 1998 y 2012. Se eliminaron registros sin fecha de nacimiento y edad al primer parto. Además de datos con errores obvios en las diferencias entre partos consecutivos o acumulados que presentarán como valor mínimo 293 días y como máximo 730 días entre dos partos consecutivos, así como múltiplos de estos límites para datos acumulados. También se excluyeron animales sin padre identificado. En el pedigrí se eliminaron animales aislados no relacionados y con más de 5 generaciones atrás de los datos fenotípicos.

Características de longevidad usadas en este estudio.

Se utilizaron varios registros por vaca que corresponden a los días de lactación acumulados (DL) definido como la duración acumulada en días de cada lactancia (DL1 a DL10) y hasta el momento de la eliminación (longevidades productivas reales acumuladas) por vaca, con una aportación máxima de 305 días por lactancia, similar al método usado en Noruega y en otros países escandinavos (INTERBULL, 2010, 2019a).

Es decir, la longevidad para la primera lactancia (DL1) de cada vaca son los días acumulados de la primera lactancia con un máximo de 305 días, para la segunda lactancia (DL2) son los días acumulados hasta la segunda lactancia con un máximo de 610 días, para la tercera lactancia (DL3) son los días acumulados hasta la tercera lactancia con un máximo de 915 días, para la cuarta lactancia (DL4) son los días acumulados hasta la cuarta lactancia con un máximo de 1220 días, para la quinta lactancia (DL5) son los días acumulados hasta la quinta lactancia con un máximo de 1525 días, para la sexta lactancia (DL6) son los días acumulados hasta la sexta lactancia con un máximo de 1830 días, para la séptima lactancia (DL7) son los días acumulados hasta la séptima lactancia con un máximo de 2135 días, para la octava lactancia (DL8) son los días acumulados hasta la octava lactancia con un máximo de 2440 días, para la novena lactancia (DL9) son los días acumulados hasta la novena lactancia con un máximo de 2745 días y un máximo de diez lactancias (DL10) que es los días acumulados hasta la décima lactancia con un máximo de 3050 días. Adicionalmente se obtuvo la vida de hato real (VHR) que es la diferencia entre la fecha de primer parto y la fecha de desecho.

Modelo estadístico de análisis

Para la estimación de los parámetros genéticos de las distintas variables de longevidad (DL1 a DL10 y VHR) se utilizaron modelos lineales mixtos animales, que consideran las relaciones genéticas entre los individuos en el pedigrí a partir de la genealogía. La principal ventaja de este tipo de modelos es su capacidad para ejecutar análisis univariados, bivariados y multivariados, un número considerable de países utilizan estos modelos para la evaluación genética de la longevidad, lo que incluye el proceso de estimación de los parámetros genéticos (Tempelman, 1998).

Primero se llevaron a cabo análisis univariados de todas las lactancias acumuladas; DL1, DL2, DL3, DL4, DL5, DL6, DL7, DL8, DL9, DL10 y la vida de hato real VHR, usando el modelo siguiente:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Zu} + \mathbf{e}$$

Donde: \mathbf{y} = vector de observaciones, \mathbf{X} = matriz de efectos fijos; año-rebaño y mes-rebaño ambos del primer parto, \mathbf{Z} = matriz de efectos aleatorios; animal, \mathbf{e} = vector del error.

Al terminar y usando los resultados obtenidos de los análisis univariados como valores iniciales, se realizaron análisis bivariados; DL1 con DL2 a VHR y así con las demás variables. El modelo utilizado se describe a continuación:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b}_1 \\ \mathbf{b}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{u}_1 \\ \mathbf{u}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix}$$

Siendo igual que el modelo anterior con excepción de que en este caso se trata de análisis bivariado y los subíndices distinguen cada par de variables. Para la obtención de las estimaciones de los parámetros genéticos, tanto de los modelos univariados como de los

bivariados descritos con anterioridad, se utilizó el método de máxima verosimilitud restringida (REML), el cual es un modelo ampliamente utilizado para la estimación de los componentes de varianza en modelos lineales mixtos, ya que las estimaciones obtenidas generalmente son menos sesgadas que las obtenidas por ML (maximum likelihood) (Tempelman, 1998). Los análisis se ejecutaron utilizando el software AsReml versión 4.2. que usa el algoritmo de matriz promedio de información (AIREML) (Butler *et al.*, 2023).

