



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO  
MAESTRÍA EN CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN Y DE LA SALUD ANIMAL  
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA

PARÁMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS DE REPRODUCCIÓN Y  
PRODUCCIÓN DE LECHE EN BOVINOS HOLSTEIN DE CHILE EN  
DIFERENTES SISTEMAS DE MANEJO

## TESIS

QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE MAESTRA EN CIENCIAS DE LA  
PRODUCCIÓN Y DE LA SALUD ANIMAL

Presenta:

JUANA LUCÍA CHUMA ÁLVAREZ

Tutor Principal:

HUGO HORACIO MONTALDO VALDENEGRO, FMVZ.

Miembros del Comité Tutor:

FELIPE DE JESÚS RUÍZ LÓPEZ, INIFAP.  
CARLOS GUSTAVO VÁSQUEZ PELÁEZ, FMVZ.



Universidad Nacional  
Autónoma de México



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

## **Dedicatoria**

A Mariano y Luz María, mis amados padres, a quienes admiro y respeto con todo mi corazón, por ser ejemplo de dedicación, esfuerzo y trabajo y por su amor y apoyo desmesurado en todas las etapas de mi vida.

A mi hermanos, Marco, Martha, Rosalía, Jessica, Carolina y Alex, por ser mi motor constante a continuar y por todo el amor que siempre nos tendremos.

A todos los amigos que en su momento me apoyaron con su tiempo, conocimiento, o simplemente con su amistad y empatía durante este proceso: Carmelita, Araceli, José Luis, María Elena, Clara.

## **Agradecimientos**

A mi tutor, el Dr. Hugo Horacio Montaldo Valdenegro, por confiar en mí, por compartir conmigo tanto conocimiento y brindarme su preciado tiempo y por su gran capacidad de instruir, ya que fueron motivos que me impulsaron a seguir adelante y esforzarme más. Por su paciencia para solucionar cualquier inquietud y por su apoyo extraordinario.

Un gran agradecimiento al Dr. Héctor Castillo Juárez (que descanse en paz), Dr. Felipe de Jesús Ruíz López y Dr. Carlos Vásquez Peláez por todo su apoyo, tiempo y su gran aporte.

Gracias al Dr. Sergio Román Ponce, Dr. Hugo Toledo Alvarado, Dr. Fernando Osnaya Gallardo y Dr. Carlos Lizana Gallo, por sus valiosos comentarios para mejorar este trabajo.

A la UNAM, CONACYT y a la Fundación de becas para mujeres Cañari, por haber permitido esta gran oportunidad de continuar con mi formación profesional.

## Resumen

**CHUMA ÁLVAREZ JUANA LUCÍA.** Parámetros Genéticos de Características de Reproducción y Producción de Leche en Bovinos Holstein de Chile en diferentes Sistemas de Manejo. Dirigida por: HUGO HORACIO MONTALDO VALDENEGRO, FELIPE DE JESÚS RUÍZ LÓPEZ Y CARLOS GUSTAVO VÁSQUEZ PELÁEZ.

Para evaluar los efectos de interacciones genotipo x ambiente se estimaron correlaciones genéticas ( $r_g$ ) entre niveles de los descriptores ambientales categóricos y continuos de hatos en Chile, para producción de leche, producción de grasa, producción de proteína, contenido de grasa, contenido de proteína, edad al primer parto e intervalo entre partos en bovinos Holstein. Las  $r_g$  entre las regiones central y sur de Chile para producción de leche (0.76), producción de grasa (0.73), contenido de grasa (0.93), contenido de proteína (0.93) e intervalo entre partos (0.76) fueron menores a 1 ( $P < 0.05$ ), y para producción de proteína (0.65) y edad al primer parto (0.52) fueron menores a 0.80 ( $P < 0.05$ ). Esto se debe a que el ambiente de producción de los hatos en la región central es más intensivo. Las  $r_g$  estimadas entre hatos del sur de Chile con sistema de partos estacional en primavera y biestacional (primavera y otoño) para producción de leche (0.83), producción de grasa (0.82) y producción de proteína (0.78), y entre el sistema estacional de primavera y continuo para edad al primer parto (0.37), producción de grasa (0.85) y porcentaje de proteína (0.89) fueron menores a 1 ( $P < 0.05$ ). Las  $r_g$  entre los niveles altos y bajos de los descriptores ambientales continuos para las características de producción de leche y reproducción en hatos del sur de Chile fueron  $\geq 0.93$  y  $\geq 0.82$ , respectivamente. Ninguna de las  $r_g$  estimadas entre sistemas de parto y niveles de estos descriptores ambientales de hato fueron estadísticamente menores a 0.80 ( $P > 0.05$ ). Las  $r_g$  entre los deciles superiores e inferiores de los descriptores ambientales continuos para las características de producción de leche ( $\geq 0.67$ ),

composición de leche ( $\geq 0.89$ ) y reproducción ( $\geq -0.13$ ) fueron estadísticamente menores a 1 ( $P < 0.05$ ); de éstos, las  $r_g$  para edad al primer parto entre deciles extremos de los descriptores producción de leche y producción de grasa más proteína, fueron significativamente menores a 0.60 y 0.80 ( $P < 0.05$ ), respectivamente. En general, el reordenamiento de los toros de acuerdo a su valor genético aditivo, causado por la presencia de interacciones genotipo x ambiente, con los niveles ambientales de los descriptores categóricos y continuos de hato estudiados, no es lo suficientemente importante para justificar el desarrollo de programas de mejoramiento genético diferentes para cada ambiente. Dicho reordenamiento ocurre principalmente para la edad al primer parto, cuyo impacto potencial en un objetivo económico que involucre varias características, es relativamente pequeño.

