

97
24

UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MEXICO

FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA



GRADO DE PARENTESCO EN EL HATO BOVINO DEL C.I.E.E.G.T.

TESIS CON FALLA DE ORIGEN

T E S I S
QUE PARA OBTENER EL TITULO DE:
MEDICO VETERINARIO ZOOTECNISTA
P R E S E N T A :
LEONCIO GONZALEZ ZUÑIGA

ASESORES:
M.V.Z. MSC. REBECA ACOSTA RODRIGUEZ
M.V.Z. HUGO PEREZ RAMIREZ





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 está 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.

REFLEXIONA

Desde el primer día de nuestra vida hasta ayer, sólo representan lo que pasó y no regresará. De mañana en adelante sólo una promesa que no sabemos si llegará.

Pero ¡HOY!.... Hoy es el más importante en la vida, hoy es un día especial, nunca habrá otro igual, vívelo, realiza lo que más deseas con una actitud positiva. decidete y se entusiastamente feliz....

Recuerda que: La vida nos ofrece a todos por igual 24 horas diarias, pero no nos las ofrece gratis, nos pide a cambio un día de nuestra existencia.

CONTENIDO

	PAGINA
RESUMEN	1
INTRODUCCION	2
MATERIAL Y METODOS	6
RESULTADOS	11
DISCUSION	13
CONCLUSIONES	15
LITERATURA CITADA	16
ANEXOS	20

LISTA DE CUADROS

CUADRO		PAGINA
1	Población bovina existente desde 1978 a 1990	20
2	Cruzamientos hechos en las diferentes familias ..	21
3	Estimaciones del incremento de la consanguinidad de una generación a otra	22

LISTA DE FIGURAS

FIGURA		PAGINA
1	Número de toros utilizados por año (1978-1990) en el CIEEBT	23
2	Esquema de cruzamientos de los bovinos utilizados en el CIEEBT	24
3	Relaciones encontradas por familia en el hato bovino del CIEEBT	25
4	Muestra de las familias bovinas que más intersecciones tuvieron	26

RESUMEN

GONZALEZ ZURIBA LEONCIO; GRADO DE PARENTESCO EN EL HATO BOVINO DEL CENTRO DE INVESTIGACION, ENSEÑANZA Y EXTENSION EN GANADERIA TROPICAL (bajo la dirección de: M.V.Z. MSc. REBECA ACOSTA RODRIGUEZ y el M.V.Z. HUGO PEREZ RAMIREZ).

Se analizaron los árboles genealógicos del hato de bovinos del Centro de Investigación Enseñanza y Extensión en Ganadería Tropical en el Estado de Veracruz. Con el objetivo de estimar el grado de parentesco que existe en el hato bovino (F1, 3/4 y 5/8 Holstein x Cabú) del Centro desde 1978 a la fecha y simular el incremento de la consanguinidad en el hato asumiendo que se mantuviera cerrado por 3 generaciones. Se trabajó con un total de 2928 datos contenidos en 783 registros individuales. Se elaboraron esquemas de flechas por familia codificándose la información. Esta información fue analizada con el programa INBREED del sistema SAS para calcular la consanguinidad y el parentesco; utilizándose el método del tamaño efectivo de una población para estimar el incremento en el coeficiente de consanguinidad (ΔF_x). Se encontró que el índice de parentesco general del hato fue de 0.34%, encontrándose un índice de 0.41% en las hembras y de 0% en los machos. Del total de la población los machos representan el 5% y las hembras el 95%. No hubo efecto del tamaño del hato sobre la consanguinidad. En cuanto a la consanguinidad de machos y hembras, solo se detectó en las hembras de manera no significativa (0.07%). El incremento en la consanguinidad en las próximas generaciones dependerá del uso más planificado de los machos en el Centro.

INTRODUCCION

La producción nacional de alimentos de origen animal, particularmente de leche es insuficiente para satisfacer la creciente demanda, lo que da lugar a importaciones que cada vez cuestan más al país (18).

El trópico mexicano debido a su potencial de producción de forrajes, ofrece condiciones favorables para la explotación de ruminantes, pues pese a que la actividad predominante en el trópico es la explotación de ganado bovino productor de carne, existe un potencial considerable para la producción de leche (4,18). El potencial de producción láctea de las zonas tropicales mexicanas se pone de manifiesto al considerarse que ocupan el 25% del territorio nacional sustentando al 65% de las vacas que se ordeñan y contribuyen con el 36% de la producción nacional de leche. El sistema de producción denominado de doble propósito es el más importante por el número de animales que aglutina y el volumen de litros de leche que genera.

Los índices productivos de este tipo de ganadería son bajos, debido a la baja eficiencia animal ocasionada por diversos factores entre los que destacan principalmente, la baja calidad genética de la población bovina, el deficiente manejo y el efecto adverso del medio ambiente (15).

En la zona tropical se han encontrado serios obstáculos para la producción de leche, ya que no es redituable la utilización de grandes cantidades de alimentos concentrados y es obvio que sería

más económico producir leche a partir de praderas. Para utilizarlas óptimamente se requiere de un animal lechero capaz de vivir en armonía con el clima tropical y con capacidad de pastorear y transformar los forrajes en leche.