RESULTADOS

Estadísticos descriptivos

Inicialmente se estimaron las medias, desviaciones estándar y coeficientes de variación de cada característica, los cuales se muestran en el Tabla 1. Se puede observar que la n para cada característica corresponde al número de observaciones y en el caso de los días de lactancia 1 es igual al número total de registros utilizados en el presente trabajo, lo que indica que es una característica presente en todos los individuos, la n más baja corresponde a VHR que representa un 47.6% con respecto al total de registros. En realidad, la pequeña variación de los valores de las n entre los Días de lactancia 1 hasta Días de lactancia 10 se deben a que todas las vacas tuvieron la oportunidad de expresar DL10 y que los registros DL1 a DL10 son acumulados, los datos faltantes son causados por la eliminación de algunos registros de vacas con datos inconsistentes. En el caso de VHR la variación se debe a la ausencia de alguna de las dos fechas para su cálculo.

Tabla 1. Estadística descriptiva de características de longevidad en vacas Holstein.

| Característica | n | Media² | CV² | DE² |
|-----------------------|----------|--------------------------|-----------------------|-----------------------|
| DL1 | 242751 | 288 | 18.3 | 53 |
| DL2 | 231159 | 514 | 31.6 | 162 |
| DL3 | 220616 | 688 | 41.0 | 282 |
| DL4 | 214912 | 805 | 49.2 | 397 |
| DL5 | 211420 | 878 | 55.8 | 490 |
| DL6 | 209312 | 918 | 60.6 | 556 |
| DL7 | 208035 | 937 | 63.9 | 598 |
| DL8 | 207275 | 945 | 65.7 | 621 |
| DL9 | 206747 | 946 | 66.6 | 630 |
| DL10 | 206332 | 944 | 66.8 | 631 |
| VHR | 115668 | 1161 | 73.0 | 848 |

DL1 Días de lactancia 1; DL2 Días de lactancia 2; DL3 Días de lactancia 3; DL4 Días de lactancia 4; DL5 Días de lactancia 5; DL6 Días de lactancia 6; DL7 Días de lactancia 7; DL8 Días de lactancia 8; DL9 Días de lactancia 9; DL10 Días de lactancia 10; VHR Días acumulados Vida de Hato real.

²Valores estimados de los parámetros para cada característica.

Heredabilidades.

En la Tabla 2 se resumen los componentes de varianza y las heredabilidades estimados para cada característica obtenidos de los modelos univariados.

Tabla 2. Varianza aditiva, varianza del residuo, varianza fenotípica y heredabilidades obtenidas a partir de análisis univariados para vacas Holstein.

| Variable | Va | Ve | Vp | h ² |
|----------|--------------|---------------|---------------|----------------|
| DL1 | 21 ± 4 | 2405 ± 8 | 2426 ± 7 | 0.009 ± 0.0015 |
| DL2 | 500 ± 54 | 22415 ± 81 | 22916 ± 70 | 0.022 ± 0.0024 |
| DL3 | 2328 ± 211 | 67447 ± 267 | 69774 ± 219 | 0.033 ± 0.0030 |
| DL4 | 6236 ± 492 | 129354 ± 59 | 135590 ± 436 | 0.046 ± 0.0036 |
| DL5 | 11281 ± 819 | 192579 ± 879 | 203860 ± 666 | 0.055 ± 0.0040 |
| DL6 | 17275 ± 1151 | 244290 ± 1177 | 261570 ± 867 | 0.066 ± 0.0043 |
| DL7 | 21962 ± 1393 | 280141 ± 1390 | 302100 ± 1011 | 0.073 ± 0.0045 |
| DL8 | 24702 ± 1530 | 300747 ± 1512 | 325450 ± 1094 | 0.076 ± 0.0046 |
| DL9 | 25981 ± 1596 | 309746 ± 1569 | 335730 ± 1131 | 0.077 ± 0.0047 |
| DL10 | 26457 ± 1612 | 310969 ± 1581 | 337430 ± 1139 | 0.078 ± 0.0047 |
| VHR | 21967 ± 2519 | 549264 ± 3152 | 571230 ± 2517 | 0.039 ± 0.0044 |

