



## **UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO**

MAESTRÍA EN CIENCIAS DE LA SALUD Y DE LA PRODUCCIÓN ANIMAL

FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA

F.E.S. CUAUTILÁN

INSTITUTO DE INVESTIGACIONES BIOMÉDICAS

### **COMPARACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA PRODUCCIÓN DE LECHE EN POBLACIONES DE GANADO HOLSTEIN EN MÉXICO BAJO DOS MODALIDADES DE CONTROL DE PRODUCCIÓN**

TESIS

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:

**MAESTRO EN CIENCIAS**

PRESENTA:

**HUGO OSWALDO TOLEDO ALVARADO**

TUTOR:

JOSÉ MANUEL BERRUECOS VILLALOBOS, FMVZ

MIEMBROS DEL COMITÉ TUTOR:

CARLOS GUSTAVO VÁZQUEZ PELÁEZ, FMVZ

FELIPE DE JESÚS RUIZ LOPEZ, INIFAP



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.

## **AGRADECIMIENTOS**

A la Universidad Nacional Autónoma de México y a la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, por darme la oportunidad de realizar mis estudios de posgrado.

Al Dr. Mauricio A. Elzo y a la Universidad de Florida por permitirme realizar una estancia de investigación y apoyarme en el desarrollo de este trabajo.

Al Dr. Carlos Vázquez P., por todo su apoyo, enseñanzas y guía.

Al Dr. José Berruecos V., por ser un ejemplo de vida y siempre ayudarme a ser una mejor persona y profesionalista.

Al Dr. Felipe Ruiz L., por todo su tiempo, dedicación y trabajo.

A los Dres. Pedro Ochoa G., Antonio Gómez A., Héctor Castillo J., Mauricio Valencia P., que con sus comentarios enriquecieron este trabajo.

Al personal del departamento de Genética y Bioestadística de la FMVZ – UNAM.

## **DEDICATORIAS**

A mi madre por ser un ejemplo de superación y su apoyo incondicional.

A mi padre por que me has enseñado humildad y dedicación.

A Lesly Peñúñuri por su paciencia, apoyo y amor para lograr mis sueños.

A mis hermanos.

A mis amigos.

# **COMPARACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA PRODUCCIÓN DE LECHE EN POBLACIONES DE GANADO HOLSTEIN EN MÉXICO BAJO DOS MODALIDADES DE CONTROL DE PRODUCCIÓN**

## **RESUMEN**

Se usaron registros de producción de leche total de primera lactancia (PL1), producción de leche ajustada a 305 días y a equivalente maduro de la primera lactancia (PL1std), producción de leche total de las cinco primeras lactancias (PL5) y producción de leche ajustada a 305 días y equivalente maduro de las primeras 5 lactancias (PL5std) con el objeto de estimar componentes de varianza y parámetros genéticos, así como estimar promedios de valores genéticos (VG) de los animales. Se utilizaron los datos del Programa Nacional de Mejoramiento Genético en México (PNMG;  $n = 163,885$ ), que incluye registros de la Asociación Holstein de México (AHM;  $n = 43,668$ ), y del Banco Nacional de Información Lechera (BNIL;  $n = 120,217$ ). Las varianzas fueron estimadas mediante REML, utilizando un modelo animal para PL1 y PL1std y un modelo de repetibilidad para PL5 y PL5std. Se utilizó el método del Mejor Predictor Lineal Inssegado para realizar la predicción de los VG, con un modelo animal que incluyó el grupo contemporáneo de hato-año-estación de parto como efecto fijo y los efectos de animal y residuo como efectos aleatorios. Se estimaron los promedios ponderados por el número de hijas y no ponderados de los VG de los sementales, del PNMG, AHM y BNIL. Así mismo se estimaron los promedios ponderados de los VG de los sementales del PNMG de acuerdo a su país de origen (EUA, Canadá, México, Otros). También se estimaron los promedios de valores fenotípicos (VF) y VG de las vacas en producción. Los análisis se realizaron con los programas ASREML y SAS. Las heredabilidades estimadas fueron de bajas a moderadas para PL1 y PL1std ( $0.17 \pm 0.009$  a  $0.49 \pm 0.019$ ) así como para PL5 y PL5std ( $0.16 \pm 0.006$  a  $0.41 \pm 0.004$ ). Las repetibilidades para PL5 y PL5std tuvieron un rango de  $0.32 \pm 0.002$  a  $0.41 \pm 0.004$ . Los valores genéticos y fenotípicos de los animales en el PNMG, AHM y BNIL aumentaron entre los años de estudio. Los VG de los sementales extranjeros fueron superiores a los VG de los sementales nacionales. Con la inclusión de los datos del BNIL en las evaluaciones nacionales se incorporó información que no se estaba tomando en cuenta. Esto aumentó la precisión de los valores genéticos

de los sementales para producción de leche, y permitió la predicción de VG para un mayor número de animales nacionales y extranjeros con progenies en México.

**Palabras Clave:** Heredabilidad, repetibilidad, Holstein, producción de leche, valores genéticos, tendencias genéticas.

# **COMPARISON OF GENETIC PARAMETERS FOR MILK PRODUCTION OF HOLSTEIN CATTLE POPULATIONS IN MEXICO UNDER TWO MODALITIES OF PRODUCTION CONTROL**

## **ABSTRACT**

Data of production at the first lactation (PL1), milk yield adjusted to 305 days and adult equivalent of first lactation (PL1std), total milk of the first five lactations (PL5) and milk yield adjusted to 305 days and mature equivalent of the first five lactations (PL5std). The objective was to estimate variance components, genetic parameters and the mean of genetic values (VG) of the animals. Records of the National Breeding in Mexico (PNMG, n = 163,885) were used, including records from the Holstein Association of Mexico (AHM, n = 43,668), and the National Bank of Dairy Information (BNIL, n = 120,217). Variances were estimated by REML using an animal model for PL1 and PL1std and a repeatability animal model for PL5 and PL5std. Method of best linear unbiased predictor was used for predicting VG, with an animal model that included the contemporary group herd-year-season as fixed effect, and animal and residual as random effects. We estimated the weighted average by number of daughters and not weighted of the VG for the bulls in PNMG, AHM and BNIL. Similarly the weighted average of VG were estimated for the bulls in PNMG according to their country of origin (USA, Canada, México, Others). Also the phenotypic value (VF) averages were estimated and VG of the dairy cows. The calculations were performed using ASREML and SAS programs. Heritability estimates ranged from low to moderate for PL1 and PL1std ( $0.17 \pm 0.009$  to  $0.49 \pm 0.019$ ) and for PL5 and PL5std ranged from ( $0.16 \pm 0.006$  to  $0.41 \pm 0.004$ ). The repeatabilities for PL5 and PL5std ranged from  $0.32 \pm 0.002$  to  $0.41 \pm 0.004$ . Phenotypic and genetic values of animals in PNMG, AHM and BNIL increased across the studied years. The VG of foreign bulls were superior than the VG of national animals and were more frequently used by farmers. The inclusion of information of BNIL on national assessments allowed incorporating production data that were not being taken into account. This not only improved the accuracy of sire breeding values for milk production, but also allowed the prediction of breeding values of all animals and abroad with progenies in Mexico.

Keywords: Heritability, repeatability, Holstein, milk, genetic tendencies.

## ÍNDICE

RESUMEN.....	iv
ABSTRACT .....	vi
I. INTRODUCCIÓN.....	1
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	3
II.1 Historia de la producción de leche.....	3
II.2 Situación actual de la producción de leche.....	3
II.3 Mejoramiento genético del ganado Holstein en México .....	4
II.4 Estimación de parámetros genéticos.....	4
II.4.1 Partición de varianzas.....	4
II.4.2 Metodología de estimación de componentes de varianza .....	6
II.4.3 Métodos de predicción de valores genéticos .....	7
III. OBJETIVOS GENERALES .....	8
IV. ARTÍCULOS .....	9
IV.1 Estimación de parámetros genéticos para producción de leche en poblaciones de ganado Holstein en México bajo dos modalidades de control de producción .....	10
RESUMEN.....	11
1. INTRODUCCIÓN.....	12
2. MATERIALES Y MÉTODOS.....	13
3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....	17
4. CONCLUSIONES.....	21
ABSTRACT .....	22
REFERENCIAS .....	23
Cuadro 1.....	26
Cuadro 2.....	27
Cuadro 3.....	28



Cuadro 4.....	29
Cuadro 5.....	30
Cuadro 6.....	31
IV.2 Estimación de tendencias genéticas y fenotípicas para producción de leche en poblaciones de ganado Holstein en México bajo dos modalidades de control de producción .....	32
RESUMEN.....	33
1. INTRODUCCIÓN.....	34
2. MATERIALES Y MÉTODOS.....	35
3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....	38
4. CONCLUSIONES.....	41
ABSTRACT .....	43
REFERENCIAS .....	44
Cuadro 1.....	46
Figura 1 .....	47
Figura 2 .....	48
Figura 3 .....	49
Figura 4 .....	50
Figura 5 .....	51
Figura 6 .....	52
Figura 7 .....	53
V. CONCLUSIONES GENERALES.....	54
VI. REFERENCIAS GENERALES.....	55

## **I. INTRODUCCIÓN**

Dada la importancia de la leche en la nutrición humana por las características de sus nutrientes, es considerada como un alimento ideal y necesario en cualquier etapa de la vida de las personas, ya sea consumida en forma líquida o a través de sus productos derivados (Gallardo *et al.*, 2004).

La producción nacional de leche es insuficiente para satisfacer la demanda interna del producto ya que, anualmente se importan 39.9 millones de litros de leche (SFA, 2010). La disponibilidad per cápita para el 2005 fue de 117 litros (SAGARPA, 2006) y el Programa Nacional Pecuario (2007-2012), indica la necesidad de aumentar la producción. En el año 2006, México ocupó el lugar decimo quinto a nivel mundial contribuyendo con alrededor del 1.8% del total, teniendo una producción de 10 millones de litros (SAGARPA, 2007).

Existen varias formas de aumentar la producción láctea en el país, como son los avances en la tecnificación de la producción lechera, la aplicación de técnicas de manejo del ganado con mejores características productivas y el equipamiento de las explotaciones. El mejoramiento genético es uno de los métodos que se utilizan para aumentar esta producción, siendo de suma importancia para esto, la estimación de los parámetros genéticos incluyendo los componentes de varianza y covarianza, como elementos necesarios para la evaluación genética del ganado bovino (Danell, 1982). Para ese fin, se han utilizado varios modelos con diferentes grados de complejidad (Mark, 2004).

Las evaluaciones genéticas son realizadas por la Asociación Holstein de México (AHM) para los animales registrados en la asociación. El Programa Nacional de Mejoramiento Genético de Bovinos Productores de Leche (PNMG) en México, incluye datos de la AHM y de un Banco Nacional de Información Lechera (BNIL). El BNIL cuenta con información genética y productiva adicional de animales que no se están incluyendo en las evaluaciones por no contar con información genealógica y productiva validada por la AHM (Holstein, 2010). Consecuentemente existe información disponible que no se está

usando para la evaluación de animales Holstein en México, por lo que es importante evaluar la posible utilización de esta información adicional y su impacto sobre las evaluaciones genéticas nacionales, comparando los parámetros genéticos estimados para producción de leche con y sin la información adicional. Por lo anterior los objetivos del estudio son: 1) Estimar parámetros genéticos para producción de la AHM, BNIL y PNMG (AHM y BNIL juntas). 2) Estimar las tendencias genéticas y fenotípicas para producción de leche del PNMG, AHM y BNIL.

## **II. REVISIÓN DE LITERATURA**

### **II.1 Historia de la producción de leche**

La historia de la ganadería en México comienza con la introducción por parte de los españoles del ganado bovino alrededor del año 1524. Las condiciones naturales favorables que ofrecía el territorio, hicieron que estos animales se multiplicaran en los campos de la Nueva España (Montemayor, 1984).

En las primeras fases del crecimiento urbano, el consumo de leche dependía de la cercanía de los establos a los pueblos o ciudades, ya que una menor distancia evitaría la descomposición de la leche. Durante la década de 1930 se formuló una legislación para el procesamiento y comercialización de productos lácteos. Esto último motivó que entre 1940 y 1950, los productores se organizaran con el fin de cumplir las nuevas leyes. Se conformaron empresas pasteurizadoras para ofrecer leche que cumpliera con las normas sanitarias, aunque persistió la preferencia de los consumidores por la "leche bronca" (i.e., leche cruda sin procesar). Entre 1950 y 1960, la producción de leche se transformó radicalmente con los productores organizados. Algunas empresas iniciaron actividades de pasteurización, transporte, enfriamiento y comercialización. A ello se sumó la elaboración de alimentos balanceados para animales, centrales de maquinaria agrícola, refaccionarias para transporte, agroquímicos y semillas para praderas, entre otros (Espinosa *et al.*, 2008).

### **II.2 Situación actual de la producción de leche**

El valor de la producción pecuaria ha ido en aumento; en el año 2000 alcanzó 125 mil millones de pesos y en 2008 llegó a 222 mil millones, es decir, un aumento promedio de 7.5 por ciento anual, aportando un 6% al producto interno bruto del país. De los tres principales productos pecuarios, la leche participó con el 21.9 por ciento (Villamar, 2005). Para el año 2010 la producción de leche en México ocupó el tercer lugar de acuerdo al valor de la producción de alimentos con \$43,303 millones de pesos detrás de la producción de carne y de la de pollo, (FAO, 2010) con un total de 10,676 millones de litros, con una población de 2,374,623 cabezas de ganado (Villamar, 2005).

## **II.3 Mejoramiento genético del ganado Holstein en México**

El inicio de las evaluaciones genéticas en la raza Holstein en México se incoó en 1976 en convenio de la USDA con la Asociación Holstein de México (AHM). En el año de 1989 se implementó el sistema de modelo animal (Powell y Wiggans, 1990) y a partir de 1999 las evaluaciones genéticas de los animales productores de leche son realizadas por la Asociación Holstein de México y por el INIFAP (Valencia, 1999).