Los cruzamientos entre diferentes razas como las cebuínas y las europeas, presentan marcadas ventajas económicas para lograr la meta de aumentar la producción lechera en el trópico, buscando la combinación de cualidades de ambas razas para obtener animales que posean ventajas como son una mayor fertilidad, bajas tasas de mortalidad de becerros y una mejor calidad genética para producir leche (2,12,19).

La formación de familias o árboles genealógicos en un hato tiene importancia genética y repercute económicamente en el futuro de la explotación. El interés radica en poder establecer los progenitores que tienen o han tenido mayor influencia en su prole para poder valorarlos como pie de cría (1,20).

Los sistemas de reproducción permiten definir la forma en que los animales se aparean entre sí de acuerdo a sus relaciones de parentesco (15). Si hablamos de endocria nos referimos a consanguinidad como sistema de reproducción y consiste en el apareamiento de animales más cercanamente emparentados que el promedio de los animales en la población de la cual provienen. Para evaluar el grado de consanguinidad es necesario estimar la disminución probable de genes heterocigóticos con respecto a alguna generación, la cual se obtiene con el cálculo del coeficiente de consanguinidad (F_x). Este se define como la probabilidad de que dos alelos en cualquier locus en un individuo

sean idénticos por descendencia, es decir que estos alelos sean copias o réplicas de los de un ancestro común en el árbol genealógico o pedigrí (7,14,17,19,21).

Así mismo se define el coeficiente de parentesco como una medida de la probabilidad de que dos individuos posean más genes en común que la población que les sirve de base. El coeficiente de parentesco permite determinar si un individuo "X" es portador de un material genético deseable el cual es común a otro individuo "Y" en el pedigrí (14,17,25).

Los trabajos desarrollados en consanguinidad y parentesco mencionados por algunos autores (13) señalan que su efecto sobre la producción de leche y de grasa es de -23.8 y -1.2 kg respectivamente de acuerdo al porcentaje de consanguinidad encontrado. Por cada 1% de incremento en el coeficiente de consanguinidad el porcentaje de grasa en la leche aumenta en un 0.002%, se aumenta el número de servicios en un 0.17% y se reduce la concepción en un 3.3%. En conclusión estos estudios indican que la consanguinidad es detrimental para la producción y reproducción en ganado Guernsey productor de leche. Thompson y Freeman (23) mencionan que hay una disminución en la grasa de la leche y en la producción de la misma de -0.78 y -23 kg respectivamente, por cada unidad en que se incrementa el coeficiente de consanguinidad. Este estudio se hizo en ganado Holstein, Friesian. Krenziel et al. (14) encontraron una disminución del 4% y 10% de la fertilidad por cada 10% de incremento del coeficiente de consanguinidad en ganado Angus y Shorthorn.

Los objetivos del proyecto fueron estimar el grado de parentesco que existe en el hato bovino (F1,3/4,5/8 Holstein x Cebú) del Centro de Investigación, Enseñanza y Extensión en Ganadería Tropical de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Nacional Autónoma de México desde 1978 a la fecha y simular el incremento de consanguinidad en el hato asumiendo que se mantuviera cerrado por 3 generaciones. La hipótesis propuesta fué que existe cierto grado de parentesco entre los animales que forman el hato bovino del centro.

MATERIAL Y METODOS

Ubicación

El trabajo se llevó a cabo en el Centro de Investigación, Enseñanza y Extensión en Ganadería Tropical (C.I.E.E.G.T.) de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Nacional Autónoma de México, ubicado en el km 5.5 de la carretera federal Martínez de la Torre-Tlapacoyan, Veracruz. A 20°4' N, 97° 3', a 151 m.s.n.m., con temperatura media anual de 23.4°C y precipitación pluvial media de 1980 mm, su clima corresponde al tipo Af(m)(w)(e), cálido húmedo con lluvias todo el año, con un agroecosistema de bosque subtropical siempreverde (4,6).

Materiales

Se utilizaron los registros individuales de los animales F₁, 3/4 y 5/8 Holstein x Cebú de la Sección de Genética del C.I.E.E.G.T., de 1978 a la fecha. Los registros cuentan con la información básica para el presente trabajo, como son el número del individuo, el sexo, nombre y/o número de los padres. Además cuentan con información referente a otros eventos como son: fecha de baja por muerte o venta, la producción de leche mensual y por lactancia, así como el control de nacimientos de cada vaca (Apéndice 1). En total fueron procesados 2928 datos que equivalen a 783 registros.

El número de machos que han sido utilizados desde 1978 se muestra en la Figura 1. En un principio el rancho sólo trabajó con machos Holstein y hembras Indobrasil para obtener animales F₁ y proseguir con el esquema de cruzamiento del Centro (Figura 2).

Para esto se utilizó la Inseminación Artificial. De los animales F1 que nacían, las hembras se quedaban y de los machos fueron seleccionados sólo algunos. En estas hembras F1 se volvió a utilizar semen de toros Holstein para obtener animales 3/4. Es importante mencionar que el semen es comprado a empresas comerciales. Posteriormente a las hembras 3/4 se les cruzó con los machos F1 que se habían seleccionado anteriormente para obtener animales 5/8 y a partir de ahí realizar cruzamientos interés entre los 5/8 para producir sólo animales 5/8 Holstein x Cebú.