Horizontal: Va: Varianza aditiva; Ve: Varianza residual; Vp: Varianza fenotípica; h²: heredabilidad. Vertical: DL1 Días de lactancia 1; DL2 Días de lactancia 2; DL3 Días de lactancia 3; DL4 Días de lactancia 4; DL5 Días de lactancia 5; DL6 Días de lactancia 6; DL7 Días de lactancia 7; DL8 Días de lactancia 8; DL9 Días de lactancia 9; DL10 Días de lactancia 10; VHR Días acumulados Vida de Hato real

Las heredabilidades obtenidas en el presente trabajo con los modelos bivariados se muestran en la diagonal de la Tabla 3, debido a que se obtuvieron varias estimaciones repetidas para cada heredabilidad, resultantes de los análisis univariados y bivariados, se sacaron promedios de cada una. Para la vida de hato real (VHR) se obtuvo una heredabilidad de 0.0537 ± 0.0030 y para las diez lactancias estudiadas se obtuvieron valores desde 0.0117 ± 0.0016 (DL1) hasta 0.0807 ± 0.0306 (DL10), cabe destacar que, conforme avanzan las lactancias de la 1 a la 6, aumenta el valor de heredabilidad en promedio 0.01, siendo de 0.0672 ± 0.0041 para DL6 y a partir de la 7ma lactancia en adelante los aumentos son menores, teniendo como máximo

valor el de DL10 con 0.0870 ± 0.0306 . Destaca la gran similitud entre los valores de heredabilidad obtenida mediante el análisis bivariado de la lactancia 5 y VHR, los cuales son 0.0577 ± 0.0033 y 0.0537 ± 0.0030 . por otra parte, si comparamos las heredabilidades de los análisis bivariados con las obtenidas en los análisis univariados se observa que son muy similares con excepción de DL1 (0.009 ± 0.001) y VHR (0.039 ± 0.004) que fueron ligeramente más bajas.

Correlaciones genéticas.

En total se obtuvieron 55 correlaciones genéticas, de las cuales la gran mayoría (83%) son mayores a 0.90 y positivas, es importante resaltar que la correlación genética entre VHR y DL3 es de 0.9497, y entre VHR y DL5 es de 0.9867 a partir de ahí hasta DL10 aumentan en menor medida, lo cual nos deja ver la utilidad práctica de utilizar DL3 y DL5 como criterios de selección. Por otro lado, también las correlaciones genéticas entre DL3 con DL2 y DL1 son también altas 0.9897 y 0.9185 respectivamente, todo esto es de gran importancia y utilidad para la selección temprana de la longevidad. Las correlaciones genéticas son positivas y van desde 0.7608 ± 0.0546 entre DL1 y VHR hasta 1.0 ± 0.0000 entre DL9 y DL10 (tabla 3), esto es debido a que conforme aumenta el número de lactancia se acumulan las lactancias pasadas lo cual aumenta la información que se tiene de cada vaca. En caso de que se consideren dos lactancias cercanas la relación de asociación es fuerte, visto de otra manera, conforme avanzamos en las lactancias nos vamos acercando al valor de la longevidad real (VHR), y si retrocedemos en las lactancias (DL1) solo se está usando la información de la lactancia uno contra la de la vida total de hato y por ende la asociación no es tan fuerte. Adicionalmente, no existen grandes diferencias en cuanto a desecho de vacas

posterior a la lactancia 6 lo cual hace los valores de DL6 a DL10 muy parecidos estadísticamente.

Correlaciones fenotípicas.

Las correlaciones fenotípicas van de 0.35 a 0.99 entre DL1 con VHR y DL9 con DL10 respectivamente, a partir de las distintas combinaciones después de DL5 con las consiguientes características (DL6, DL7, DL8, DL9, DL10 y VHR) y entre ellas, son mayores a 0.90 siendo las más altas entre pares cercanos en orden consecutivo (tabla 3). Es importante destacar que al haberse utilizado solo vacas con la oportunidad de completar 10 lactancias no se tienen datos censurados lo que implica estimaciones libres de sesgos y por lo tanto estimados incrementa la confiabilidad de estos resultados.