En el año 2008 se inició la recopilación de información genealógica, productiva y reproductiva de establos lecheros en diferentes estados del país, como parte del Programa Nacional de Mejoramiento Genético de Bovinos Productores de Leche (PNMG). Financiado por la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA), en convenio con la Asociación Holstein de México (AHM) y avalado por el Comité Nacional Sistema Producto Bovinos de Leche. El objetivo es establecer programas de mejoramiento genético así como el incrementar la rentabilidad de las producciones. La información se integra de un Banco Nacional de Información Lechera (BNIL) y de los datos de producción de la AHM.

## **II.4 Estimación de parámetros genéticos**

### **II.4.1 Partición de varianzas**

Para poder realizar programas de mejoramiento genético es necesario la estimación de componentes de varianza y covarianza. Asimismo se necesita estimar los parámetros genéticos y fenotípicos de la producción de leche. Los efectos genéticos que intervienen principalmente en la producción de leche son aditivos. Existen diferentes efectos ambientales que afectan la producción de leche, comúnmente se incluye la combinación de efectos de hatos-año-estación de parto.

La varianza total de una característica o varianza fenotípica, está constituida por la suma de los componentes de la varianza de los efectos genéticos, y de la varianza debida a los efectos ambientales representándola de la siguiente manera:

$$\sigma_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2 + \sigma_{GE}$$

$\sigma_F^2 = \text{varianza fenotípica}$

$\sigma_G^2 = \text{varianza genética}$

$\sigma_E^2 = \text{varianza ambiental}$

$\sigma_{GE} = \text{covarianza entre genotipo y medio ambiente}$

y a su vez la varianza genética está constituida por:

$$\sigma_G^2 = \sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_i^2$$

$\sigma_a^2 = \text{varianza genética aditiva}$

$\sigma_d^2 = \text{varianza genética de dominancia}$

$\sigma_i^2 = \text{varianza genética de epistásis}$

y la varianza ambiental está constituida por:

$$\sigma_E^2 = \sigma_{EP}^2 + \sigma_{ET}^2$$

$\sigma_{EP}^2 = \text{varianza de medio ambiente permanente}$

$\sigma_{ET}^2 = \text{varianza de medio ambiente temporal}$

La varianza aditiva es de suma importancia, ya que es el componente principal del parecido entre parientes y es un factor principal en las propiedades genéticas observables de la población y de la respuesta a la selección. De esta forma, la heredabilidad se define como el cociente de la varianza genética aditiva sobre la varianza fenotípica total (Falconer, 1984):

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_F^2}$$

Cuando existen múltiples mediciones de una característica en un mismo animal, como es el caso de la producción de leche en lactaciones sucesivas, existe una covarianza entre los registros de un individuo debida a factores ambientales permanentes no genéticos. Por esto, la varianza entre individuos es en parte genética y en parte ambiental (efecto de ambiente permanente). La varianza de los registros del mismo individuo se atribuye a las diferencias entre las diferentes mediciones se debe a

variaciones ambientales temporales, que ocurren en este caso de un parto a otro. Por lo tanto la varianza fenotípica es igual a:

$$\sigma_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma_{EP}^2 + \sigma_{ET}^2$$

donde:

$\sigma_F^2 = \text{varianza fenotípica}$

$\sigma_G^2 = \text{varianza genética}$

$\sigma_{EP}^2 = \text{varianza de medio ambiente permanente}$

$\sigma_{ET}^2 = \text{varianza de medio ambiente temporal}$

La correlación entre los registros de un individuo o repetibilidad ( $t$ ) es la razón entre la varianza individual y la varianza fenotípica:

$$t = \frac{\sigma_G^2 + \sigma_{EP}^2}{\sigma_F^2}$$

#### **II.4.2 Metodología de estimación de componentes de varianza**

Existen diferentes metodologías para realizar la estimación de componentes de varianza. Fisher (1925) describió un método para datos balanceados conocido como análisis de varianza (ANDEVA). Henderson (1953) desarrollo tres métodos que se derivan del ANDEVA para datos desbalanceados con modelos mixtos para datos de clasificación cruzada y/o efectos anidados. Una desventaja de los métodos basados en el ANDEVA para las aplicaciones de genética animal es que las covarianzas entre efectos de los animales genéticamente relacionados no son tomadas en cuenta.

El método de estimación por máxima verosimilitud (MV) fue descrito por Fisher (1922), sin embargo, Hartley y Rao (1967) desarrollaron la metodología de estimación de componentes de varianza por MV para modelos mixtos con datos desbalanceados. Patterson y Thompson (1971) modificaron el procedimiento de MV para tomar en cuenta la pérdida en los grados de libertad en la estimación de efectos fijos. Ellos propusieron que en lugar de usar la verosimilitud completa se usara la verosimilitud residual o restringida, del que surge la estimación por Máxima Verosimilitud Restringida (REML) (Hofer, 1998).

Patterson y Thompson (1971) sugirieron que las ecuaciones para los componentes de varianza pueden ser resueltos iterativamente usando el algoritmo de Fisher. Sin embargo, esta estrategia presenta dificultades computacionales en la genética animal debido al gran número de matrices que deben de ser invertidas y multiplicadas. Gilmour *et al.*, (1995) presentan el método REML usando un algoritmo de información promedio. Esta metodología, usa una matriz de información promedio y es computacionalmente conveniente y eficiente para la estimación de componentes de varianza por REML en los modelos lineales mixtos (Gilmour *et al.*, 2009).

#### **II.4.3 Métodos de predicción de valores genéticos**

Existen diferentes formas para predecir los valores genéticos. Henderson (1949) desarrollo una metodología llamada el mejor predictor lineal insesgado (BLUP, por sus siglas en inglés; Best Linear Unbiased Predictor), por medio de la cual se pueden estimar simultáneamente los valores de los efectos fijos y de los efectos aleatorios que en el caso de la genética animal son los valores genéticos o valores de cría. Las características del BLUP son: (1) Maximiza la correlación entre el valor genético verdadero y el valor de predicción, es decir minimiza la varianza del error de predicción. (2) Los predictores son funciones lineales de las observaciones. (3) Las estimaciones de las variables aleatorias y de los efectos fijos son insesgadas y (4) predice el valor genético verdadero (Mrode, 2005).



### **III. OBJETIVOS GENERALES**

1) Estimar los parámetros genéticos para producción de leche de la Asociación Holstein de México (AHM), del Banco Nacional de Información Lechera (BNIL) y del Programa Nacional de Mejoramiento Genético (PNMG) (AHM y BNIL juntas).

2) Estimar las tendencias genéticas y fenotípicas para producción de leche de la Asociación Holstein de México (AHM), del Banco Nacional de Información Lechera (BNIL) y del Programa Nacional de Mejoramiento Genético (PNMG).

Objetivos específicos:

- Estimar la variación genética aditiva y la heredabilidad de la producción de leche total y estandarizada (305 d, equivalente maduro) para la primera lactancia en las tres poblaciones: AHM, BNIL y PNMG (AHM y BNIL juntas),
- Estimar la variación genética aditiva y de ambiente permanente y sus correspondientes parámetros (heredabilidad y repetibilidad) para producción de leche total y estandarizada considerando las primeras cinco lactancias por vaca, en las tres poblaciones: AHM, BNIL y PNMG.
- Comparar la precisión y el ordenamiento de los sementales en común, en estas tres poblaciones.
- Analizar las tendencias genéticas y fenotípicas para la producción de leche en la primera lactancia ajustada a 305 días del ganado registrado en el PNMG, que incluyen datos de la AHM y del BNIL.
- Analizar las tendencias genéticas ponderadas y no ponderadas de los sementales de la AHM, del BNIL, y del PNMG (AHM y BNIL juntas), con el fin de determinar la relación entre sus valores genéticos predichos y su utilización como padres en cada población
- Analizar las tendencias genéticas de los sementales, ponderadas por el número de hijas en el PNMG de acuerdo a su país de origen.

## **IV. ARTÍCULOS**

IV.1 Estimación de parámetros genéticos para producción de leche en poblaciones de ganado Holstein en México bajo dos modalidades de control de producción

IV.2 Estimación de tendencias genéticas y fenotípicas para producción de leche en poblaciones de ganado Holstein en México bajo dos modalidades de control de producción

## **IV.1 Estimación de parámetros genéticos para producción de leche en poblaciones de ganado Holstein en México bajo dos modalidades de control de producción**

Hugo O. Toledo Alvarado<sup>a</sup>, Felipe de Jesús Ruiz López<sup>b</sup>, Carlos G. Vázquez Peláez<sup>a</sup>,  
José M. Berruecos Villalobos<sup>a</sup>, Mauricio A. Elzo<sup>c</sup>

<sup>a</sup>Departamento de Genética y Bioestadística, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México. Av. Universidad 3000, Copilco el Alto CP 04510. México DF.

<sup>b</sup>Centro Nacional de Investigación en Fisiología y Mejoramiento Animal. INIFAP-SAGARPA. KM. 1 Carretera a Colón, Col. Ajuchitlán Colón, CP 76280, Ajuchitlán Querétaro.

<sup>c</sup>Department of Animal Sciences, University of Florida , 2250 Shealy Drive, Room 202D , P.O. Box 110910, Gainesville, USA. FL 32611-0910

## RESUMEN

Se estimaron componentes de varianza y parámetros genéticos para la producción de leche total a la primera lactancia (PL1), producción de leche ajustada a 305 días y a equivalente maduro de la primera lactancia (PL1std), producción de leche total de las cinco primeras lactancias (PL5) y producción de leche ajustada a 305 días y a equivalente maduro de las primeras 5 lactancias (PL5std). Se utilizaron las bases de datos de la Asociación Holstein de México (AHM; n = 43,668), y del Banco Nacional de Información Lechera (BNIL; n = 120,217). Las varianzas fueron estimadas mediante REML, utilizando un modelo animal para PL1 y PL1std y un modelo de repetibilidad para PL5 y PL5std. Las heredabilidades estimadas fueron desde bajas hasta moderadas tanto para la primera lactancia ( $0.17 \pm 0.009$  a  $0.49 \pm 0.019$ ), como para las primeras cinco lactancias ( $0.16 \pm 0.006$  a  $0.41 \pm 0.004$ ). Las repetibilidades para PL5 y PL5std tuvieron un rango de  $0.32 \pm 0.002$  a  $0.41 \pm 0.004$ . La inclusión de la información del BNIL en las evaluaciones genéticas permitió incorporar datos de producción que no se estaban tomando en cuenta. Esto no solamente mejoró la precisión de los valores genéticos de los sementales para producción de leche, sino que también permitió la predicción de los valores genéticos de todos los animales nacionales y extranjeros con progenies en México.

**Palabras clave:** Heredabilidad, repetibilidad, Holstein, producción de leche.

## 1. INTRODUCCIÓN

La estimación de varianzas y covarianzas genéticas y fenotípicas es necesaria para poder predecir los valores genéticos de cría y así poder implementar programas de mejoramiento sobre características de interés económico<sup>(1,2)</sup>. La producción láctea ha sido tradicionalmente el principal criterio de selección en bovinos productores de leche en México, por su relación directa con los retornos económicos de los productores<sup>(3,4)</sup>. Este carácter ha sido utilizado frecuentemente en evaluaciones genéticas e índices de selección en combinación con características de reproducción, conformación, funcionales y longevidad<sup>(5, 6)</sup>. El rango de heredabilidades en ganado Holstein estimadas en México va de 0.13 a 0.57<sup>(6, 7, 8, 9)</sup> para la producción de leche a primer parto, y el rango de repetibilidades desde 0.32 a 0.52 para producciones de leche hasta el tercer parto<sup>(9, 10, 11)</sup>.

La Asociación Holstein de México y el Centro Nacional de Investigación en Fisiología y Mejoramiento Animal del INIFAP realizan las evaluaciones genéticas para la población de ganado Holstein registrada ante la asociación. Sin embargo, en el año 2008 se inició el Programa Nacional de Mejoramiento Genético de Bovinos Productores de Leche (PNMG) en México, por instrucción y con financiamiento de la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA) en convenio para su operación por la Asociación Holstein de México (AHM). El PNMG tiene como objetivo crear una base de datos nacional con información genealógica, productiva y reproductiva de establos lecheros del país para poder establecer programas de mejoramiento genético y aumentar la rentabilidad de los establos. El PNMG incluye un Banco Nacional de Información Lechera (BNIL) y cuenta con información adicional de ganaderías productoras de leche en diferentes partes del país que no está incluida en estas evaluaciones por no contar con información genealógica y productiva validada por la AHM<sup>(12)</sup>. Lo anterior implica que no se está considerando toda la información disponible para la evaluación de animales Holstein en México, por lo que es importante determinar la posible utilización de esta información adicional y su impacto sobre las evaluaciones genéticas nacionales, comparando los parámetros genéticos estimados para producción de leche, con y sin la información adicional.

Los objetivos de este estudio fueron: 1) estimar la variación genética aditiva y la heredabilidad de la producción de leche total y estandarizada (305 d, equivalente maduro)

para la primera lactancia en las tres poblaciones: AHM, BNIL y PNMG (AHM y BNIL juntas), 2) estimar la variación genética aditiva y de ambiente permanente y sus parámetros asociados (heredabilidad y repetibilidad) para producción de leche total y estandarizada considerando las primeras cinco lactancias por vaca en las tres poblaciones: AHM, BNIL y PNMG, y 3) comparar la precisión y el ordenamiento de los sementales en común en estas tres poblaciones.

## **2. MATERIALES Y MÉTODOS**

### **2.1 Animales y datos**

Se utilizaron las bases del BNIL (Control de producción en muestreo por ganadero) y de la Asociación de Criadores Holstein de México (Control de producción oficial de la asociación) AHM, que conjuntamente conforman el PNMG y cuentan con registros de 437,058 lactaciones entre los años 2007 y 2011 con información de producción y genealogía.

Las bases de datos finales incluyeron 120,217 vacas hijas de 1,528 toros para BNIL de los cuales 66 tenían registro mexicano. La población AHM se conformó por 43,668 vacas hijas de 767 toros de los cuales 119 tenían registro mexicano. Uniendo las dos bases en el Programa Nacional de Mejoramiento Genético (PNMG) se tuvieron 163,885 vacas hijas de 1,694 toros con 601 sementales con hijas en ambas bases de datos.

Para estimar los componentes de varianza se crearon tres archivos de pedigrí, uno para cada grupo de datos, incluyendo todos los individuos disponibles. El BNIL tuvo 250,282 registros de pedigrí, mientras que la AHM contó con 124,044 y el PNMG 368,827 registros.