Análisis estadístico

El método que se siguió para calcular los coeficientes de parentesco y consanguinidad fué utilizando la fórmula ideada por Wright (Lasley, 17) la cual considera la probabilidad de que los gametos del padre y de la madre lleven los mismos genes (14,17,25).

La secuencia para este cálculo es la siguiente (Anexo I):

- 1.- Se forman los árboles genealógicos por vía paterna y materna.
- 2.- Se elaboran diagramas de flechas.
- 3.- Se efectúa el cálculo del coeficiente de parentesco mediante la siguiente fórmula.

$$R_{xy} = \frac{\sum [(1/2)^n (1+F_a)]}{\sqrt{(1+F_x) (1+F_y)}}$$

Donde:

R_{xy} = Coeficiente de parentesco de animales X e Y.

\sum = Sumatoria de todos los pasos.

n = Número de flechas que conectan al individuo X con el individuo Y por el antepasado común para cada camino.

F_x = Coeficiente de consanguinidad del animal X.

F_y = Coeficiente de consanguinidad del animal Y.

F_a = Coeficiente de consanguinidad del antepasado común.

Si los individuos X, Y y su antepasado común no son consanguíneos la fórmula queda así:

$$R_{xy} = \sum \left[\left(\frac{1}{2} \right)^n \right]$$

4.- Se calcula el coeficiente de consanguinidad con la siguiente fórmula:

$$F_x = \frac{1}{2} \sum \left[\left(\frac{1}{2} \right)^n (1 + F_a) \right]$$

Donde:

F_x = Coeficiente de consanguinidad del individuo X.

\sum = Sumatoria de todos los pasos.

n = Potencia a la cual debe elevarse $1/2$ según en número de flechas que conectan al padre y a la madre a través del antepasado común.

F_a = Coeficiente de consanguinidad del antepasado común.

Si el antepasado común no es consanguíneo queda así:

$$F_x = \frac{1}{2} \sum \left[\left(\frac{1}{2} \right)^n \right]$$

5.- Para el presente trabajo se estimó la consanguinidad y la relación de parentesco en un esquema de flechas, según lo descrito por Lasley (17). Se utilizó el paquete estadístico SAS (Statistical Analysis System) en su subrutina INBREED (22). Esta subrutina estima el coeficiente de consanguinidad y la relación de parentesco por medio del análisis del cuadro de covarianzas (8) y se basa en determinar la consanguinidad de un individuo como la mitad de la covarianza entre los padres de éste y la covarianza entre dos individuos a la mitad de la suma de las covarianzas entre uno de ellos y los padres del otro. Como ejemplo del procedimiento INBREED, se muestra el Apéndice II.

6.- Con la información de estos resultados se simuló el incremento en el coeficiente de consanguinidad de generación en generación, asumiéndose que el hato se mantuviera cerrado y no se adquirieran nuevos animales; para esto se utiliza el método del número efectivo de individuos o tamaño efectivo de la población, el cual es el número de individuos que daría lugar a la varianza de la muestra o el grado de consanguinidad (8). Para este cálculo se utiliza el método del número efectivo cuando es diferente el número de machos y de hembras, que se estima de la siguiente manera:

$$1/N_e = 1/4N_m + 1/4N_f$$

Donde:

N_e = Número efectivo del hato.

N_m y N_f = Números reales de machos y hembras.

El incremento de la consanguinidad es entonces:

$$\Delta F_x = \frac{1}{8N_m} + \frac{1}{8N_f}$$

Lo anterior indica que tanto se incrementa la homocigosis de generación en generación, con base en la probabilidad de que los genes sean iguales en el mismo locus (B).

RESULTADOS

Para poder realizar el análisis de los datos fué necesario utilizar la información contenida en los registros individuales y elaborar los árboles genealógicos de las familias que integran el hato bovino del rancho para ser ordenados y procesados. Los resultados obtenidos en cuanto a la clasificación de los animales adultos se dan en el Cuadro 1, donde el número de hembras equivale al 95% de la población del hato siendo solo el 5% para los machos, el total de animales fué de 783. El número de machos que han sido utilizados desde 1978 se muestra en la Figura 1. En un principio el rancho solo trabajó con machos Holstein y hembras Indobrasil para obtener animales F1 y prosiguió con el esquema de cruzamiento del Centro (Figura 2).

A continuación se detectaron los animales que más cruzamientos tuvieron (Cuadro 2) siendo 39 el número de machos que más se utilizaron (Anexo III), entre los cuales, los machos 11, 19, 30, 40, 43 y 44 fueron los que tuvieron mas cruzamientos en diferentes familias. Los números en los cuadros indican el número de veces de los cruzamientos y puede ser esquematizada como lo muestra la Figura 3. En la Figura 4 se muestran además las relaciones de aquellas familias que más intersecciones tuvieron.

De los resultados que dio la computadora se obtuvieron tres tipos de listado del procedimiento empleado, por un lado el cuadro de correlaciones para conocer las relaciones de cada individuo con todos sus compañeros de hato (Apéndice III), el segundo es un listado del parentesco existente en los machos empleados en los

hembras (Apéndice IV) . el tercer listado donde aparecen los machos en sus diferentes cruzamientos con las vacas más utilizadas (Apéndice V).