Tabla 3. Estimaciones de heredabilidades y correlaciones genéticas y fenotípicas obtenidas a partir de análisis bivariados para vacas Holstein.

| Rp\Rg | DL1 | DL2 | DL3 | DL4 | DL5 | DL6 | DL7 | DL8 | DL9 | DL10 | VHR |
|-------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|--------|
| DL1 | 0.0117 | 0.9478 | 0.9185 | 0.8979 | 0.8658 | 0.8487 | 0.8397 | 0.8283 | 0.8196 | 0.8171 | 0.7608 |
| DL2 | 0.7316 | 0.0257 | 0.9897 | 0.9762 | 0.9593 | 0.9444 | 0.9340 | 0.9275 | 0.9225 | 0.9212 | 0.8946 |
| DL3 | 0.5960 | 0.9192 | 0.0371 | 0.9964 | 0.9884 | 0.9783 | 0.9693 | 0.9630 | 0.9590 | 0.9585 | 0.9497 |
| DL4 | 0.5101 | 0.8292 | 0.9600 | 0.0485 | 0.9979 | 0.9930 | 0.9878 | 0.9836 | 0.9808 | 0.9800 | 0.9750 |
| DL5 | 0.4554 | 0.7595 | 0.9044 | 0.9768 | 0.0577 | 0.9987 | 0.9959 | 0.9932 | 0.9914 | 0.9908 | 0.9867 |
| DL6 | 0.4212 | 0.7112 | 0.8585 | 0.9428 | 0.9865 | 0.0672 | 0.9992 | 0.9978 | 0.9967 | 0.9962 | 0.9915 |
| DL7 | 0.4003 | 0.6801 | 0.8264 | 0.9148 | 0.9666 | 0.9925 | 0.0750 | 0.9997 | 0.9993 | 0.9990 | 0.9927 |
| DL8 | 0.3889 | 0.6627 | 0.8075 | 0.8968 | 0.9515 | 0.9821 | 0.9962 | 0.0793 | 0.9999 | 0.9998 | 0.9930 |
| DL9 | 0.3838 | 0.6545 | 0.7984 | 0.8877 | 0.9432 | 0.9752 | 0.9916 | 0.9984 | 0.0786 | 1.0000 | 0.9930 |
| DL10 | 0.3824 | 0.6523 | 0.7959 | 0.8851 | 0.9405 | 0.9726 | 0.9893 | 0.9967 | 0.9994 | 0.0807 | 0.9930 |
| VHR | 0.3555 | 0.6374 | 0.7790 | 0.8668 | 0.9202 | 0.9508 | 0.9658 | 0.9718 | 0.9733 | 0.9733 | 0.0537 |

Heredabilidades en la diagonal: Promedio de las estimaciones obtenidas de los distintos modelos; Correlaciones genéticas por encima de la diagonal; Correlaciones fenotípicas por debajo de la diagonal; DL1 Días de lactancia 1; DL2 Días de lactancia 2; DL3 Días de lactancia 3; DL4 Días de lactancia 4; DL5 Días de lactancia 5; DL6 Días de lactancia 6; DL7 Días de lactancia 7; DL8 Días de lactancia 8; DL9 Días de lactancia 9; DL10 Días de lactancia 10; VHR Días acumulados Vida de Hato real.

DISCUSIÓN

No existen en nuestro conocimiento trabajos que integren tantas medidas acumuladas de longevidad para tantas lactancias (una por cada lactancia; DL1 a DL10) y la longevidad real de hato VHR, en el caso de Zhang *et al.* (2021) usaron 8 rasgos de longevidad, 5 para las primeras lactancias acumuladas y tres que reflejan la vida útil completa (Zhang *et al.*, 2021). La gran cantidad de información que se analizó en el presente trabajo ha permitido realizar comparaciones de las distintas medidas de longevidad a lo largo de la vida de las vacas lecheras, asimismo observar el comportamiento más detallado de las variables.

El número promedio de lactancias por vaca en este estudio fue de 3.1 lo cual es bajo si lo comparamos con el obtenido en vacas nórdicas de 3.9 (Ferris *et al.*, 2014; Hu *et al.*, 2021; Owusu-Sekyere *et al.*, 2023). Zavadilová & Štípková en vacas Holstein obtuvieron un valor de 2.1 lactancias, siendo éste más bajo (Zavadilová and Štípková, 2012), mientras que Zhang *et al.* en vacas Holstein chinas presentaron un valor más parecido con el del presente trabajo (3.1 lactancias) con 2.7 lactancias (Zhang *et al.*, 2021).