### **2.2 Edición de la información**

Se utilizaron registros de producción de leche con información de las primeras 5 lactancias. Las variables analizadas fueron la producción total acumulada y la producción estandarizada a equivalente maduro, 2 ordeñas y 305 días. Se eliminaron registros de vacas con razas diferentes a la Holstein o con progenitores de raza diferente a la Holstein;

registros con producciones menores a 1500 kg de leche (por considerarse lactancias anormales), y registros de animales con menos de 18 meses de edad al parto. Asimismo se eliminaron registros de animales con menos de 90 días en lactación para asegurar al menos 3 pesajes.

Las bases de datos y los archivos de pedigrí se crearon con un programa escrito en lenguaje C#<sup>(13)</sup> y el Sistema de Análisis Estadístico (SAS)<sup>(14)</sup>.

### **2.3 Clima, nutrición, y manejo**

Los datos provinieron de 155 hatos ubicados en 22 estados de la República Mexicana: Aguascalientes, Baja California, Coahuila, Chiapas, Chihuahua, Durango, Guerrero, Guanajuato, Hidalgo, Edo. de México, Jalisco, Michoacán, Morelos, Nayarit, Oaxaca, Puebla, Querétaro, San Luis Potosí, Sinaloa, Tlaxcala, Veracruz y Zacatecas y representan el 14 % de la producción nacional<sup>(12)</sup>.

De los 22 estados representados, 2 se clasificaron con clima seco desértico, 6 con clima seco estepario, 4 con cálido húmedo, 2 con cálido semi-húmedo y 8 con templado semi-húmedo. El clima seco desértico se caracteriza por una oscilación térmica entre los 0°C y los 40°C, y una precipitación menor a los 400mm por año en verano. El clima seco estepario tiene una temperatura media anual de 18°C con una amplitud térmica de 10 °C, y presentan una precipitación anual menor a los 750 mm en verano. En el clima cálido húmedo la temperatura media anual es de 18°C a 21°C, con precipitaciones de 750 a 1500 mm anuales en todo el año. En tanto que el clima cálido semi-húmedo tiene las mismas características que el cálido húmedo pero las lluvias se tienen sólo en verano. El clima templado semi-húmedo mantiene un promedio de temperatura de 12 °C a 18 °C y precipitaciones anuales de 600 a 1500 mm en verano<sup>(15)</sup>. Para representar los efectos de época, se definieron dos estaciones: de diciembre a mayo (estación 1), y de junio a noviembre (estación 2). Se creó un efecto combinando los factores hatos-año-estación de parto.

Los sistemas de manejo y alimentación son muy variados y en general de tipo intensivo. La alimentación se basa en su mayoría en forrajes de corte y acarreo, silo, heno y concentrados con suplementación de minerales. Los principales cultivos forrajeros utilizados son alfalfa (*Medicago sativa*), maíz (*Zea mays*), sorgo forrajero (*Sorghum*

*vulgare*), avena (*Avena sativa*) y raigrás (*Lolium spp.*), trébol blanco (*Trifolium repens*), pasto Kikuyo (*Pennisetum clandestinum*) y pastos nativos. La producción de forraje y el manejo animal son mecanizados. Se utilizan sistemas como el de Ración Mezclada Total (RMT) y se aprovechan productos locales de residuos de cultivos y sub-productos industriales<sup>(16, 17)</sup>.

## 2.4 Estimación de componentes de varianza

Se estimaron componentes de varianza genéticos aditivos, ambientales permanentes y residuales con el método de Máxima Verosimilitud Restringida<sup>(18)</sup> utilizando un algoritmo de información promedio<sup>(19)</sup>. Se usó el programa ASREML para realizar los cálculos<sup>(14, 18, 20)</sup>. El criterio de convergencia se alcanzó cuando el valor del logaritmo de máxima verosimilitud cambió menos de 0.0002 en 3 iteraciones sucesivas<sup>(20)</sup>. Los efectos fijos y aleatorios incluidos en los modelos se presentan en el Cuadro 1.

El modelo mixto utilizado para la producción de leche total a la primera lactancia (PL1) y para la producción de leche estandarizada a 305 días y a equivalente maduro de la primera lactancia (PL1std), fue<sup>(21, 22)</sup>:

$$y = Xb + Zu + e$$

$$\begin{bmatrix} y \\ u \\ e \end{bmatrix} \sim MVN \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZGZ' + R & 0 & 0 \\ 0 & G & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix} \right\}$$

donde:

$y$  = vector de observaciones de PL1 y PL1std de las vacas;  $b$  = vector de hatos-año-estación de parto (único efecto fijo en PL1std), tipo de ordeña (2x o 3x), así como las covariables edad y días en lactancia en sus formas lineal y cuadrática;  $u$  = vector de los efectos aleatorios genéticos aditivos animales;  $e$  = vector de efectos aleatorios residuales;  $X$  = matriz de incidencia que relaciona los registros con los elementos de  $b$ ;  $Z$  = matriz de incidencia que relaciona los registros con los elementos de  $u$ ;  $G = A\sigma_a^2$ , donde  $A$  = es la matriz de relaciones aditivas y  $\sigma_a^2$  = varianza genética aditiva; y  $R = I\sigma_e^2$ , donde  $I$  es una matriz identidad y  $\sigma_e^2$  = varianza residual.

El modelo mixto para la producción de leche total de las cinco primeras lactancias (PL5) y para la producción de leche estandarizada a 305 días y a equivalente maduro de las cinco primeras lactancias (P5Lstd), fue<sup>(21, 22)</sup>:



$$y = Xb + Zu + Wp + e$$

$$\begin{bmatrix} y \\ u \\ p \\ e \end{bmatrix} \sim MVN \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZAZ'\sigma_a^2 + WPW' + R & 0 & 0 & 0 \\ 0 & G & 0 & 0 \\ 0 & 0 & P & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \right\}$$

donde:

$y$  = vector de observaciones de PL5 y PL5std de las vacas;  $b$  = vector de hatos-año-estación de parto (único efecto fijo en PL5std), tipo de ordeña (2x o 3x), número de lactancia, así como las covariables edad y días en lactancia en sus formas lineal y cuadrática;  $u$  = vector de los efectos aleatorios genéticos aditivos animales;  $p$  = vector de efectos aleatorios de ambiente permanente;  $e$  = vector de efectos aleatorios residuales;  $X$  = matriz de incidencia que relaciona los registros con los elementos de  $b$ ;  $Z$  = matriz de incidencia que relaciona los registros con los elementos de  $u$ ;  $W$  = matriz de incidencia que relaciona los registros con los elementos de  $p$ ;  $G = A\sigma_a^2$ , donde  $A$  = matriz de relaciones aditivas y  $\sigma_a^2$  = varianza aditiva;  $P = I\sigma_{pe}^2$ , donde  $I$  es una matriz identidad y  $\sigma_{pe}^2$  es la varianza del ambiente permanente; y  $R = I\sigma_e^2$ , donde  $I$  es una matriz identidad y  $\sigma_e^2$  = varianza residual.

## 2.5 Estimación de heredabilidades y repetibilidades

Se estimaron heredabilidades para la producción de leche total y estandarizada a la primera lactancia (PL1, PL1std) en las poblaciones AHM, BNIL y PNMG utilizando estimaciones REML de componentes de varianza con los modelos para PL1 y PL1std. Similarmente, se estimaron heredabilidades y repetibilidades para las cinco primeras lactancias (PL5, PL5std) en las tres poblaciones utilizando estimaciones REML de componentes de varianza con los modelos para PL5 y PL5std.

## 2.6 Precisión y ordenamiento de sementales en común en AHM, BNIL, y PNMG

Los valores genéticos de los animales se predijeron usando el método del Mejor Predictor Lineal Insesgado usando el programa ASREML<sup>(18, 20)</sup>. La precisión de los valores genéticos predichos se definió como la correlación entre la predicción del valor genético de un animal y su valor genético verdadero. La precisión del valor predicho del animal  $i$  se calculó como:  $precisión_i = \sqrt{\frac{\sigma_u^2 - Var(\hat{u} - u)}{\sigma_u^2}}$ . Posteriormente, se calcularon los promedios y desviaciones estándar de las precisiones para cada grupo de datos.

Se seleccionaron los sementales en común entre la AHM y el BNIL y se calcularon los promedios y desviaciones estándar de las precisiones en la AHM, el BNIL, y el PNMG. Se ordenaron los valores genéticos dentro de cada grupo de datos (AHM, BNIL, y PNMG) con el comando *PROC RANK* de SAS<sup>(14)</sup>. Se calculó la correlación de rangos de Spearman de los valores genéticos con el comando *PROC CORR SPEARMAN* de SAS para: 1) todos los sementales en común (AHM, BNIL, y PNMG), y 2) después para el 10 % superior dentro de la población AHM (AHM vs BNIL), BNIL (BNIL vs AHM), y PNMG (PNMG vs AHM y PNMG vs BNIL) considerando que es este el grupo de sementales que los productores emplean para elegir los sementales a utilizar en sus explotaciones.

### **3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

#### **3.1 Descripción de datos**

Los promedios y desviaciones estándar para las variables analizadas se muestran en el Cuadro 2. Las producciones estandarizadas tuvieron promedios mayores a las producciones totales acumuladas, lo que era esperado por que las producciones totales incluyeron lactaciones de menos de 305 días y al ser la edad promedio inferior a los 3 partos los factores de ajuste tendieron a incrementar la producción al estandarizarla. Para la variable producción total los promedios fueron mayores para la AHM en todas las lactancias, seguido del PNMG y después por el BNIL, alcanzando la mayor producción al tercer parto en las tres bases de datos. Para la producción estandarizada los promedios fueron mayores para el BNIL seguido del PNMG y después por la AHM, excepto en la primera lactancia en donde la AHM tuvo su mayor producción estandarizada, mientras que el BNIL y el PNMG mostraron su mayor producción al segundo parto. El que las mayores producciones estandarizadas en la AHM sean las de vacas de primera lactancia refleja el énfasis que los ganaderos de la Asociación han puesto sobre el mejoramiento de la característica, lo que no se observa en el BNIL.

#### **3.2 Varianzas**

En el Cuadro 3 se muestran las varianzas genéticas aditivas, de ambiente permanente, residuales y fenotípicas para cada uno de los modelos usados. Para PL1 y PL1std la varianza aditiva fue mayor para el BNIL respecto a la AHM y el PNMG. Mientras que para PL5 y PL5std la AHM tuvo una varianza aditiva mayor respecto al BNIL y el

PNMG. Esto se puede deber a una mayor variabilidad al elegir los sementales que se están utilizando en la primera lactancia por parte del BNIL respecto a la AHM. Sin embargo, en el PNMG las varianzas aditivas disminuyeron y las heredabilidades fueron similares a la AHM debido a que la varianza fenotípica también disminuyó, por lo que la información que aporta la base de la AHM tiene una influencia alta en las evaluaciones y estimación de componentes genéticos<sup>(23)</sup> al aportar una mayor cantidad de información genealógica de los sementales. Por otro lado, la varianza del ambiente permanente en el BNIL fue nula al igual que en la AHM para la producción estandarizada, en coincidencia con los resultados de Montaldo y Torres (1993). Sin embargo, en la PL5 de la AHM y en la PL5 y PL5std del PN la varianzas de ambiente permanente fueron representativas, similares a las estimadas por Valencia *et al.* (2004), lo que puede sugerir la necesidad de revisar los factores de ajuste de las lactancias posteriores a la primera.

### **3.3 Heredabilidades y repetibilidades**

Las heredabilidades estimadas se muestran en el Cuadro 4. Estas fueron de moderadas a bajas tanto para la lactancia a primer parto como para las lactancias de los primeros 5 partos. Para la PL1 la base de datos de AHM tuvo un valor de  $0.17 \pm 0.015$  similar al valor del PNMG que fue de  $0.17 \pm 0.009$ , mientras que el valor más alto fue para el BNIL con una heredabilidad de  $0.49 \pm 0.019$ . La PL1std mostró heredabilidades para la AHM de  $0.22 \pm 0.017$ , para el PNMG un valor intermedio de  $0.26 \pm 0.012$  y para el BNIL el valor más alto con  $0.35 \pm 0.017$ . Las heredabilidades estimadas en este trabajo para PL1 de la AHM y el PNMG fueron similares a la obtenida por Montaldo *et al.* (2010) de  $0.17 \pm 0.02$  y mayores a la reportada por Valencia *et al.* (2008) de  $0.13 \pm 0.03$  para ganado Holstein en México mientras que la heredabilidad para PL1 de la BNIL se encuentra en el rango reportado por Mark (2004) de 0.19 a 0.59 y la reportada en otros países para ganado lechero<sup>(4, 27, 28, 29)</sup>. Las heredabilidades para la PL1std de la AHM y del PNMG son cercanas a la reportada por Valencia *et al.* (2004) de  $0.25 \pm 0.01$  y menores a las estimadas por López *et al.* (2009) de  $0.29 \pm 0.14$ , mientras que la heredabilidad del PL1std del BNIL fue mayor a las reportadas por los mismos autores, aun cuando se encuentra dentro del rango de heredabilidades reportadas por Mark (2004). Las diferencias entre las heredabilidades estimadas para PL1std en los tres conjuntos de datos de este estudio se deben probablemente al diferente número de observaciones y a diferencias ambientales entre los hatos representados en ellos.