El índice de parentesco del hato fue de 0.34% encontrándose un índice de 0.41% en las hembras y 0% en los machos.

La relación de machos y hembras es de 1:19. En lo relacionado a la consanguinidad del hato, los resultados obtenidos no indican que haya consanguinidad en general en el hato, sólo se detectó un índice de 0.07% de consanguinidad en las hembras que integran principalmente las familias de las 3/4 y este tipo de consanguinidad es debido a que se encontraron medios hermanos entre las familias. En general se observa que aunque el hato se considera cerrado algunos de los machos utilizados son cambiados, por lo que de esta forma el hato podría tener una población abierta y con lo cual se define que la homocigosis en el hato es casi nula hasta las familias 3/4.

Las simulaciones de delta F_x (ΔF_x) a través de tres generaciones para el hato si aumentan, aunque este aumento se sigue manteniendo dentro de los niveles bajos de consanguinidad (Cuadro 3).

DISCUSION

No hubo efecto del tamaño del hato sobre el parentesco la consanguinidad contra lo que reporta Flores (9), que habla de un efecto del tamaño del hato sobre el coeficiente de parentesco y consanguinidad, esto puede deberse en este caso a que el estudio se hizo en el rancho desde 1978 a la fecha y en general el hato siempre ha sido pequeño lo que no ocurrió en el estudio de Flores (9). pero esta observación si se presentó en el estudio hecho por García (10) donde en promedio los hatos estudiados eran similares y pequeños.

La cantidad de animales que tienen cierto grado de parentesco y consanguinidad es mínima y muy similar a lo que reporta Flores (9) y García (10), esto indica que la probabilidad de homocigosis en la población animal no es significativa hasta el momento.

La relación de parentesco si es importante en este trabajo no siendo así para la consanguinidad que es nula. Sin embargo Bowman (5) reporta que en estudios con ganado Frison-Británico, se encontró una relación directa entre el coeficiente de parentesco y el coeficiente de consanguinidad.

Los resultados obtenidos en este estudio no concuerdan con lo que reporta Hermas *et al* (13), que dice que la consanguinidad fluctúa desde 0 hasta 25.3% y en promedio 4.1% y en este estudio sólo se obtuvo 0.07% de consanguinidad la cual se detectó en hembras.

En ganado de lidia, González (11) encontró niveles muy superiores de consanguinidad de 10-12%, pero hay que considerar que en este

tipo de ganado, el número de animales es inferior y que la consanguinidad se ha generado en un mayor número de años.

Cuando se trabaja con inseminación artificial es más fácil evitar que las relaciones de parentesco aumenten y en esto se está de acuerdo con Vaccaro (24), que dice que es más fácil y económico lograr el potencial genético deseado por la vía del macho, sobre todo donde se pueda utilizar la inseminación artificial y así de esta manera el grado de parentesco se mantendría en niveles que no afectarían la producción futura del hato.

Young et al (26), realizaron un estudio donde calcularon el parentesco y consanguinidad en ganado Holstein y obtuvieron en promedio 7.4% de parentesco y 4.2% de consanguinidad y concluyen diciendo que el parentesco y la consanguinidad tienen una relación directa y que además los efectos detrimentales sobre la producción se asocian a la consanguinidad. Este resultado, puede deberse a que ellos sólo realizaron su cálculo en vacas, sin incluir a los machos, lo cual sí se llevó a cabo en este trabajo. En cuanto al incremento de la consanguinidad (ΔF_x) en las próximas generaciones, se observa un efecto del número real de algunos progenitores sobre ΔF_x , ya que al reducirse mucho el número de hembras (N_f) o de machos (N_m) se incrementa rápidamente la consanguinidad, lo cual coincide con García (10) en un trabajo realizado en ganado Brangus.

CONCLUSIONES

- Los resultados obtenidos en el hato indican que el índice de parentesco presente es bajo y por lo consiguiente la consanguinidad es casi nula.
- El índice de consanguinidad actual en las hembras es sumamente bajo (0.07%).
- No se encontraron diferencias en cuanto a la relación de parentesco y consanguinidad con el tamaño del hato gracias a la utilización de toros externos, pero se está de acuerdo que entre más pequeño sea el hato las relaciones de parentesco tienden a incrementarse cada vez más.
- El número de animales consanguíneos es mínimo y se manifiesta más a partir de las hembras 3/4, por lo que la simulación para el incremento de la consanguinidad (ΔF_x) en el hato sería alto si se mantuviera cerrado durante 3 generaciones (15 años).
- Es importante continuar con la planificación del programa de cruzamientos en el CIEEGT, retomando el trabajo al llegar al interés 5/8 ya que en este punto los animales se encontraron más relacionados por obtenerse los machos del mismo núcleo genético, en caso contrario la consanguinidad podría incrementarse y tomar niveles elevados acarreando problemas que podrían influir directamente sobre la producción y fertilidad del hato.