Estudios muestran que la raza Roja Noruega (RN) contra la Holstein Friesian (HF) tienen una mayor capacidad de supervivencia con 3.9 lactancias para las RN y 1.9 a 2.7 lactancias para HF, resultado de los índices de selección para la longevidad utilizados en Noruega (Ferris *et al.*, 2014; Zhang *et al.*, 2021).

Los valores de heredabilidad estimados en este trabajo para longevidad acumulada aumentaron desde la primera lactancia (0.0117) hasta la 6ta (0.0672), posteriormente permanecen relativamente sin cambios. Estos valores son similares a los obtenidos en otros trabajos, si bien existen distintas definiciones de longevidad, por ejemplo, Clasen *et al.* en Dinamarca y Hailiang *et al.* en China utilizaron 5 lactancias acumuladas obteniendo valores

que están en el rango de 0.02 a 0.09 (Clasen *et al.*, 2017; Zhang *et al.*, 2021) ambos en vacas Holstein; por su parte, Madgwlc *et al.* en Australia con vacas Holstein y Jersey y Settar *et al.* en Israel con vacas Holstein reportaron para el mismo periodo heredabilidades de 0.02 a 0.08 y 0.11 a 0.14, respectivamente (Madgwick and Goddard, 1989; Settar and Weller, 1999), con la diferencia de que en todos los estudios antes mencionados se utilizaron menos de la mitad del número de vacas usadas en el presente trabajo.

En países nórdicos como Dinamarca, Suecia y Finlandia se han reportado valores de heredabilidad para la longevidad acumulada de la primera a la quinta lactancia de 0.03 a 0.07 en vacas Holstein (NAV, 2020), dichas lactancias acumulan un máximo de 365 días por lactancia (INTERBULL, 2010), para el mismo rango (DL1 a DL5) se estimaron en este trabajo valores de heredabilidad de 0.011 a 0.056. Mientras que, para Noruega se presentaron heredabilidades de 0.04 a 0.09 para 3 lactancias acumuladas con un máximo de 305 días por lactancia para vacas Rojas Noruegas (INTERBULL, 2019a), aunque en el presente trabajo se utilizó el mismo esquema se obtuvieron valores de heredabilidad más bajos 0.011 a 0.03 para las mismas lactancias (DL1 a DL3). Actualmente las evaluaciones genéticas en Chile se realizan usando la DL3 (Chuma-Alvarez *et al.*, 2022), con un modelo multivariado que incluye, DL1, DL2 y DL3.

La heredabilidad estimada de VHR (0.0537 ± 0.0030), valor que está dentro del rango de lo estimado en otros estudios (0.01 a 0.19) (Imbayarwo-Chikosi *et al.*, 2015). Dicho valor estimado de VHR (0.0537) es alto o se encuentra cerca del límite superior de los rangos en comparación con la mayoría de los estudios, como por ejemplo la recopilación echa por Musingi *et al.* en 2018 (0.03 a 0.05) (Musingi *et al.*, 2018), lo obtenido en vacas Holstein por

Elisandra *et al.* en 2015 (0.06) (Kern *et al.*, 2015) y Zavadilová *et al.* en 2012 (0.03) para la duración de la vida productiva de vacas Holstein (Zavadilová and Štípková, 2012), aunque la gran mayoría fueron obtenidos con una menor cantidad de observaciones en comparación a los usados en este trabajo. En 2015, Honghong Hu *et al.* (2021) en vacas Holstein presenta estimaciones de heredabilidad en un rango de 0.018 a 0.13 para la vida de rebaño (Hu *et al.*, 2021). Mientras que Imbayarwo-Chikosi *et al.* por su parte también realizaron revisión de literatura y encontraron en trabajos publicados entre 1997 y 2014 valores de entre 0.01 a 0.19 (Imbayarwo-Chikosi *et al.*, 2015). En comparativa con estos dos últimos Honghong Hu *et al.* y Imbayarwo-Chikosi *et al.* el valor de VHR que se obtuvo en este trabajo (0.0537) está en un punto medio.

Particularmente se debe resaltar la similitud que existe entre la heredabilidad de VHR, la de DL5 y lo reportado tanto por Dinamarca Finlandia y Suecia (0.06) como por Zhang y colaboradores quienes obtuvieron para la quinta lactancia acumulada un valor de heredabilidad de 0.053 ± 0.006 (INTERBULL, 2010; Zhang *et al.*, 2021).