En cuanto a la heredabilidad de PL5 el valor mas bajo fue para el PNMG de  $0.16 \pm 0.006$ , seguido de la AHM con  $0.18 \pm 0.010$  y el valor máximo lo tuvo el BNIL con  $0.35 \pm 0.003$ . En la PL5std el PNMG obtuvo el valor mas bajo con  $0.33 \pm 0.008$  después el BNIL con  $0.40 \pm 0.002$  y con un valor similar la AHM con  $0.41 \pm 0.004$ . El valor de heredabilidad más bajo en el PNMG puede ser explicado por una variabilidad genética aditiva menor y una varianza fenotípica similar a las de la AHM y el BNIL, probablemente por la diferencia en cantidad y calidad de la información genealógica entre las bases de datos. La heredabilidad estimada para PL5 en el PNMG y la AHM fue similar a la estimada por Vargas *et al.* (2008) de  $0.18 \pm 0.021$  y a la estimada por López *et al.* (2009) de  $0.15 \pm 0.05$  usando modelos de repetibilidad, mientras que la heredabilidad de PL5 en el BNIL fue superior a estos valores. Las heredabilidades de PL5std de la AHM, del BNIL y del PNMG fueron mayores a las reportada en análisis de lactancias múltiples ajustadas a edad adulta por Palacios *et al.* (2001) de  $0.26 \pm 0.09$  en una población Holstein del norte de México. Por otro lado, las heredabilidades de PL5std para los tres conjuntos de datos estuvieron dentro del rango de valores ( $0.14 \pm 0.03$  a  $0.42 \pm 0.05$ ) reportado por Valencia *et al.* (2004) para diferentes regiones geográficas de México.

Para las repetibilidades de las primeras cinco lactancias sin estandarizar (PL5), el PNMG tuvo el valor más bajo con  $0.32 \pm 0.002$ , seguido por el BNIL con  $0.35 \pm 0.003$  y el valor más alto lo tuvo la AHM con  $0.36 \pm 0.004$ . En tanto que para la PL5std el valor más bajo de repetibilidad se observó en el PNMG con un valor de  $0.39 \pm 0.002$ , después estuvo el BNIL con  $0.40 \pm 0.002$  y el valor máximo fue para la AHM con  $0.41 \pm 0.004$ . La repetibilidad del PNMG para PL5 fue similar al que estimaron López *et al.* (2009) de  $0.32 \pm 0.03$ . Los valores de PL5std de las tres bases de datos y de PL5 de la AHM están dentro de rango de valores de repetibilidad que estimó Valencia *et al.* (2004) de 0.36 a 0.51.

### **3.4 Precisión de las evaluaciones de los sementales en común en la AHM, el BNIL, y el PNMG**

Las medias, desviaciones estándares, valores mínimos y máximos de las precisiones de las evaluaciones de los toros en común de las tres bases de datos se presentan en el Cuadro 5. Los promedios de las precisiones del PNMG fueron superiores a los del BNIL y a los de la AHM. Asimismo, los promedios de las precisiones del BNIL

fueron mayores que los de la AHM. La media más alta se estimó para el PNMG en PL5std con 0.86, mientras que la media más baja fue para la AHM en PL1 con 0.64.

La integración de la información del BNIL y de la AHM en el PNMG incrementó el promedio de las precisiones de las predicciones del valor genético de los sementales representados en las tres poblaciones probablemente debido a un aumento del número de registros y de relaciones de parentesco por semental.

### **3.5 Correlación entre los rangos de los sementales en común en la población AHM, el BNIL y el PNMG**

Los coeficientes de correlación por rangos de Spearman con sus respectivos niveles de significancia se muestran en el Cuadro 6. Cuando se tomaron en cuenta todos los sementales en común para la AHM y el BNIL ( $n = 601$ ), todas las correlaciones estimadas fueron positivas ( $P < 0.0001$ ). La correlación más alta (0.84) se estimó para el PL1 entre la AHM y el PNMG, y la más baja (0.29) entre la AHM y el BNIL.

Cuando se seleccionó al 10 % superior tanto de la AHM como en el BNIL las correlaciones no fueron significativas. Cuando se seleccionó al 10 % superior en el PNMG, las correlaciones entre los valores predichos los toros en común en el PNMG y en la AHM fueron positivas y significativas para todos los caracteres ( $P < 0.0001$ ), excepto para PL1std ( $P = 0.0692$ ). En cambio, las correlaciones entre los valores predichos del 10 % superior de los toros en el PNMG y en el BNIL fueron significativas para todos los caracteres ( $P < 0.0001$ ), excepto para PL5 ( $P = 0.2028$ ). La correlación más alta fue aquella entre el 10 % superior del PNMG y de la AHM con 0.6649 ( $P < 0.0001$ ), y la correlación mas baja se estimó para el 10 % superior del PNMG vs BNIL con 0.2705 ( $P = 0.0366$ ). Los valores relativamente bajos de las correlaciones entre los toros en común en la AHM y el BNIL sugieren niveles de producción diferentes de la progenie de estos sementales en estas dos poblaciones o la posibilidad de que la validez de la información del BNIL no sea la adecuada para incluirla en las evaluaciones genéticas y resalta la necesidad de verificar la consistencia de la información del BNIL antes de integrar las bases de datos para obtener resultados mas confiables corrigiendo cuando sea necesario por la heterogeneidad de varianzas observada en este estudio. Esto podría ser un indicador de la existencia de interacción genotipo ambiente debido a diferencias en condiciones ambientales (clima, nutrición, manejo) en hatos de la AHM y del BNIL.

#### **4. CONCLUSIONES**

Las heredabilidades y repetibilidades estimadas fueron similares a las reportadas anteriormente para la población de ganado Holstein en México, en las que se contó con un número menor de registros. La inclusión del BNIL y de la AHM en el Programa Nacional de Mejoramiento Genético mejoró la precisión de los valores genéticos de los sementales para producción de leche, alterando de manera importante las predicciones de los valores genéticos de los sementales evaluados y permitió la predicción de los valores genéticos de un mayor número de sementales con progenie en México.

#### **AGRADECIMIENTOS**

Se agradece al Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios, a la Coordinación General de Ganadería - SAGARPA y a la Asociación Holstein de México, el apoyo en la realización de este proyecto al facilitar las bases de datos. Así como al CONACyT por otorgar una beca de maestría al primer autor de este estudio.

## **Estimation of genetic parameters for milk production in Holstein cattle populations in Mexico under two methods of recording system.**

### **ABSTRACT**

Variance components and genetic parameters were estimated for total milk production at first lactation (PL1), milk yield adjusted to 305 days and mature equivalent milk yield at the first lactation (PL1std), total milk production of the first five lactations (PL5) and milk yield adjusted to 305 days and mature equivalent milk yield of the first 5 lactations (PL5std). Databases of the Mexican Holstein Association (AHM, n = 43,668) and of the National Bank of Dairy Information (BNIL, n = 120,217) were used. Variance components were estimated by REML, using a simple animal model for PL1 and PL1std and a repeatability animal model for PL5 and PL5std. Heritability estimates ranged from low to moderate for the first lactation ( $0.17 \pm 0.009$  to  $0.49 \pm 0.019$ ) and for the first five lactations ( $0.16 \pm 0.006$  to  $0.41 \pm 0.004$ ). The repeatabilities for PL5 and PL5std ranged from  $0.32 \pm 0.002$  to  $0.41 \pm 0.004$ . The inclusion of information of the BNIL on the national evaluations made possible the incorporation of production data that had not been taken into consideration before. This inclusion not only improved the accuracy of sire breeding values for milk production, but also allowed the prediction of breeding values of more foreign and domestic animals with progeny in Mexico.

Key words: Heritability, repeatability, Holstein, milk yield.

## REFERENCIAS

1. Hofer A. Variance component estimation in animal breeding: a review. *J Anim Breed Genet.* 1998; 115:247- 265.
2. Hansen LB. Consequences of Selection for Milk yield from a geneticist's viewpoint. *J Dairy Sci.* 2000; 83:1145-1150.
3. Mourits MCM, Huirne RBM, Dijkhuizen AA, Kristenses AR, Galligan DT. Economic optimization of dairy heifer management decisions. *Agric Sys.* 1999; 61:17-31.
4. Mark T. Applied genetic evaluations for production and functional traits in dairy cattle. *J Dairy Sci.* 2004; 87: 2641-2652.
5. VanRaden PM. Invited review: Selection on merit to improve lifetime profit. *J Dairy Sci.* 2004; 87: 3125-3131.
6. Valencia PM, Montaldo VH, Ruiz LF. Parámetros genéticos para características de conformación, habilidad de permanencia y producción de leche en ganado Holstein en México. *Téc Pecu Méx.* 2008; 46 (3):235-248.
7. Abubakar BY, McDowell RE, Van Vleck LD. Interaction of genotype and environment for breeding efficiency and milk production of Holsteins in México and Colombia. *Trop Agric (Trinidad).* 1987; 64: 17-22.
8. Sosa FC. Estimación de Índice de herencia y constancia para producción de leche y tipo en un hato Holstein del noroeste de México (Tesis de licenciatura). México (DF) México: Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. UNAM, 1980.
9. López OR, Castillo JH, Montaldo VH. Covarianzas genéticas y fenotípicas para días abiertos y características de la curva de lactancia en vacas Holstein en el norte de México. *Vet Méx.* 2009; 40 (4): 343-356.
10. Carvajal HM, Valencia HE, Segura CJ. Duración de la lactancia y producción de leche de vacas Holstein en el estado de Yucatán, México. *Rev Biomed.* 2002; 13: 25-31.
11. Montaldo VH, Torres NS. Repetibilidad de la producción de leche e intervalo entre partos en una población de vacas Holstein en México. *Arch. Zootec.* 1993; 42: 361-366.
12. Asociación Holstein de México. Resumen ejecutivo, Programa Nacional de Mejoramiento Genético de Bovinos Productores de Leche. SAGARPA, CONARGEN, Santiago de Querétaro, México 2010.



13. Microsoft. C# Programming Guide, Visual C#, MSDN. Microsoft Corp. USA. 2012.
14. SAS. Institute, Inc. SAS/STAT Users Guide, version 9.2 ed. Cary, North Carolina, USA: SAS Institute Inc., 1997.
15. García E. Modificaciones al sistema de clasificación climática de Köpen para adaptarlo a las condiciones de la República Mexicana. Instituto de Geografía. UNAM. México DF, 2004.
16. Améndola R. Castillo E. Arturo P. Perfiles por país del recurso pastura / forraje. FAO. 2005.
17. Améndola RD. A dairy system based on forages and grazing in temperate Mexico. PhD thesis. Wageningen University. Netherlands. 2002. 269 pp.
18. Harville DA. Maximum likelihood approaches to variance component estimation and to related problems. J Am Stat Assoc. 1977; 72:320–340.
19. Gilmour AR, Thompson R, Cullis RR. AIREML an efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models. Biometrics, 1995; 51:1440-1450.
20. Gilmour AR, Gogel, BJ, Cullis, BR, Thompson, R. ASReml User Guide Release 3.0 VSN International LTD, Harpenden AL5 2JQ, UK, 2009.
21. Henderson CR. Application for linear models in animal breeding. Canada, University of Guelph, 1984.
22. Mrode RA, Thompson R. Linear models for the prediction of animal breeding values. Second Edition, CABI Publishing, USA, 2005.
23. Everett R, Keown. Mixed model sire evaluation with dairy cattle-experience and genetic gain, J Anim Sci. 1984; 59(2): 529-541.
24. Montaldo VH, Torres NS, Repetibilidad de la producción de leche e intervalo entre partos en una población de vacas Holstein en México. Nota Breve, Arch. Zootec. 1993; 42:361-366.
25. Valencia PM, Ruiz LF, Montaldo VH, Genetic and environmental variance components for milk yield across regions, time periods and herd levels for Holstein cattle in México. Revista científica, FCV-LUZ. 2004; 14 (5):404-411.
26. Montaldo HH, Castillo JH, Valencia PM, Cienfuegos RE, Ruiz LF. Genetic and enviromental parameters for milk production, udder health, and fertility traits in Mexican Holstein cows. J Dairy Sci. 2010; 93:2168-2175.

27. Oliveira BI, Araújo CJ, Napolis CC, Nogara RP, Braccini NJ, Lunardini CL. Genetic parameters for production traits in primarous Holstein cows estimated by random regression models. *R Bras Zootec.* 2011; 40(1): 85-94.
28. Ramalho de Freitas MA, Moura DF, Lobo RB, Wilcox CJ. Genetic parameters for Holstein milk production in Brazil. *Rev Brasil Genet.* 1982; 1:147-155.
29. Albuquerque LG, Dimov G, Keown JF, Van Vleck LD. Estimates using an animal model of (Co)variances for yields of milk, fat, and protein for the first Lactation of Holstein cows in California and New York. *J Dairy Sci.* 1995; 78: 1591-1596.
30. Valencia PM, Ruiz LF, Montaldo VH. Estimación de parámetros genéticos para características de longevidad y producción de leche en ganado Holstein en México, *Interciencia.* 2004; 29(1): 52-56.
31. Vargas LB, Gamboa ZG. Estimación de tendencias genéticas e interacción genotipo x ambiente en ganado lechero de Costa Rica. *Téc Pec Méx.* 2008; 46(4): 371-386.
32. Palacios EA, Rodríguez AF, Jiménez CJ, Espinoza VJ, Núñez DR. Evaluación genética de un hato Holstein en Baja California Sur, utilizando un modelo animal con mediciones repetidas. *Agrociencia.* 2001, 35;347-353.

**Cuadro 1.** Efectos fijos y aleatorios incluidos en los modelos para estimar los componentes de varianza de los cuatro caracteres en este estudio.

Modelo	Característica	Efectos
1	Producción de leche total a la 1ª lactancia (PL1)	Fijos: Hato-año-estación, numero de ordeñas (2x o 3x), días en lactación (Lineal y cuadrático) y edad al primer parto (lineal y cuadrático); Aleatorios: animal y residuo
2	Producción de leche estandarizada a 305 días y a equivalente maduro de la 1ª lactancia (P1Lstd)	Fijos: Hato-año-estación ; Aleatorios: animal y residuo
3	Producción de leche total de las 5 primeras lactancias (PL5)	Fijos: Hato-año-estación, numero de ordeñas (2x o 3x), número de lactancia, días en lactación (Lineal y cuadrático) edad al parto (lineal y cuadrático); Aleatorios: animal, ambiente permanente y residuo.
4	Producción de leche estandarizada a 305 días y a equivalente maduro de las 5 primeras lactancias (PL5std)	Fijos: Hato-año-estación; Aleatorios: animal, ambiente permanente y residuo.