LITERATURA CITADA

1. Acosta, R.R.: Influence génétique des progeniteurs Holstein en France. Tesis de maestría. INA-Orsay, 1981. Paris, Francia.
2. Acosta, R.R. y Marín, M.B.: Programa de mejoramiento genético. Memorias del Curso: Producción de leche y carne en el trópico: Experiencias del Centro de Investigación, Enseñanza y Extensión en Ganadería Tropical. Fac. de Med. Vet. y Zoot., Universidad Nacional Autónoma de México, 20-26 (1987).
3. Azuara, B.P.: Selección genética del ganado criollo mediante la determinación de grupos sanguíneos solubles. Tesis de licenciatura. Fac. de Med. Vet. y Zoot., Universidad Nacional Autónoma de México, México, D.F. 1982.
4. Boletín Informativo del Centro de Investigación, Enseñanza y Extensión en Ganadería Tropical. Fac. de Med. Vet. y Zoot., Universidad Nacional Autónoma de México. México, D.F. 1979.
5. Bowman, J.C., Butler, E.A. and Tuncel, E.: Coefficients of inbreeding and degree of relationship for British Friesian herd. Anim. Prod. 27: 269-276 (1978).
6. Castillo, B.E.: Caracterización de las áreas tropicales. Memorias del Curso: Producción de leche y carne en el trópico: Experiencias del Centro de Investigación, Enseñanza y Extensión en Ganadería Tropical. Fac. de Med. Vet. y Zoot., Universidad Nacional Autónoma de México. 17-31 (1978).

7. Dalton, D.C.: Introducción a la genética animal práctica. Acribia. España 1980.
8. Falconer, D.S.: Introduction to quantitative genetics. Longman. 2a. ed. New York, U.S.A. (1970).
9. Flores, M.: Consanguinidad del ganado Indobrasil de registro en México. Tesis de licenciatura. Fac. de Med. Vet. y Zoot., Universidad Nacional Autónoma de México, México, D.F. 1976.
10. Garcia, V.L.A.: Consanguinidad del ganado Brangus de registro en 6 ranchos del estado de Chihuahua. Tesis de licenciatura. Fac. de Med. Vet. y Zoot., Universidad Nacional Autónoma de México. México, D.F. 1986.
11. González, P.J.M. y Berruecos, V.J.M.: Factores genéticos y ambientales en una ganadería de lidia. Rev. Vet. Méx. IV (3): 199-206 (1973).
12. Hellman, M.B.: Ganadería tropical. 3a. ed., Ateneo. Argentina. 1983.
13. Hermas, S.A., Young, C.W. and Rust, J.W.: Effects of mild inbreeding on productive and reproductive performance of Guernsey cattle. J. Dairy Sci. 70: 712-715 (1987).
14. Herrera, H.J.G.: Introducción al mejoramiento genético. Colegio de Posgraduados. Centro de ganadería en Chapingo. México. 1985.

15. Juárez, L.F.I.: Sistemas de producción con bovinos de doble propósito. Simposium sobre ganadería tropical. 1989.121-128, Secretaría de Agricultura y Recursos Hidráulicos - Centro de Investigaciones Pecuarias del Estado de Puebla, Hueytamalco, Puebla (1989).
16. Krenhbiel, E.U. Carter, R.C. Bovard, K.P. Gaines, J.A. and Priode, B.M.: Effects of inbreeding and environment on fertility of beef cattle matings. J. Anim. Sci. 29: 528-533 (1969).
17. Lasley, J.F.: Genética del mejoramiento del ganado. Utaha. México, D.F. 1982.
18. Marín, M.B.: Módulo de producción de leche. Memorias del Curso: Producción de leche en el trópico. Fac. de Med. Vet. y Zoot., Universidad Nacional Autónoma de México, 85-92 (1984).
19. Mendoza, A.M.C.E.: La ganadería de doble propósito su explotación en México. Tesis de licenciatura. Fac. de Med. Vet. y Zoot., Universidad Nacional Autónoma de México. México, D.F. 1989.
20. Nodot, P.: Métodos de selección. Memorias del Curso: Producción de bovinos en el trópico húmedo. Fac. de Med. Vet. y Zoot., Universidad Nacional Autónoma de México. 43-44 (1984).
21. Santos, M: La estructura genética de las poblaciones. En: Genética en acuicultura. Comisión Asesora de Investigación Científica y Técnica, España. 1987.

22. Sas Institute Inc.: Sas Users Guide. Sas Institute Inc., Cary, North Carolina (1988).
23. Thompson, G.M. and Freeman, A.E.: Effect of inbreeding and selection in a closed Holstein-Friesian herd. J. Dairy Sci. 50: 1824-1827 (1967).
24. Vaccaro, L.P.: Aspectos de mejoramiento genético de bovinos de leche y de doble propósito. Boletín Técnico del Instituto de Producción Animal, Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela, 1:10-17 (1987).
25. Warwick, E.J. Y Legates, J.E.: Cría y mejora del ganado. 3a. ed., Mc Graw-Hill, México, 1980.
26. Young, C.W., Bonczek, R.R., Johnson, D.G.: Inbreeding of and relationship among registered Holsteins. J. Dairy Sci. 71: 1659-1666 (1988).

A N E X O S

CUADRO 1

POBLACION BOVINA ADULTA EN EL CIEEGT DE 1978
A 1990.