Los altos valores obtenidos en las correlaciones genéticas en VHR con DL3 (0.9497) y VHR con DL5 (0.9867) explican el éxito de la selección genética para la longevidad en países nórdicos y existen estudios que demuestran la superioridad en características de longevidad directa e indirecta de las vacas noruegas rojas (Ferris *et al.*, 2014), todo esto gracias a la incorporación de dichas características a sus programas de mejoramiento (NAV, 2020). Zhang y colaboradores obtuvieron también altas correlaciones genéticas entre los rasgos que reflejan vida útil completa y los rasgos de vida productiva parcial, pero el más destacable es entre la quinta lactancia acumulada y la vida productiva que fue de 0.963 ± 0.007 muy similar

la obtenida entre VHR y DL3 (0.9497); pero menor a la equivalente que sería entre VHR y DL5 (0.9867) (Zhang *et al.*, 2021).

Como siguiente paso, se podría realizar estimación de estos mismos parámetros, utilizando un análisis multivariado con todas las características, para incluir la mayor parte o la totalidad de las variables en un mismo modelo, lo cual puede llevar a estimados con mínimo sesgo. Sin embargo, se debe de considerar que ese enfoque puede llevar a problemas de convergencia típicos de matrices que involucran correlaciones muy cercanas a 1 entre muchos pares de variables, ocasionando que la matriz no sea positiva definida (Butler *et al.*, 2023).

CONCLUSIONES

Derivado de este trabajo se obtuvieron estimaciones de heredabilidades para las 10 lactancias acumuladas y para la vida de hato real que concuerdan en general con los resultados de otros estudios con definiciones de longevidad y métodos comparables.

Para las diez lactancias estudiadas se obtuvieron valores de heredabilidad de 0.0117 hasta 0.0807, de la lactancia 1 a la 6 los aumentos en el valor de heredabilidad en promedio son de 0.01 y a partir de la lactancia 7 continuaron aumentando, pero en menor medida teniendo como máximo 0.0870.

Es importante destacar que, dentro de las heredabilidades obtenidas en este trabajo las dos más parecidas son, la lactancia acumulada 5 y la vida de hato real (0.05), además existe una alta correlación genética (0.98) entre las mismas.

Las correlaciones genéticas entre la tercera lactancia y la quinta lactancia con la vida de hato real también son altas (0.94 y 0.98), por lo que, si seleccionamos para las primeras dos características lo esperable es tener una buena respuesta a la selección para la vida de hato real y las lactancias subsecuentes.

Es importante destacar que a partir de la lactancia acumulada 6 hasta la 10 las correlaciones genéticas son muy altas (0.99) y no existen datos provenientes de otros estudios además de la importancia de la utilización de un número grande de datos y de que las vacas utilizadas tuvieron la oportunidad de completar todas las lactancias.

Los resultados de este trabajo reúnen información necesaria para decir que es factible la integración de algunos rasgos, principalmente DL3 y DL5 a los objetivos de selección como mediadas tempranas y prácticas de la longevidad en vacas lecheras Holstein.

Se confirma la conveniencia de usar datos de lactancias tempranas DL1 y DL2 como criterios tempranos de selección en la vaca Hostein de Chile.