**Cuadro 2.** Estadística descriptiva de la producción de leche (K.g.) de las cinco primeras lactancias para las tres bases de datos.<sup>1</sup>

Base de datos	Estadístico	PL1	PL1std	PL2	PL2std	PL3	PL3std	PL4	PL4std	PL5	PL5std
BNIL (n=120,217)	Media	6308	11382	7222	11663	7339	11283	7171	10780	7045	10455
	D.E.	3173	2377	3075	2537	3109	2483	3059	2445	3065	2470
	Mínimo	1500	5000	1500	5000	1500	5000	1500	5000	1500	5000
	Máximo	34040	21000	33040	21000	38900	20890	32020	20420	27190	18910
AHM (n=43,668)	Media	9579	11724	10087	11466	10342	10914	10125	10310	9817	9893
	D.E.	3907	2600	3936	2950	4138	2880	4221	2744	4137	2618
	Mínimo	1500	5000	1500	5000	1500	5000	1500	5000	1500	5000
	Máximo	35720	21000	36550	20990	35360	20830	39360	19900	39520	20180
PNMG (n=163,885)	Media	7179	11473	7967	11612	8129	11186	7977	10652	7826	10297
	D.E.	3680	2443	3550	2652	3658	2598	3660	2538	3623	2442
	Mínimo	1500	5000	1500	5000	1500	5000	1500	5000	1500	5000
	Máximo	35720	21000	36550	21000	38900	20890	39360	20420	39520	20180

<sup>1</sup>BNIL es la base de datos del Banco Nacional de Información Lechera, AHM es la base de datos de la Asociación Holstein de México y PNMG es el programa nacional que junta las bases de BNIL y AHM. PL1, PL2, PL3, PL4 y PL5 son las producciones totales de leche las cinco primeras lactancias, respectivamente. PL1std, PL2std, PL3std, PL4std y PL5std son las producciones de leche estandarizada de las cinco primeras lactancias. D.E. = Desviación estándar.

**Cuadro 3.** Varianza genética aditiva, de ambiente permanente, residual y fenotípica para cada uno de los modelos usados.<sup>1</sup>

Base de datos	Varianza	PL1std	PL1	PL5std	PL5
BNIL (n = 120,217)	Genética Aditiva	1,312,950	763,031	1,709,590	692,852
	Amb. Permanente			0.4969	0.3104
	Residual	2,4304,00	769,404	2,511,420	1,232,220
	Fenotípica	3,743,350	1,532,435	4,221,010	1,925,072
AHM (n = 43,668)	Genética Aditiva	1,040,400	560,153	2,420,520	760,009
	Amb. Permanente			0.9573	693,293
	Residual	3,508,570	2,555,570	3,478,580	2,573,440
	Fenotípica	4,548,970	3,115,723	5,899,101	4,026,742
PNMG (n = 163,885)	Genética Aditiva	1,032,640	338,278	1,556,620	413,620
	Amb. Permanente			242,763	397,018
	Residual	2905,170	1,576,530	2,812,440	1,646,990
	Fenotípica	3,937,810	1,914,808	4,611,823	2,457,628

<sup>1</sup>BNIL es la base de datos del Banco Nacional de Información Lechera, AHM es la base de datos de la Asociación Holstein de México y PNMG es el programa nacional que junta las bases de BNIL y AHM. PL1 y PL5 son las producciones totales de leche de la primera y de las cinco primeras lactancias respectivamente. PL1std y PL5std son las producciones de leche estandarizada de la primera y de las cinco primeras lactancias respectivamente.

**Cuadro 4.** Heredabilidades ( $h^2$ ), repetibilidades ( $t$ ) y errores estándar (EE) para la producción de leche total y estandarizada a la primera y quinta lactancia.<sup>1</sup>

	BNIL (n = 120,217)				AHM (n = 43,668)				PNMG (n = 163,885)			
	$h^2$	EE	$t$	EE	$h^2$	EE	$T$	EE	$h^2$	EE	$T$	EE
PL1	0.497	0.019	-	-	0.179	0.015	-	-	0.176	0.009	-	-
PL1st	0.350	0.017	-	-	0.228	0.017	-	-	0.262	0.012	-	-
PL5	0.359	0.003	0.359	0.003	0.188	0.010	0.360	0.004	0.168	0.006	0.329	0.002
P5Lst	0.405	0.002	0.405	0.002	0.410	0.004	0.410	0.004	0.337	0.008	0.390	0.002

<sup>1</sup>BNIL es la base de datos del Banco Nacional de Información Lechera, AHM es la base de datos de la Asociación Holstein de México y PNMG es el programa nacional que junta las bases de BNIL y AHM. PL1 y PL5 son las producciones totales de leche de la primera y de las cinco primeras lactancias respectivamente. PL1std y PL5std son las producciones de leche estandarizada de la primera y de las cinco primeras lactancias respectivamente.

**Cuadro 5.** Estadística descriptiva de las precisiones de los valores genéticos de los sementales en común en las tres bases de datos.<sup>1</sup>

	Estadístico	BNIL	AHM	PNMG
PL1 n = 601	Media	0.7542	0.6498	0.7780
	D.E.	0.1784	0.2204	0.1686
	Mínimo	0.3306	0.0095	0.2088
	Máximo	0.9969	0.9773	0.9916
PL1std n = 601	Media	0.7482	0.6758	0.8171
	D.E.	0.1918	0.2229	0.1549
	Mínimo	0.2770	0.0001	0.2542
	Máximo	0.9955	0.9821	0.9944
PL5 n = 907	Media	0.7847	0.6980	0.8049
	D.E.	0.1740	0.1969	0.1524
	Mínimo	0.2971	0.1046	0.3154
	Máximo	0.9974	0.9908	0.9945
PL5std n = 907	Media	0.7947	0.7742	0.8634
	D.E.	0.1702	0.1864	0.1288
	Mínimo	0.3149	0.1590	0.4307
	Máximo	0.9978	0.9977	0.9973

<sup>1</sup> BNIL es la base de datos del Banco Nacional de Información Lechera, AHM es la base de datos de la Asociación Holstein de México y PNMG es el programa nacional que junta las bases de BNIL y AHM. PL1 y PL5 son las producciones totales de leche de la primera y de las cinco primeras lactancias respectivamente. PL1std y PL5std son las producciones de leche estandarizada de la primera y de las cinco primeras lactancias respectivamente. D.E. = Desviación estándar.

**Cuadro 6** Coeficientes de correlación de rangos de Spearman y sus respectivos niveles de significancia (*P*) para los valores genéticos de los sementales en común de las tres bases de datos.<sup>1</sup>

n = 601	PL1	PL1std	PL5	PL5std
AHM-BNIL	0.294	0.387	0.371	0.466
<i>P</i>	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001
AHM-PNMG	0.842	0.794	0.770	0.801
<i>P</i>	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001
BNIL-PNMG	0.637	0.758	0.771	0.822
<i>P</i>	<0.0001	<0.0001	<0.0001	<0.0001
n = 60				
10% superior de la AHM vs BNIL	0.029	-0.126	0.007	0.050
<i>P</i>	0.826	0.337	0.957	0.703
10% superior del BNIL vs AHM	0.091	0.175	0.046	0.060
<i>P</i>	0.487	0.182	0.726	0.649
10% superior del PNMG vs AHM	0.624	0.236	0.665	0.406
<i>P</i>	<0.0001	0.069	<0.0001	0.001
10% superior del PNMG vs BNIL	0.271	0.343	0.167	0.289
<i>P</i>	0.037	0.007	0.203	0.025

<sup>1</sup> BNIL es la base de datos del Banco Nacional de Información Lechera, AHM es la base de datos de la Asociación Holstein de México y PNMG es el programa nacional que junta las bases de BNIL y AHM. PL1 y PL5 son las producciones totales de leche de la primera y de las cinco primeras lactancias respectivamente. PL1std y PL5std son las producciones de leche estandarizada de la primera y de las cinco primeras lactancias respectivamente.



## **IV.2 Estimación de tendencias genéticas y fenotípicas para producción de leche en poblaciones de ganado Holstein en México bajo dos modalidades de control de producción**

Hugo O. Toledo Alvarado<sup>a</sup>, Felipe de Jesús Ruiz López<sup>b</sup>, Carlos G. Vázquez Peláez<sup>a</sup>,  
José M. Berruecos Villalobos<sup>a</sup>, Mauricio A. Elzo<sup>c</sup>

<sup>a</sup>Departamento de Genética y Bioestadística, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México. Av. Universidad 3000, Copilco el Alto CP 04510. México DF.

<sup>b</sup>Centro Nacional de Investigación en Fisiología y Mejoramiento Animal. INIFAP-SAGARPA. KM. 1 Carretera a Colón, Col. Ajuchitlán Colón, CP 76280, Ajuchitlán Querétaro.

<sup>c</sup>Department of Animal Sciences, University of Florida , 2250 Shealy Drive, Room 202D , P.O. Box 110910, Gainesville, USA. FL 32611-0910

## RESUMEN

Se utilizaron registros de producción de leche ajustada a 305 días, equivalente maduro y 2 ordeñas de la primera lactancia, del Programa Nacional de Mejoramiento Genético en México PNMG (n = 163,885), que incluye a la Asociación Holstein de México (AHM) (n= 43,668) y al Banco Nacional de Información Lechera (BNIL) (n = 120,217). Se utilizó el método del Mejor Predictor Lineal Insesgado para predecir los valores genéticos (VG) de los animales con un modelo animal (ASREML) que incluyó el grupo hato-año-estación de parto como efecto fijo, y animal y residuo como aleatorios. Se estimaron los promedios de los VG de los sementales ponderados por el número de hijas y no ponderados del PNMG, AHM y BNIL. Asimismo se estimaron los promedios ponderados de los VG de los sementales del PNMG de acuerdo a su país de origen (EUA, Canadá, México y otros). También se estimaron los promedios de VG y Valores Fenotípicos para producción de leche (VF) para las vacas. Los VG y VF promedios de las vacas del PNMG, AHM y BNIL aumentaron entre el 2007 y el 2011. Ganaderos de la AHM seleccionaron sementales con mayores VG que los del BNIL. Sin embargo, ganaderos del BNIL utilizaron sementales con altos VG más frecuentemente. Los sementales extranjeros tuvieron VG superiores a los nacionales y fueron más utilizados por los ganaderos.

**Palabras clave:** Tendencias Genéticas, Tendencias Fenotípicas, Holstein, Producción de Leche.

## 1. INTRODUCCIÓN

Los sistemas especializados producen más del 50 % de la leche en México, siendo la raza Holstein la más usada.<sup>1</sup> Las evaluaciones así como los estudios genéticos que se han realizado para Holstein en México han sido escasos y solamente se han tomado en cuenta a los animales registrados ante la Asociación Holstein de México (AHM).<sup>2</sup> Por lo tanto, se desconoce el progreso genético que han tenido hatos Holstein que no pertenecen a la asociación, pero que contribuyen en gran medida a la producción nacional de leche, como es el caso del Banco Nacional de Información Lechera (BNIL) que actualmente se encuentra dentro del Programa Nacional de Mejoramiento Genético (PNMG) que incluye a la AHM y al BNIL. Resulta importante evaluar los cambios en los valores genéticos estimados de los padres de las vacas Holstein y su utilización en la población a través del tiempo. La base de datos de producción de leche del PNMG presenta una excelente oportunidad para evaluar las tendencias genéticas y fenotípicas de vacas y de toros durante los últimos 5 años.<sup>3</sup> Los objetivos de este trabajo fueron: a) analizar las tendencias genéticas y fenotípicas para la producción de leche en la primera lactancia ajustada a 305 días del ganado registrado en el PNMG que incluyen datos de la AHM y del BNIL; b) analizar las tendencias genéticas ponderadas y no ponderadas de los sementales de la AHM, del BNIL, y del PNMG (AHM y BNIL juntas), con el fin de determinar la relación entre sus valores genéticos predichos y su utilización como padres en cada población; y c) analizar las tendencias genéticas de los sementales ponderadas por el número de hijas en el PNMG de acuerdo a su país de origen.

## **2. MATERIALES Y MÉTODOS**

### **2.1. Animales y datos**

Se utilizaron los registros del PNMG en México, que incluye los registros de la AHM y del BNIL el cual consiste en datos obtenidos por ganaderos no registrados ante la asociación Holstein de México. En total se usaron 163,885 registros del PNMG de vacas en su primera lactancia, hijas de 1694 toros. Para la AHM se emplearon registros de 43,668 vacas hijas de 767 toros, mientras que el BNIL empleó registros de 120,217 vacas hijas de 1528 toros. Los años usados en el presente trabajo fueron de 2007 a 2011 ya que en este periodo es donde se encuentra información del BNIL.

### **2.2. Edición de la información**

Se utilizaron registros de primera lactancia con información de producción de leche ajustada a 305 días, equivalente edad adulta y 2 ordeñas. Se eliminaron registros de vacas con menos de 18 meses de edad al primer parto, animales con razas diferentes a la Holstein o con progenitores de raza diferente a Holstein, registros con producciones menores a 1500 kg de leche (por considerarse lactancias anormales), y registros de animales con menos de 90 días en lactación para asegurar al menos 3 pesajes.

Las bases editadas de datos y el archivo de pedigrí se generaron con un programa en lenguaje C#<sup>4</sup> y el Sistema de Análisis Estadístico (SAS).<sup>5</sup>

### **2.3. Clima, nutrición y manejo**

Los datos correspondieron a unidades de producción de 22 estados de la República Mexicana: Aguascalientes, Baja California Norte, Coahuila, Chiapas, Chihuahua, Durango, Guerrero, Guanajuato, Hidalgo, Edo. de México, Jalisco, Michoacán, Morelos, Nayarit, Oaxaca, Puebla, Querétaro, San Luis Potosí, Sinaloa, Tlaxcala, Veracruz y Zacatecas.<sup>6</sup> Hubo 5 tipos de climas en estos estados. Dos estados tuvieron clima seco desértico, 6 clima seco estepario, 4 cálido húmedo, 2 cálido semi-húmedo y 8 templado semi-húmedo. El clima seco desértico presenta temperaturas entre 0 y 40°C, precipitaciones pluviales (PP) inferiores a los 400mm por año en el verano. El clima seco estepario presenta temperaturas entre 8 y 28 °C, y PP < 750 mm en verano. El

clima cálido húmedo y el semi-húmedo tienen temperaturas entre 18 y 21°C, con PP de 750 - 1500 mm (en el semi-húmedo sólo se presentan en verano). El clima templado semi-húmedo presenta temperaturas de 12 a 18 °C y PP de 600 - 1500 mm en verano.<sup>7</sup>

Se creó un efecto de grupo contemporáneo combinando los factores hato-año-estación de parto. Se definieron 2 estaciones de parto: estación 1 de diciembre a mayo y estación 2 de junio a noviembre.