SEXO	Nº ANIMALES	%
HEMBRAS	744	95
MACHOS	39	5
TOTAL	783	100

CUADRO 3

ESTIMACIONES DEL INCREMENTO DE LA CONSANGUINIDAD DE UNA GENERACION A OTRA EN EL HATO BOVINO.

Nº DE GENERACION	Nm	Nf	ΔFx	%
1	13	187	0.0102	1.02
2	7	175	0.0163	1.63
3	7	163	0.0163	1.63

Nm = Número de machos

Nf = Número de hembras

ΔFx = Incremento de Consanguinidad = $\frac{1}{8 Nm} + \frac{1}{8 Nf}$

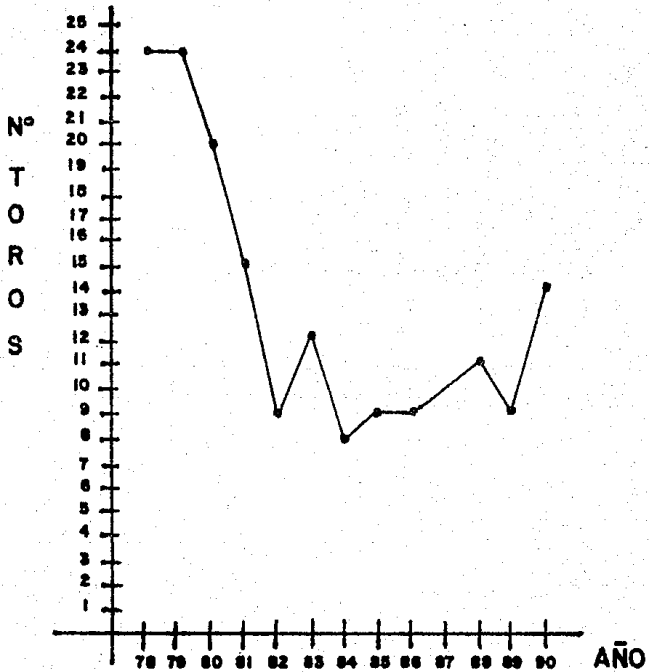


FIGURA I. NUMERO DE TOROS UTILIZADOS POR AÑO DESDE 1978 EN EL CIEEGT.

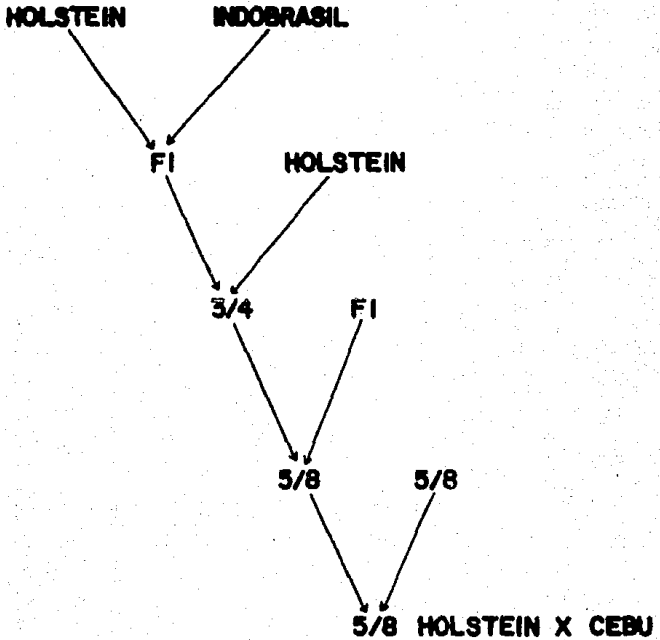


FIGURA 2. ESQUEMA DE CRUZAMIENTO DE LOS BOVINOS UTILIZADO EN EL CIEGT.

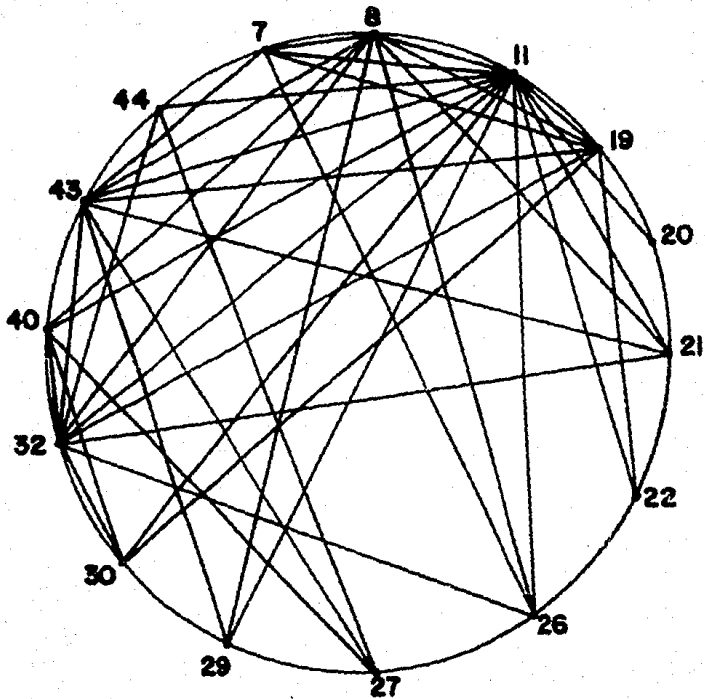


FIGURA 3. RELACIONES ENCONTRADAS POR FAMILIA EN EL HATO BOVINO. DEL CIEEGT.