REFERENCIAS

- Butler, D.G., B.R. Cullis, A.R. Gilmour, B.J. Gogel, and R. Thompson. 2023. ASReml-R Reference Manual Version 4.2 ASReml.
- Di Castri, F., and E.R. Hajek. 1976. BIOCLIMATOLOGIA DE CHILE. primera edición. Santiago, Chile.
- Chuma-Alvarez, J.L., H.H. Montaldo, D.A.L. Lourenco, F.J. Ruiz-López, and M.E. Olivares. 2022. Sensitivity Analysis for new Economic Selection Index for Chilean dairy cattle. Pages 1983–1986 in Proceedings of 12th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP). Rotterdam, The Netherlands.
- Clasen, J.B., E. Norberg, P. Madsen, J. Pedersen, and M. Kargo. 2017. Estimation of genetic parameters and heterosis for longevity in crossbred Danish dairy cattle. *J Dairy Sci* 100:6337–6342. doi:10.3168/jds.2017-12627.
- Cole, J.B., J.W. Dürr, and E.L. Nicolazzi. 2021. Invited review: The future of selection decisions and breeding programs: What are we breeding for, and who decides? *J Dairy Sci* 104:5111–5124. doi:10.3168/jds.2020-19777.
- Essl, * A. 1998. Longevity in dairy cattle breeding: a review. *Livestock Production Science - Elsevier* 57:79–89.
- Falconer, D.S., and T.F.C. Mackay. 2001. Introducción a La Genética Cuantitativa. 1er edición. Editorial Acribia, S.A., Zaragoza España.
- FAO, F. and A.O. of the U.N. 2021. MILK FACTS FAO. Accessed.
- Fernández, G., and B.-C. Farías Pérez. 2019. Descripción de la Cadena Láctea en Chile ODEPA.
- Ferris, C.P., D.C. Patterson, F.J. Gordon, S. Watson, and D.J. Kilpatrick. 2014. Calving traits, milk production, body condition, fertility, and survival of Holstein-Friesian and Norwegian Red dairy cattle on commercial dairy farms over 5 lactations. *J Dairy Sci* 97:5206–5218. doi:10.3168/jds.2013-7457.
- Forabosco, F., J.H. Jakobsen, and W.F. Fikse. 2009. International genetic evaluation for direct longevity in dairy bulls. *J Dairy Sci* 92:2338–2347. doi:10.3168/jds.2008-1214.
- González, F.M., and F.M. Bas. 2002. La Longevidad En Los Rebaños Lecheros Un Parámetro Que Afecta La Rentabilidad De Las Empresas Lecheras. *Agronomía y forestal*.
- Heumann, C., • Michael, and S. Shalabh. 2016. Introduction to Statistics and Data Analysis. Primera edición. Springer, Cham, Suiza.
- Hu, H., T. Mu, Y. Ma, X.P. Wang, and Y. Ma. 2021. Analysis of Longevity Traits in Holstein Cattle: A Review. *Front Genet* 12. doi:10.3389/fgene.2021.695543.
- Imbajarwo-Chikosi, V.E., K. Dzama, T.E. Halimani, J.B. Van Wyk, A. Maiwashe, and C.B. Banga. 2015. Genetic prediction models and heritability estimates for functional longevity in dairy cattle. *S Afr J Anim Sci* 45:105–121. doi:10.4314/sajas.v45i2.1.

- INE. 2019a. encuesta-de-ganado-bovino-2019 2. Santiago, Chile.
- INE, I.N. de E.C. 2019b. INE Instituto Nacional de Estadísticas Chile. Accessed August 4, 2024. <https://www.ine.gob.cl/>.
- INTERBULL. 2010. DESCRIPTION OF NATIONAL GENETIC EVALUATION SYSTEMS Denmark-Finland-Sweden (Holstein).
- INTERBULL. 2019a. DESCRIPTION OF NATIONAL GENETIC EVALUATION SYSTEMS Norway. Accessed. <https://interbull.org/ib/geforms>.
- INTERBULL. 2019b. DESCRIPTION OF NATIONAL GENETIC EVALUATION SYSTEMS United States of America.
- Kern, E.L., J.A. Cobuci, C.N. Costa, C.M. McManus, G.S. Campos, and T.P. Almeida. 2015. Genetic association between longevity and linear type traits of holstein cows. *Sci Agric* 72:203–209. doi:10.1590/0103-9016-2014-0007.
- Klug, W.S., M.R. Cummings, and C.A. Spencer. 2006. *Conceptos de Genética*. Octava Edición. M.M. Romo, ed. Pearson, Ciudad de México.
- Langford, F.M., and A.W. Stott. 2012. Culled early or culled late: Economic decisions and risks to welfare in dairy cows. *Animal Welfare* 21:41–55. doi:10.7120/096272812X13345905673647.
- López, I.T., C.C. González Gabriel Peralta C, O.B. Carlos Arancibia, F.C. Guillermo Iturrieta, E.M. Caterina Juri, J.M. Luis Delgado Octavio Oltra H, C. Lechero, C. Juri Massaro, H. Avilés Acevedo Comunicaciones Consorcio Lechero José Luis Delgado Morales Gerente Aproval, and C.P. Araneda. 2022. INDICADORES SECTOR LÁCTEO 2022.
- Madgwick, P.A., and M.E. Goddard. 1989. Genetic and Phenotypic Parameters of Longevity in Australian Dairy Cattle. *J Dairy Sci* 72:2624–2632. doi:10.3168/jds.S0022-0302(89)79403-0.
- Miglior, F., A. Fleming, F. Malchiodi, L.F. Brito, P. Martin, and C.F. Baes. 2017. A 100-Year Review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *J Dairy Sci* 100:10251–10271. doi:10.3168/jds.2017-12968.
- Musingi, B.M., L.M. Mahianyu, and E.D.M. Musingi. 2021. Evaluation of Models for Longevity in a Closed Nucleus Breeding Programme: A Case Study Kenyan Sahiwal. *Open J Anim Sci* 11:269–291. doi:10.4236/ojas.2021.112021.
- Musingi, B.M., T.K. Muasya, and A.K. Kahi. 2018. Genetic parameters for measures of longevity in Kenyan sahiwal cattle. *Livestock Research for Rural Development* 30:1–10.
- NAV. 2020. NAV routine genetic evaluation of Dairy Cattle-data and genetic models.
- ODEPA, O.D.E.Y.P.A., J. Ignacio Domínguez, M. Magdalena Vergara, R. Aguirre, D. Barrera, J. Montero, L. Cáceres, P. Eguillor, A. Espinoza, A. García, A. Reyes, G. Pino, M. José Pizarro, B. Tapia, D. Acuña, E. Laval, L. Yañez, M. Muñoz, G. Cartes, P. Contreras, A. Valdés, and M. Galán. 2019. PANORAMA DE LA AGRICULTURA CHILENA OFICINA DE ESTUDIOS Y POLÍTICAS AGRARIAS.