La alimentación y manejo fueron muy variados. La alimentación se basó en corte y acarreo, uso de silo, heno y concentrados con suplementación de minerales, además se aprovecharon productos locales de residuos de cultivos y sub-productos industriales. Los principales forrajes usados fueron maíz (*Zea mays*), avena (*Avena sativa*), alfalfa (*Medicago sativa*), sorgo forrajero (*Sorghum vulgare*), raigrás (*Lolium spp.*), trébol blanco (*Trifolium repens*), pasto Kikuyu (*Pennisetum clandestinum*) y pastos nativos.<sup>8</sup>

#### 2.4. Estimación de valores genéticos

Se predijeron los valores genéticos de los animales a través del método del Mejor Predictor Lineal Insesgado utilizando varianzas genéticas y ambientales para producción de leche al primer parto estimadas por Toledo et al. (En prensa). Los análisis se efectuaron con el programa ASREML<sup>9,10</sup>. El modelo incluyó grupo contemporáneo (hato-año-estación de parto) como efecto fijo, y animal y residuo como efectos aleatorios. En forma matricial, el modelo mixto fue<sup>11</sup>:

$$y = Xb + Zu + e$$

$$\begin{bmatrix} y \\ u \\ e \end{bmatrix} \sim MVN \left\{ \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} ZGZ' + R & 0 & 0 \\ 0 & G & 0 \\ 0 & 0 & R \end{bmatrix} \right\}$$

donde:

$y$  = vector de observaciones de PL1std de las vacas;  $b$  = vector de hato-año-estación;  $u$  = vector de los efectos aleatorios genéticos aditivos animales;  $e$  = vector de efectos aleatorios residuales;  $X$  = matriz de incidencia que relaciona los registros con los elementos de  $b$ ;  $Z$  = matriz de incidencia que relaciona los registros con los elementos de  $u$ ;  $G = A\sigma_a^2$ , donde  $A$  = es la matriz de relaciones aditivas y  $\sigma_a^2$  = varianza aditiva; y  $R = I\sigma_e^2$ , donde  $I$  es una matriz de identidad y  $\sigma_e^2$  = varianza residual.

## 2.5. Estimación de promedios de valores genéticos.

Se estimaron promedios de valores genéticos (VG) de vacas por año desde el 2007 al 2011. Para los sementales se estimaron promedios ponderados y no ponderados de VG. Los VG ponderados se calcularon utilizando la siguiente expresión de una media ponderada:

$$\bar{X}_{ij} = \frac{\sum_{j=1}^n VG_j N_{ij}}{\sum_{i=1}^n N_{ij}}$$

donde  $\bar{X}_{ij}$  = promedio genético ponderado del semental  $j$  en el año  $i$ ,  $VG_j$  = es el VG del  $j$ -ésimo semental y  $N_{ij}$  = es numero de hijas del toro  $j$  en el año  $i$ . En el caso de las madres de las vacas no se calcularon promedios (ponderados o no ponderados) debido al bajo porcentaje de madres de vacas identificadas en el BNIL (1%).

Los promedios de VG ponderados se estimaron de acuerdo al país de procedencia del semental para el PNMG, clasificándolos en cuatro categorías: Canadá, EUA, México, y otros (Alemania, Australia, Austria, España, Francia, Gran Bretaña, Holanda, Italia, Nueva Zelanda, Republica Checa, y Suecia).

## 2.6. Estimación de promedios de valores fenotípicos.

El valor fenotípico (VF) de las vacas se estimó como:

$$\hat{p}_i = \hat{u}_i + \hat{e}_i$$

donde  $\hat{p}_i$  = es el valor del registro fenotípico de la primera lactancia de la vaca  $i$ ,  $\hat{u}_i$  = es el valor genético aditivo de la vaca  $i$ , y  $\hat{e}_i$  = es el valor del residuo de la primera lactancia de la vaca  $i$ . El error se estimó como:

$$\hat{e}_i = y_i - \widehat{gc}_i$$

donde  $\hat{e}_i$  = es el valor del residuo de la primera lactancia de la vaca  $i$ ,  $y_i$  = es la producción estandarizada a 305 días y equivalente maduro de la primera lactancia de la vaca  $i$ ; y  $\widehat{gc}_i$  = es la estimación del grupo contemporáneo  $i$ . Con estos valores se estimaron los promedios anuales de los valores fenotípicos.

### **3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

#### **3.1. Descripción de datos**

En el Cuadro 1 se presentan la estadística descriptiva general de los valores genéticos aditivos (VG) y fenotípicos (VF) de las vacas, y de los VG de los sementales para producción de leche en la primera lactancia en la población completa (PNMG) y en las dos subpoblaciones (AHM y BNIL).

#### **3.2. Tendencias genéticas**

Los promedios de los VG de producción de leche a primer parto de las vacas en las poblaciones PNMG, AHM, y BNIL se presentan en la Figura 1. En el año 2007 no se graficó los VG del BNIL debido a que en ese año no se tuvo un muestreo representativo de esta población. A partir del año 2008, se observó un comportamiento similar al de la AHM y del PNMG. Los VG de las vacas para producción de leche aumentaron entre 2008 y el 2011 lo cual implica que los ganaderos incrementaron gradualmente la calidad genética de los padres y madres utilizados en sus hatos durante estos años. La AHM mostró VG mayores al BNIL, excepto en el año 2011 donde tuvieron valores promedio de VG similares. Los promedios de VG para el PNMG fueron similares a los del BNIL probablemente debido al mayor número de vacas en esta subpoblación que en la de AHM.

Las tendencias de los VG para producción de leche a 305 días por año para las vacas y los sementales (medias ponderadas y no ponderadas) en la AHM se muestran en la Figura 2. Los VG no ponderados de los toros aumentaron entre el año 2007 y el 2011, sugiriendo que los ganaderos de la AHM utilizaron toros de mejor calidad genética en promedio. Por otra parte, los VG ponderados de los sementales aumentaron hasta el año 2010 y solamente hubo un leve decremento en el 2011. Esto implica que los ganaderos de la AHM utilizaron aquellos toros de mejor calidad genética más frecuentemente durante estos años. Debido a este uso preferencial de toros desde el 2007 al 2011 es que los promedios de VG de las vacas, aunque inferiores, tuvieron esencialmente el mismo patrón a los promedios ponderados de sus padres.

Los promedios anuales de los VG de producción de leche a los 305 días de las vacas y de los sementales (medias ponderadas y no ponderadas) del BNIL se pueden ver en la Figura 3. Los valores de VG de las vacas y de los toros del año 2007 no se mostraron debido a que la muestra de animales del BNIL no fue representativa de esta población. En este gráfico se vió un ligero decremento de los VG no ponderados de los sementales desde el año 2008 al 2011. Sin embargo, los promedios de VG ponderados de los sementales fueron muy similares a través de estos años. Esto sugiere que aunque los ganaderos del BNIL adquirieron material genético de sementales de calidad genética decreciente durante estos años, ellos utilizaron toros de calidad genética superior con mayor frecuencia. Este patrón de utilización de sementales también permitió un aumento quasi-lineal del promedio de VG de sus hijas entre el año 2008 y el 2011.

Los promedios anuales de VG de producción de leche a 305 días de vacas y sementales (medias ponderadas y no ponderadas) para el PNMG se muestran en la Figura 4. Los VG no ponderados de los sementales aumentaron entre el 2007 y el 2011. Por otra parte, los VG ponderados de los sementales aumentaron hasta el 2010 y disminuyeron levemente en el 2011, siguiendo una trayectoria cuadrática. Finalmente las vacas tuvieron un incremento casi lineal durante este tiempo. Estos patrones de cambios de los promedios de VG en el PNMG fueron similares con los de la población AHM que los de la población BNIL, especialmente los promedios de las vacas y los ponderados de los toros.

Los promedios no ponderados de los VG de los sementales por año de parto en el PNMG, la AHM, y el BNIL (Figura 5) muestran que, excepto por el año 2007 (muestreo no representativo en el BNIL), el valor genético promedio de los toros en la AHM fue superior al de los toros en el PNMG y el BNIL. Sin embargo, lo opuesto ocurrió con los promedios ponderados de toros (Figura 6): los promedios ponderados de toros del BNIL fueron superiores a aquellos de la AHM y del PNMG. Esto sugiere que los ganaderos pertenecientes al BNIL hicieron un mayor uso de los toros de mejor calidad que ganaderos de la AHM. Las tendencias genéticas de las medias no ponderadas de los sementales y de las vacas para producción de leche en este trabajo concuerdan con otros estudios realizados en México que han reportado que los VG promedio de los sementales y de las vacas en producción en hatos en México incremento durante el periodo de estos estudios.<sup>2, 12, 13, 14, 15</sup> Esto se debe probablemente a un efecto combinado de inmigración



de material genético (principalmente semen de EUA) y de selección de padres en los programas de mejoramiento genético en México.

Las tendencias genéticas de producción de leche a 305 días por año de parto para los sementales del PNMG de acuerdo a su país de origen se presentan en la Figura 7. Estos promedios ponderados reflejan el grado de utilización de los sementales de las categorías de países definidas aquí. Las medias ponderadas de los VG fueron más altas para los sementales de EUA que para el resto de los países. Estas aumentaron hasta el año 2010 y decrecieron levemente en el año 2011. Este comportamiento fue similar al observado para los promedios de VG ponderados del PNMG que incluyeron VG de los sementales de todos los países (Figura 6). Esto probablemente se debió a que los sementales de EUA representaron el 70 % del total de sementales usados en el PNMG. La categoría Otros (Alemania, Australia, Austria, España, Francia, Gran Bretaña, Holanda, Italia, Nueva Zelanda, Republica Checa, y Suecia) tuvo promedios ponderados de VG inferiores a los de EUA, pero superiores a los de Canadá y de México. Los países incluidos en la categoría otros representaron el 13 % del total. Los promedios ponderados de Otros se incrementaron hasta el año 2009 y después disminuyeron en los años 2010 y 2011 sugiriendo una disminución en el uso de los sementales con altos VG. Los sementales de Canadá constituyeron el 9 % del total. Los promedios ponderados de VG de los sementales de Canadá fueron inferiores a los de EUA y Otros, pero superiores a los de México. Estos promedios ponderados de sementales canadienses tendieron a incrementar linealmente hasta el año 2010 y en el año 2011 disminuyeron ligeramente. Esto indica un uso continuo de sementales canadienses con altos VG. Por último los valores genéticos de los sementales mexicanos aumentaron hasta el año 2009 y disminuyeron en el año 2010 y 2011. Los VG de los sementales mexicanos fueron inferiores a los de EUA, Canadá y Otros y representaron 8 % del total. Los valores superiores de VG probablemente se debieron a que los países como EUA, Canadá y Otros tienen mayor tiempo de selección y poblaciones con registros de producción de leche en ganado Holstein de mayor tamaño. Estos resultados concordaron con una comparación entre valores genéticos de sementales de EUA, Canadá y México<sup>15</sup> utilizando un número menor de registros provenientes de 48 hatos. McDowell *et al.* (1976) encontraron un mayor VG para los sementales de EUA seguidos por los de Canadá y

después por los sementales Mexicanos. Valencia *et al.* (1999) también hallaron que los sementales extranjeros tuvieron VG superiores en promedio a los sementales mexicanos.

### **3.3. Tendencias fenotípicas**

Los promedios anuales de los VF de las vacas producción de leche ajustada de la primera lactancia en el PNMG, la AHM, y el BNIL tuvieron un comportamiento similar a los promedios de los VG (Figura 1) de estas poblaciones. Excepto que los promedios de los VF fueron el doble de los VG de las vacas. Los promedios genéticos (figura 1) y fenotípicos de las vacas de la AHM (ignorando el 2007 debido a la falta de representatividad de la muestra del BNIL) fueron superiores a los del BNIL en los años 2008, 2009, y 2010, y prácticamente iguales en el 2011. Esto indica que la calidad promedio de las madres de las vacas en el BNIL fue aparentemente menor al de las vacas de la AHM. Similarmente, Rosales y Tewolde (1993) estimaron tendencias genéticas y fenotípicas positivas no ponderadas para vacas y sementales en hatos mexicanos (menor número de hatos y de registros que en este estudio) entre los años 1977 y 1983.

## **4. CONCLUSIONES**

El incremento de utilización en sementales con altos valores genéticos por parte de los ganaderos durante los años del estudio ha sido constante. El mayor uso que se le ha dado a los sementales con valores genéticos superiores ha permitido el incremento de los valores genéticos y fenotípicos de las vacas en producción en México. Es importante que los ganaderos del BNIL participen en los programas de evaluaciones genéticas nacionales. Estos programas son fundamentales para continuar aumentando la producción de leche y satisfaciendo las demandas crecientes de productos lácteos en el mercado mexicano. Los sementales extranjeros tuvieron VG superiores a los nacionales y fueron más utilizados por los ganaderos durante los años 2007 a 2011. Si los ganaderos continúan importando cantidades de semen importantes de EUA y otros países, las tendencias genéticas para producción de leche en México probablemente continuarán siendo influenciadas tanto por inmigración de material genético como de selección interna de sementales y de vacas.

## **AGRADECIMIENTOS**

Se agradece al Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios y a la Asociación Holstein de México, por el apoyo en la realización de este proyecto al facilitar las bases de datos. Así como al CONACyT por otorgar una beca de maestría al primer autor de estudio.

## **Estimation of genetic and phenotypic trends for milk production in Holstein cattle populations in Mexico under two modes of production control.**

### **ABSTRACT**

Records of milk production adjusted to 305 days, mature equivalent milk yield of the first lactation and 2 milking were used. Those come from the National Breeding in Mexico PNMG (n = 163.885), which includes records of the Holstein Association of Mexico (AHM) (n = 43.668) and National Bank of Dairy Information (BNIL) (n = 120.217). Best Linear Unbiased Predictor method was used to predict breeding values (VG) of animals. ASREML software was used with an animal model that included herd-year group-season as fixed effect and animal and residue as random effects. Averages of VG per sire were estimated weighted by the number of daughters and unweighted for PNMG, AHM and BNIL. Also, we estimated the weighted average of the sires VG of the PNMG according to their country of origin (USA, Canada, Other, Mexico). We also estimated the average of VG and phenotypic values (VF) for dairy cows. The average of VF and VG for cows PNMG, AHM and BNIL increased between 2007 and 2011. Breeders of the AHM chose sires with greater VG than the BNIL. However, breeders of BNIL used sires with high VG used more frequently. The VG for foreign sires were higher than national sires and were more commonly used by farmers.