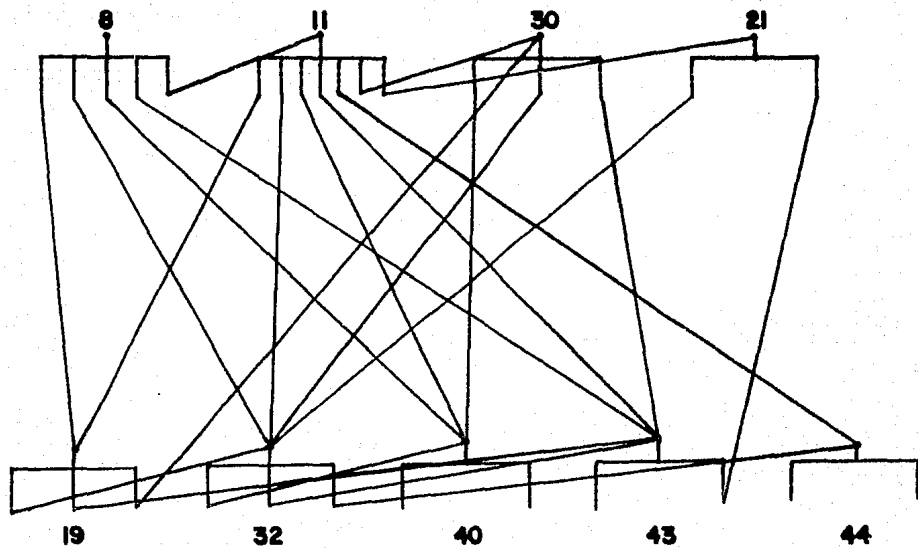
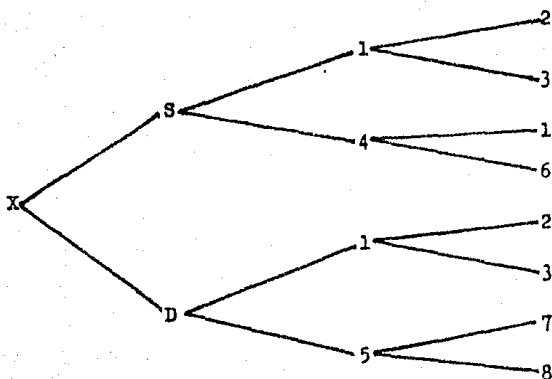


FIGURA 4. MUESTRA DE LAS FAMILIAS BOVINAS QUE MAS INTERSECCIONES TUVIERON.

ANEXO 1. Cálculo del coeficiente de parentesco en una familia bovina.



ARBOL
GENEALOGICO



DIAGRAMA
DE
FLECHAS

$$S \leftarrow 4 \leftarrow 1 \rightarrow D = (1/2)^3 = 0.1250$$

$$S \leftarrow 1 \rightarrow D = (1/2)^2 = 0.2500$$

$$0.3750$$

FORMULA

$$R_{xy} = \frac{\sum [(1/2)^n (1 + F_a)]}{\sqrt{(1 + F_x) (1 + F_y)}}$$

$$R_{xy} = \frac{0.3750}{\sqrt{(1 + 0.25) (1)}} = \frac{0.3750}{1.1180} = 0.3354$$

$$R_{xy} = 33.5 \% \text{ entre S y D}$$

$F_x = 0.25$ por que S es consanguineo

**ANEXO II. CLAVES UTILIZADAS EN LA CODIFICACION DE LA INFORMACION
PARA SEXO Y RAZA DE LOS ANIMALES**

SEXO: 1= MACHO

2= HEMBRA

RAZA: H= HOLSTEIN

I= INDOBRASIL

C= CRIOLLO

ANEXO III. RELACION DE SEMENTALES UTILIZADOS EN LOS CRUZAMIENTOS DEL CIEEGT

1.- Standout ideal*	30.- Toronado*
2.- Loren*	31.- Arion*
3.- Black night*	32.- Kaiser*
4.- Mayor royal	33.- Bunky boo
5.- Rear admiral	34.- 388*
6.- Joe*	35.- 344*
7.- Jeremy*	36.- 412*
8.- Starlite king*	37.- 288
9.- Apollo king*	38.- Gay lord*
10.- Casanova*	39.- Larare*
11.- Charlie*	40.- Boot maker*
12.- 281*	41.- Needle twin
13.- Blaze	42.- Astroman*
14.- Maple	43.- Cupido Valiant apollo*
15.- Ruan citation*	44.- Cupido valiant marshal*
16.- Sky chief*	45.- Rogue*
17.- Astro*	46.- Snowman*
18.- Sid*	47.- Zafiro
19.- Shade acres*	48.- Char sam
20.- Jay*	49.- Vae
21.- Silva dairy*	50.- Triple
22.- First million*	51.- Palomo*
23.- Bonanza*	52.- Chalahuite*
24.- Trujan*	53.- Camaron
25.- 307	54.- Toro Arámuro
26.- Park forest*	55.- Holstein rojo
27.- Galan*	56.- Margaro
28.- 4 milpas	57.- Veneno
29.- Check mate*	58.- CMR

*- Fueron los toros utilizados para este trabajo, los demás sólo fueron usados una o dos veces y por esto fueron excluidos del presente trabajo.