- Owusu-Sekyere, E., A.K. Nyman, M. Lindberg, B.A. Adamie, S. Agenäs, and H. Hansson. 2023. Dairy cow longevity: Impact of animal health and farmers' investment decisions. *J Dairy Sci* 106:3509–3524. doi:10.3168/jds.2022-22808.
- Rogers, G.W. 2002. Aspects of milk composition, productive life and type traits in relation to mastitis and other diseases in dairy cattle. Montpellier, France.
- Schuster, J.C., H.W. Barkema, A. De Vries, D.F. Kelton, and K. Orsel. 2020. Invited review: Academic and applied approach to evaluating longevity in dairy cows. *J Dairy Sci* 103:11008–11024. doi:10.3168/jds.2020-19043.
- Settar, P., and J.I. Weller. 1999. Genetic analysis of cow survival in the Israeli dairy cattle population. *J Dairy Sci* 82:2170–2177. doi:10.3168/jds.S0022-0302(99)75461-5.
- Spiegel, M.R., and L.J. Stephens. 2009. Estadística. Cuarta edición. R. Gómez Castillo, ed. McGRAW-HILL, CIUDAD DE MÉXICO.
- Tempelman, R.J. 1998. Generalized Linear Mixed Models in Dairy Cattle Breeding. *J Dairy Sci* 81:1428–1444. doi:10.3168/jds.S0022-0302(98)75707-8.
- Valencia Posadas, M., H.H. Montaldo Valdenegro, and F. de Jesús Ruíz López. 2008. Parámetros genéticos para características de conformación , habilidad de permanencia y producción de leche en ganado Holstein en México. *Revista Técnica Pecuaria en México* 46:235–248.
- VanRaden, P.M. 2004. Invited Review: Selection on Net Merit to Improve Lifetime Profit. *J Dairy Sci* 87:3125–3131. doi:10.3168/jds.s0022-0302(04)73447-5.
- VanRaden, P.M., and E.J.H. Klaaskate. 1993. Genetic Evaluation of Length of Productive Life Including Predicted Longevity of Live Cows. *J Dairy Sci* 76:2758–2764. doi:10.3168/jds.S0022-0302(93)77613-4.
- Zavadilová, L., and M. Štípková. 2012. Genetic correlations between longevity and conformation traits in the Czech Holstein population. *Czech J. Anim. Sci.* 57:125–136.
- Zhang, H., A. Liu, Y. Wang, H. Luo, X. Yan, X. Guo, X. Li, L. Liu, and G. Su. 2021. Genetic Parameters and Genome-Wide Association Studies of Eight Longevity Traits Representing Either Full or Partial Lifespan in Chinese Holsteins. *Front Genet* 12. doi:10.3389/fgene.2021.634986.