Keywords: Genetic Trends, Phenotypic Trends, Holstein, Milk Production

## REFERENCIAS

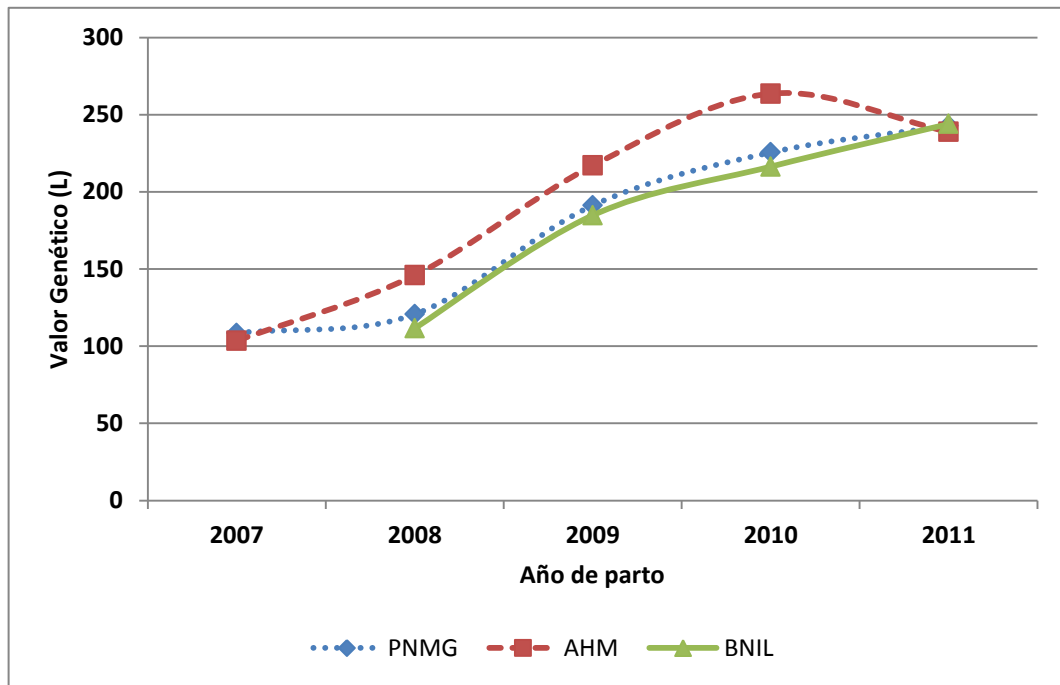
1. Villamar AL, Olivera CE. Situación actual y perspectiva de la producción de leche de bovino en México 2005. Coordinación General de Ganadería. SAGARPA. 2005, México.
2. Rosales AJ, Tewolde MA. Estimación del progreso genético en hatos de bovinos en Holstein mexicanos. Vet. Mex. 1993; (24) 3: 185-188.
3. Toledo AH, Ruiz LF, Vásquez PC, Berruecos VJ, Elzo A. Estimación de parámetros genéticos para producción de leche en poblaciones de ganado Holstein en México bajo dos modalidades de control de producción. Tec Pec Mex. (En prensa)
4. Microsoft. C# Programming Guide, Visual C#, MSDN. Microsoft Corp. USA. 2012.
5. SAS. Institute, Inc. SAS/STAT Users Guide, version 9.2 ed. Cary, North Carolina, USA: SAS Institute Inc., 1997.
6. Asociación Holstein de México. Resumen ejecutivo, Programa Nacional de Mejoramiento Genético de Bovinos Productores de Leche. SAGARPA, CONARGEN, Santiago de Querétaro, México 2010.
7. García E. Modificaciones al sistema de clasificación climática de Köpen para adaptarlo a las condiciones de la República Mexicana. Instituto de Geografía. UNAM. México DF, 2004.
8. Améndola R, Castillo E, Arturo P, Perfiles por país del recurso pastura / forraje. FAO. 2005.
9. Gilmour AR, Thompson R, Cullis RR. AIREML, an efficient algorithm for variance parameter estimation in linear mixed models. Biometrics. 1995; 51:1440-1450.
10. Gilmour AR, Gogel BJ, Cullis BR, Thompson R. ASReml User Guide Release 3.0 VSN International LTD, UK, 2009.
11. Henderson CR. Application for linear models in animal breeding. Canadá, University of Guelph, 1984.
12. Palacios EA, Rodríguez AF, Jiménez CJ, Espinoza VJ, Núñez DR. Evaluación genética de un hato Holstein en baja california sur, utilizando un modelo animal con mediciones repetidas. Ensayo. Agrociencia 2001; 35: 347-353.
13. Valencia PM, Ruíz LF, Montaldo VH, Keown JF, Van Vleck LD. Evaluación genética para la producción de leche en ganado Holstein en México. Tec Pec Méx 1999; 37 (3) 1-8.

14. Powell RL, Wiggans GR. Animal model evaluations for Mexican Holsteins. *J Dairy Sci.* 1991; 74: 1420-1427.
15. McDowell RE, Wiggans GR, Camoens JK, Van Vleck LD, ST.Luis DG. Sire comparisons for Holsteins in Mexico Versus the United States and Canada. *J Dairy Sci.* 1976; 59 (2): 298-304.

**Cuadro 1.** Estadística descriptiva de los valores genéticos (VG) y de valores fenotípicos (VF) para el Programa Nacional de Mejoramiento Genético (PNMG); la Asociación Holstein de México (AHM) y el Banco Nacional de Información Lechera (BNIL).<sup>1</sup>

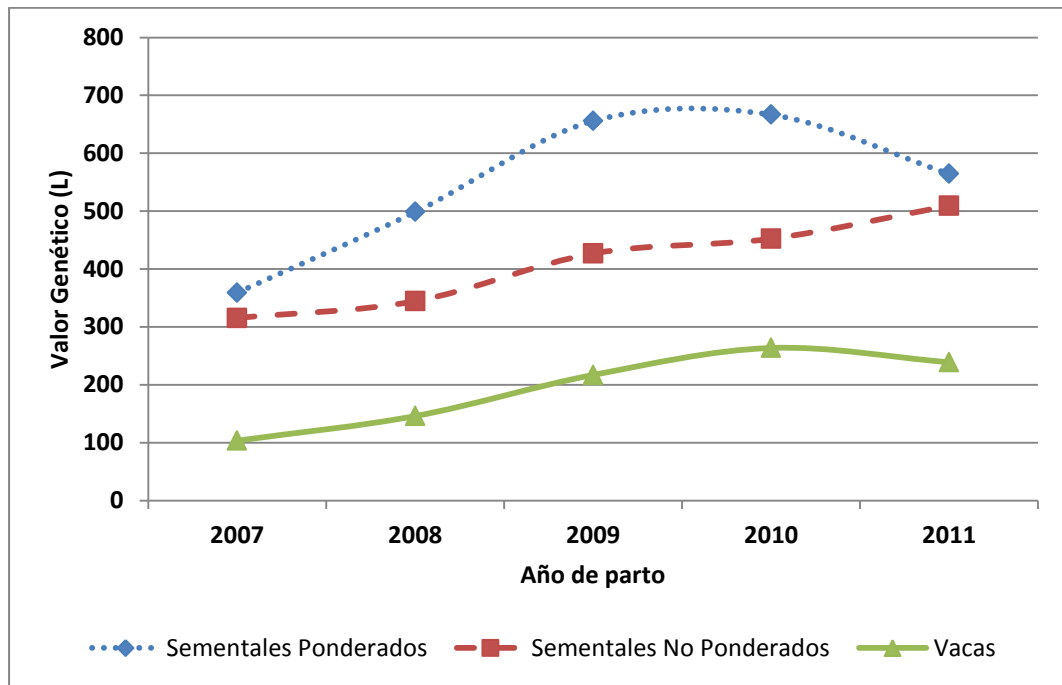
<b>Sementales, VG Ponderados</b>	N	Media	D.E.	Min.	Máx.	E.E.
AHM	21532	553.0	705.2	-3546	2640	4.81
BNIL	57732	750.8	596.2	-1722	2949	2.48
PNMG	79264	697.1	633.8	-3546	2949	2.25
<b>VG No Ponderados</b>						
AHM	2006	401.9	678.2	-3546	2640	15.1
BNIL	2991	396.5	601.4	-1722	2949	11.0
PNMG	4997	398.7	633.3	-3546	2949	8.96
<b>Vacas, VG</b>						
AHM	43668	189.3	613.6	-2846	2695	2.94
BNIL	120217	187.2	543.1	-2344	3357	1.57
PNMG	163885	188.8	562.8	-2846	3357	1.39
<b>Vacas, VF</b>						
AHM	43668	374.8	2671.9	-10922	12025	12.7
BNIL	120217	378.7	2403.7	-10572	14219	6.93
PNMG	163885	377.6	2478.0	-10922	14219	6.12

<sup>1</sup>N = número de observaciones; D.E. = Desviación Estándar; Min. = Mínimo; Máx. = Máximo; E.E.= Error Estándar; Sem. = Sementales; Pond. = Ponderados.

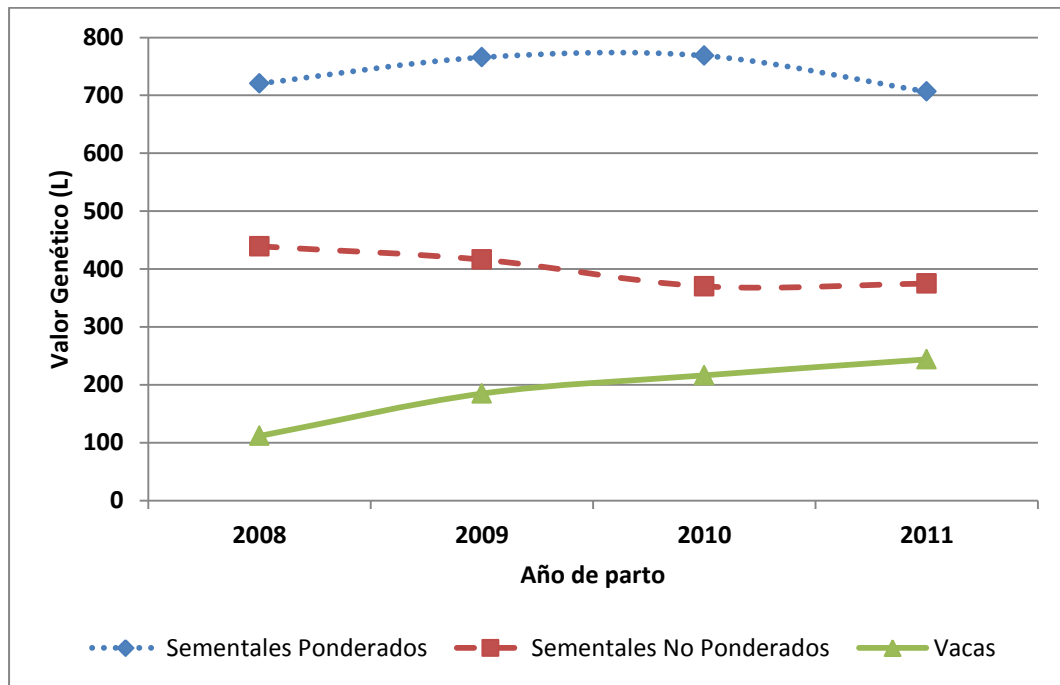


**Figura 1.** Tendencias genéticas de producción de leche a 305 días de las vacas por año de parto, para el Programa Nacional de Mejoramiento Genético (PNMG); la Asociación Holstein de México (AHM) y el Banco Nacional de Información Lechera (BNIL).