ESTA TESIS NO DEBE
SALIR DE LA BIBLIOTECA

A P E N D I C E I

VACA No. 70

CIEEGT

UNAM - FMVZ

REGISTRO GENETICO

Fecha de nacimiento 29-VI-79

ABUELO GENOTIPO

Peso 30 kg

PADRE
HOLSTEIN

ABUELA GENOTIPO

Genotipo 3/4 HOLSTEIN X CEBU

MADRE
01 → F₁

ABUELO GENOTIPO INDOBRASIL

ABUELA GENOTIPO HOLSTEIN

REGISTRO DE PRODUCCION LACTEA															
LACTANCIA	FECHA DE INICIO	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	FECHA DE TERMINO	OBSERVACIONES:
1	29-VI-81	32.5	36.4	34.7	22.1	200.2	184.8	99.4						25-IX-81	
2	7-IV-84	28.5	30.9	37.4	350.2	264.2	214.7	200.1	198.1	208.0	116.0	115.8	26.9	6-III-85	
3	1-VIII-85	406.5	361.8	344.8	341.5	274.2	272.6	119.8	100.4					31-III-86	
4	27-V-86	29.5	306.6	324.5	263.5	206	192.3	283.6	141.5	118.3	9.0			7-II-87	
5	27-VI-87	19.4	211.1	194.4	173.7	140.1	186.0	167.6	146.1	145.1	208.1	115.2	117.3		
6		34.9												10-VI-88	
7	11-IX-88	130.1	206.1	138.3	171.4	206.4	150.7	315.0	178.1	311.7	154.5	111.1	150.1		
8		201.6	192.6	138.0	86.2									16-XII-89	
9															
10															

LACTANCIA COMPLETA							
LACTANCIA	DIAS DE SECAO	DIAS EN LACTANCIA	TOTAL LECHE	TOTAL GRASA	PROMEDIO LACTANCIA	PROMEDIO UNTO	SELECCION
1		180	1418.2		7.84		
2	560	333	2766.8		8.3		
3	148	242	2275.9		9.4		
4	57	256	1822.3		7.1		
5	140	349	2030.2		5.8		
6	93						
7							
8							
9							
10							

COMPORTAMIENTO GENETICO

FECHA DE BAJA

CAUSA

A P E N D I C E I (continuación)

DESCENDENCIA									
REGISTRO	SEXO	FECHA DE NACIMIENTO	CRANZA	FENOTIPO	GENOTIPO	PESO AL NACER	PESO AL DESTETE	PESO L20	OBSERVACIONES
306	♂	21-11-82	C.A.		5/BH	38.5			4 MIL PAS
521	♀	3-IV-84	C.A.		5/BH	37			4 MIL PAS
45/5	♀	21-IV-85	C.A.		5/BH	29			CHEN WAYS
—	—	22-V-86	MUELLO						MURIO
44/7	♂	19-IV-87	C.A.		5/BH				ND
67/8	♀	7-IX-88	A.R.	13/6	7/BH	29	107.5		KALIBER

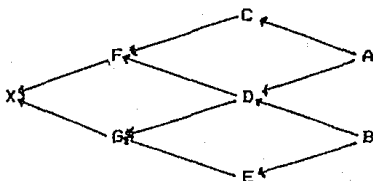
FENOTIPO

Nº 70



APENDICE II. Ejemplo del procedimiento INBREED (SAS INSTITUTE)

Para ejemplificar se utiliza el siguiente pedigrí:



Tarjetas necesarias:

```

// Tarjeta control
// EXEC SAS
// SAS SYSIN DD
DATA; TITLE'PARENTESCO Y CONSANGUINIDAD'.
INPUT HIJO$ 1  PADRE$ 2  MADRE$ 3  SEXO$ 4
CARDS;
A                M
B                F
C                A      F
E                B      F
D                A      B      M
F                D      C      M
G                D      E      F
X                F      G      M
  
```

```

PROC PRINT;
PROC INBREED IND MATRIX;
VAR IND PADRE MADRE;
ID SEXO;
PARMCARDS;
ADEX / BCEG
/*
  
```

EXPLICACION:

INPUT Define las claves para el hijo, su padre y su madre así como el sexo.

CARDS Indica que los datos vienen a continuación.

PROC PRINT Pide un listado de la información.

PROC INBREED MATRIX Pide que se obtenga la matriz de covarianzas y los niveles individuales de consanguinidad.

VAR Indica cuales son las variables que identifican al hijo con sus padres (madre y padre).

ID Le indica cual es la clave para el sexo.

PARMCARDS Le indica cuales cruzas se desean realizar (en este caso los machos A,D,F,X con las hembras B,C,E,G).

/* Tarjeta terminal.