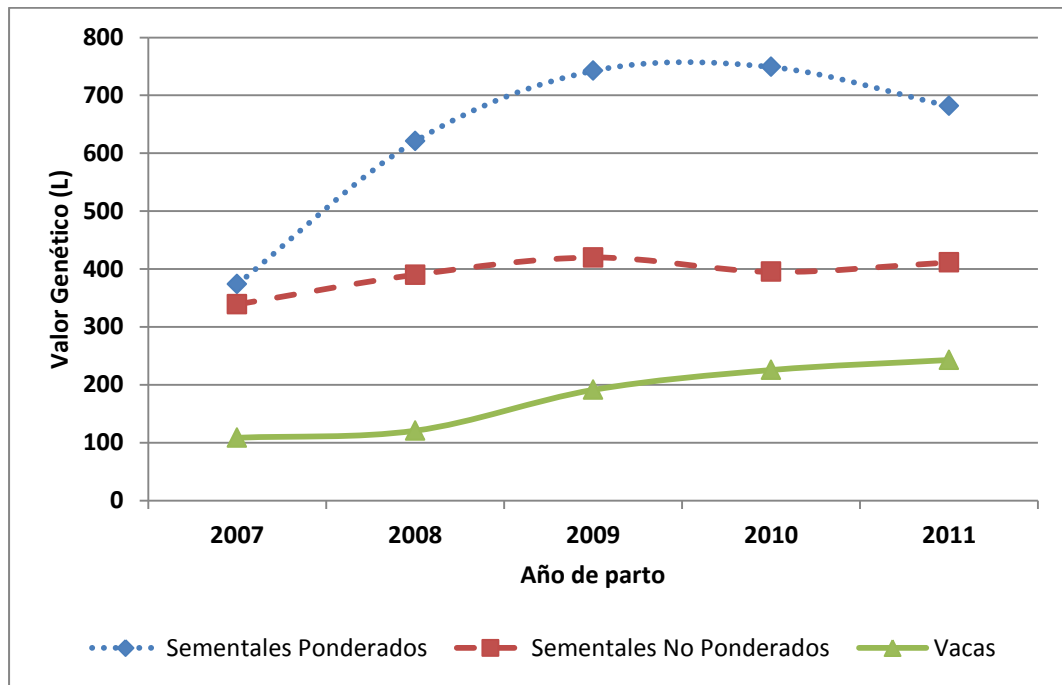




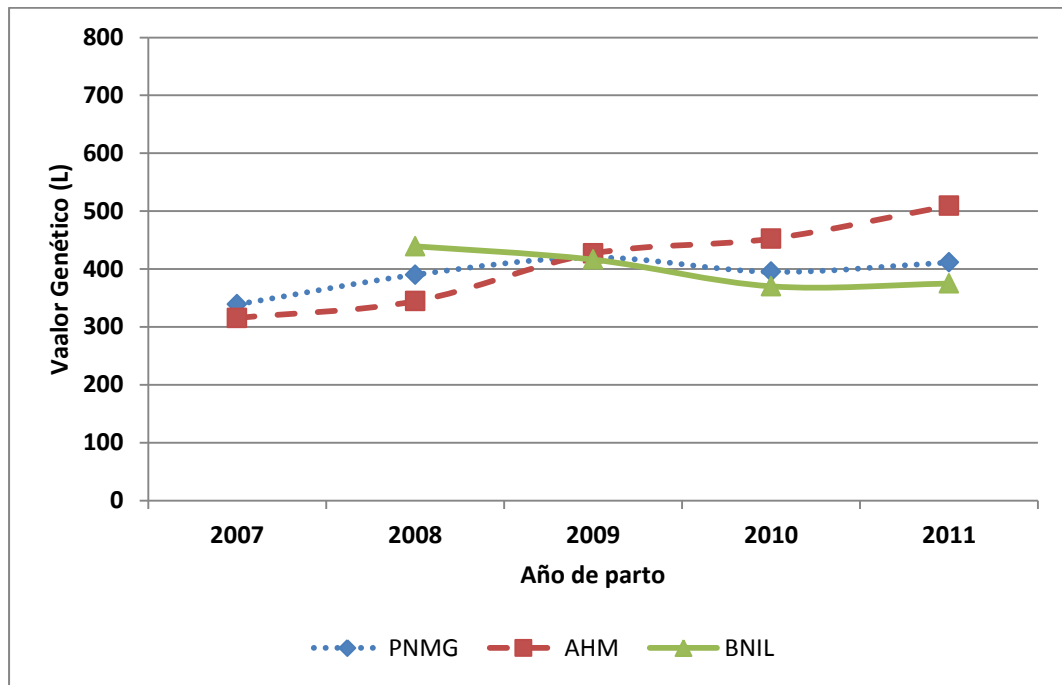
**Figura 2.** Tendencias genéticas de producción de leche a 305 días por año de parto, para las vacas y los sementales (medias ponderadas y no ponderadas) en la Asociación Holstein de México.



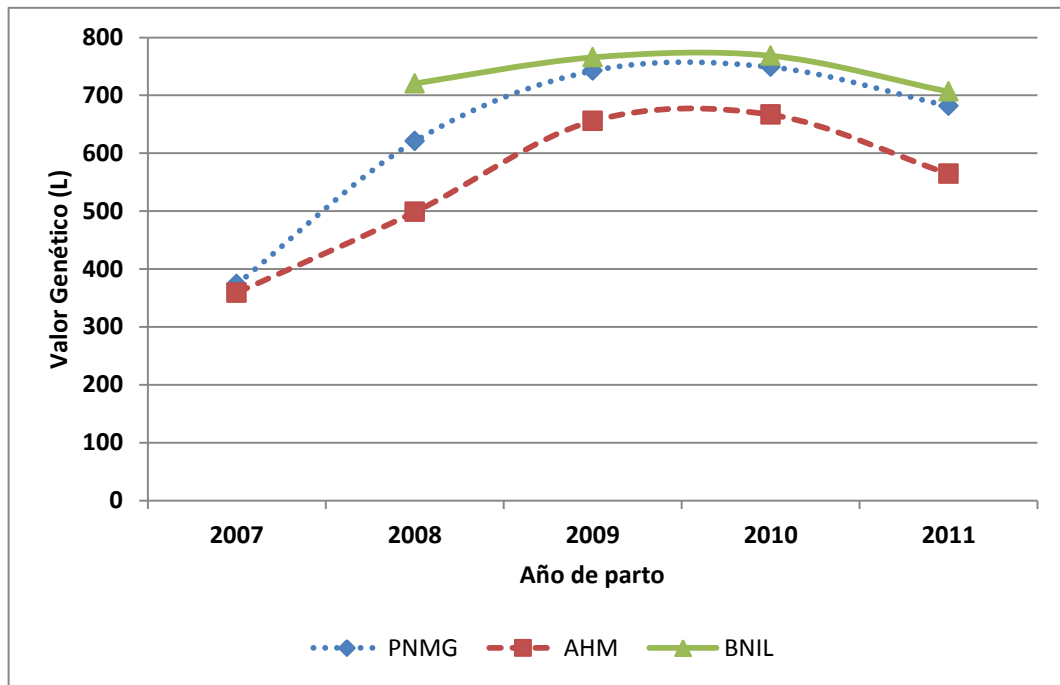
**Figura 3.** Tendencias genéticas de producción de leche a 305 días por año de parto, para las vacas y los sementales (medias ponderadas y no ponderadas) en el Banco Nacional de Información Lechera.



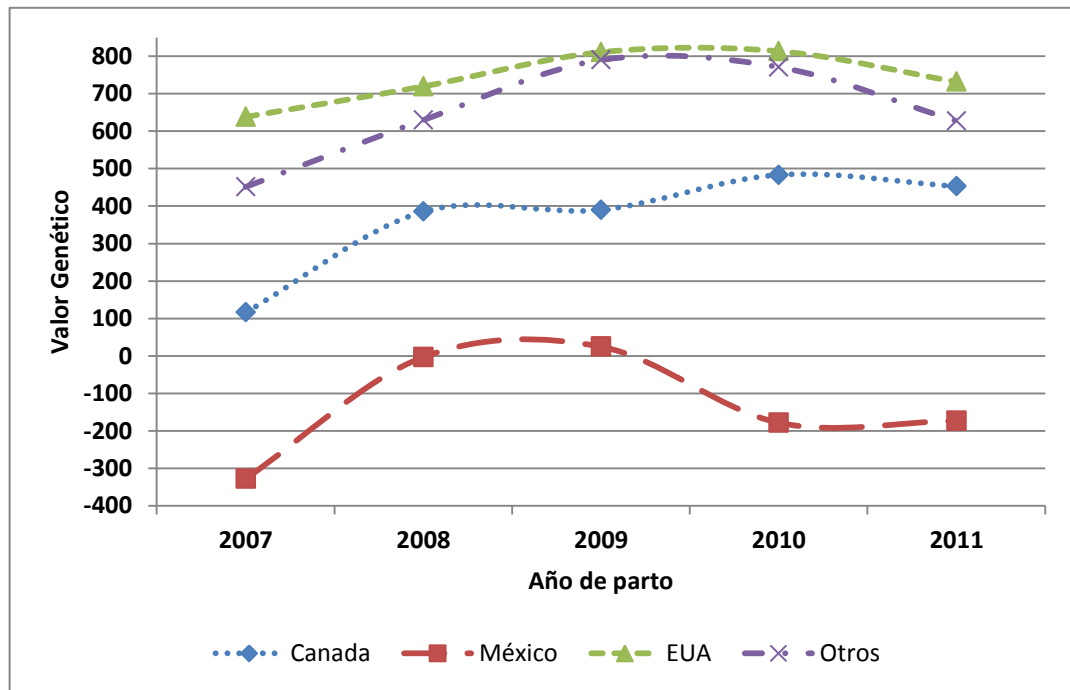
**Figura 4.** Tendencias genéticas de producción de leche a 305 días por año de parto, para las vacas y los sementales (medias ponderadas y no ponderadas) para el Programa Nacional de Mejoramiento Genético.



**Figura 5.** Tendencias genéticas de producción de leche a 305 días de los sementales por año de parto (medias no ponderadas), para el Programa Nacional de Mejoramiento Genético (PNMG); la Asociación Holstein de México (AHM) y el Banco Nacional de Información Lechera (BNIL).



**Figura 6.** Tendencias genéticas de producción de leche a 305 días de los sementales por año de parto (medias ponderadas), para el Programa Nacional de Mejoramiento Genético (PNMG); la Asociación Holstein de México (AHM) y el Banco Nacional de Información Lechera (BNIL).



**Figura 7.** Tendencias genéticas de producción de leche a 305 días de los sementales por año de parto (medias ponderadas), del Programa Nacional de Mejoramiento Genético (PNMG) con origen de Canadá, México, EUA, y Otros (Alemania, Australia, Austria, España, Francia, Gran Bretaña, Holanda, Italia, Nueva Zelandia, Republica Checa, y Suecia).

## **V. CONCLUSIONES GENERALES**

Las estimaciones de los parámetros genéticos fueron similares a las heredabilidades y repetibilidades reportadas anteriormente en México, donde se contó con un número menor de registros. El uso de la base del PNMG que conjunta al BNIL y a la AHM mejoró la precisión de los valores genéticos de los sementales para producción de leche. Cambiando las predicciones de los valores genéticos de los sementales evaluados. Asimismo se realizó la predicción de los valores genéticos de un mayor número de sementales con progenie en México.

Los valores genéticos y fenotípicos de los animales aumentaron durante los años del estudio. La inversión por parte de los ganaderos ha sido enfocada a sementales con altos VG, y se ha incrementó durante los años del estudio constantemente. El mayor uso que se le ha dado a los sementales con VG superiores ha permitido el incremento de los valores genéticos y fenotípicos de las vacas en producción en México. Los sementales de EUA, Canadá y países incluidos en el grupo de Otros, tuvieron VG superiores a los Mexicanos y fueron más utilizados por los ganaderos durante los años analizados en este trabajo. La alta importación de semen de EUA y de otros países provoca que las tendencias genéticas para producción de leche en México esté influenciada por la inmigración de material genético así como de la selección interna de sementales y vacas. Es importante que los ganaderos del BNIL participen en los programas de evaluaciones genéticas nacionales. Estos programas son esenciales para continuar incrementando la producción de leche, lo que ayuda a satisfacer las demandas crecientes de productos lácteos en el mercado mexicano en internacional.

## **VI. REFERENCIAS GENERALES**

1. Danell B. Studies on lactation yield and individual test-day yield of Swedish dairy cows: II. Estimates of genetic and phenotypic parameters. *Acta Agric. Scand.* 1982; 32: 82-92.
2. Espinosa OVE, Rivera HG, García HLA. Los canales y márgenes de comercialización de la leche cruda producida en sistema familiar (estudio de caso). *Vet. Méx.* 2008; 39:1.
3. Falconer DS. *Introducción a la Genética Cuantitativa*. Edit. Continental. México. 1984.
4. FAO. Estadísticas, Producción Leche. FAOSTAT, FAO, México, 2010. Disponible en: <http://www.fao.org/>
5. Fisher RA. On the mathematical foundations of theoretical statistics. *Phil. Trans. Roy. Soc. London, Series A*, 1922; 222: 309-368.
6. Fisher RA. *Statistical methods for research workers*. Oliver and Boyd. Edinburgh. 1925.
7. Gallardo NJL, Villamar AL, Pérez FH, Olivera CE. Situación actual de la producción de leche de bovino en México 2004. Coordinación General de Ganadería, SAGARPA. México, 2004. Disponible en: <http://www.sagarpa.gob.mx/>
8. Gilmour AR, Thompson R, Cullis BR. Average Information REML: An Efficient Algorithm for Variance Parameter Estimation in Linear Mixed Models. *Biometrics*. 1995; 51: 1440-1450.
9. Gilmour AR, Gogel BJ, Cullis BR, Thompson R. *ASReml User Guide Release 3.0* VSN International LTD, UK. 2009.
10. Hartley HO, Rao JN. Maximum-likelihood estimation for the mixed analysis of variance model. *Biometrics*. 1967; 54: 93-108.
11. Henderson CR. Estimation of changes in herd environment. *J Dairy Sci.* 1949; 32: 709 (Abstract).
12. Henderson CR. Estimation of variance and covariance components. *Biometrics*. 1953; 9: 226-252.
13. Hofer A. Variance component estimation in animal breeding: a review. *J Anim Breed Genet* 1998; 115: 247-265.



14. Holstein de México AC. Programa Nacional de Mejoramiento Genético de Bovinos Productores de Leche, Resumen ejecutivo. SAGARPA, CONARGEN. México, 2010.
15. Mark T. Applied genetic evaluations for production and functional traits in dairy cattle. *J Dairy Sci.* 2004; 87: 2641-2652.
16. Montemayor PS. Historia de la Ganadería en México. Tomo 1. UNAM, México. 1984; 325 pp.
17. Mrode RA. Linear models for the prediction of animal breeding values. CABI Publishing. USA. 2005.
18. Patterson HD, Thompson R. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika.* 1971; 58: 545-554.
19. Powell RL, Wiggans GR, Animal Model Evaluations for Mexican Holsteins. *J Dairy Sci.* 1991; 74: 1420-1427.
20. SAGARPA. Estimación de la disponibilidad per cápita de huevo, miel de abeja y leche de bovino. Coordinación General de Ganadería, SAGARPA. México, 2006. Disponible en: <http://www.sagarpa.gob.mx/>
21. SAGARPA. Programa Nacional Pecuario 2007-2012. Coordinación General de Ganadería, SAGARPA. México, 2007. Disponible en: <http://www.sagarpa.gob.mx/>
22. SFA. Perspectivas de largo plazo para el sector agropecuario de México, 2011-2020. SAGARPA, Subsecretaría de Fomento a los Agronegocios. 2010. Disponible en: <http://www.sagarpa.gob.mx/>
23. Valencia PM, Ruiz LF, Montaldo VH, Keown FJ, Van Vleck DL. Evaluación Genética para la Producción de Leche en Ganado Holstein en México. *Téc Pec Mex.* 1999; 37(3):1-8.
24. Villamar AL, Olivera CE. Situación actual y perspectiva de la producción de leche de bovino en México 2005. Coordinación General de Ganadería. SAGARPA. México, 2005. Disponible en: <http://www.sagarpa.gob.mx/>