Palabras clave: Interacción genotipo x ambiente, correlación genética, descriptores ambientales de hato, producción de leche, reproducción, Holstein, Chile.

## Abstract

**CHUMA ÁLVAREZ JUANA LUCIA.** Genetic parameters of reproductive and milk production traits in Chilean Holstein cattle in different management systems. Directed by: HUGO HORACIO MONTALDO VALDENEGRO, FELIPE DE JESÚS RUÍZ LÓPEZ and CARLOS GUSTAVO VÁSQUEZ PELÁEZ.

To evaluate the effects of genotype x environment interactions, genetic correlations ( $r_g$ ) between the levels of categorical and continuous environmental descriptors of herds in Chile for milk yield, fat yield, protein yield, fat content, protein content, age at first calving and calving interval in Holstein cattle were estimated. The  $r_g$  between the central and southern regions of Chile for milk yield (0.76), fat yield (0.73), fat content (0.93), protein content (0.93) and calving interval (0.76) were lower than 1 ( $P < 0.05$ ), and lower than 0.80 ( $P < 0.05$ ) for protein yield (0.65) and age at first calving (0.52). This is due to the fact that the production environment of the central region herds is more intensive. The estimated  $r_g$  between herds from Southern Chile with a seasonal calving system in spring and bi-seasonally (Spring and Fall) for milk yield (0.83), fat yield (0.82) and protein yield (0.78) and between the spring seasonal and continuous calving systems for age at first calving (0.37), fat yield (0.85) and protein content (0.89) were lower than 1 ( $P < 0.05$ ). The  $r_g$  between the upper and lower levels of continuous environmental descriptors for milk yield and reproduction traits in herds from Southern Chile were  $\geq 0.93$  and  $\geq 0.82$ , respectively. None of the estimated  $r_g$  between calving systems and levels of these herd environmental descriptors were statistically lower than 0.80 ( $P > 0.05$ ). The  $r_g$  between the upper and lower deciles of continuous environmental descriptors for milk production ( $\geq 0.67$ ), milk composition ( $\geq 0.89$ ) and reproduction ( $\geq -0.13$ ) traits were statistically lower than 1 ( $P < 0.05$ ); of these, the  $r_g$  for age at first calving between the extreme deciles of milk yield and fat plus protein yield descriptors were significantly lower than 0.60 and 0.80 ( $P < 0.05$ ), respectively. In general, the

reranking of the bulls based on the additive genetic value caused by the presence of genotype x environment interaction, involving environmental levels of the categorical and continuous herd descriptors studied, is not sufficiently important to justify the development of specific genetic improvement programs for each environment. This rearrangement occurs primarily for age at first calving, whose potential impact on multiple-trait economic breeding objectives is relatively small.

Key words: Genotype x environment interaction, genetic correlation, herd environmental descriptors, milk yield, reproduction, Holstein, Chile.

## Contenido

Dedicatoria .....	i
Agradecimientos .....	ii
Resumen .....	iii
Abstract .....	v
Lista de Cuadros.....	ix
Lista de Figuras .....	xi
Introducción .....	6
Producción de leche en Chile .....	6
Origen de la población Holstein en Chile .....	7
Importancia de las características reproductivas .....	8
Interacciones genotipo por ambiente.....	9
Importancia de las interacciones genotipo por ambiente.....	11
Justificación .....	14
Objetivos .....	15
Hipótesis .....	15
Materiales y Métodos.....	16
Población de estudio .....	16
Área de estudio .....	16
Características climáticas, manejo y nutrición.....	17
Características estudiadas .....	18
Datos .....	18
Información de pedigrí.....	19
Modelos estadísticos.....	20
Modelo estadístico univariado.....	21
Modelo estadístico bivariado .....	22
Correlaciones genéticas .....	23
Descripción de los niveles ambientales .....	24
Descriptorios Categóricos.....	24
Descriptorios Continuos.....	26
Software y análisis .....	28

Promedios generales y parámetros genéticos univariados en bovinos Holstein en Chile .....	30
Resultados .....	30
Discusión .....	31
Conclusiones.....	32
Interacciones genotipo por zona geográfica en Chile.....	34
Resultados .....	34
Discusión .....	38
Conclusiones.....	44
Interacciones genotipo por sistema de parto en Holstein del sur de Chile.....	46
Resultados .....	46
Discusión .....	49
Conclusiones.....	52
Interacciones genotipo por nivel de distintos descriptores ambientales de hato en el sur de Chile .....	54
Resultados .....	54
Discusión .....	75
Conclusiones.....	82
Bibliografía.....	85

## Lista de Cuadros

Cuadro 1. Número de hatos, padres, madres, vacas y lactaciones por característica en estudio en la zona central. ....	19
Cuadro 2. Número de hatos, padres, madres, vacas y lactaciones por característica en estudio en la zona sur. ....	20
Cuadro 3. Estadísticos descriptivos por nivel de los descriptores ambientales continuos. ....	27
Cuadro 4. Estadísticos descriptivos en bovinos Holstein en Chile. ....	30
Cuadro 5. Parámetros genéticos univariados en bovinos Holstein en Chile. ....	31
Cuadro 6. Estadísticos descriptivos por zona geográfica en Chile. ....	34
Cuadro 7. Parámetros genéticos estimados a partir del análisis bivariado entre zonas geográficas. ....	35
Cuadro 8. Correlaciones genéticas entre zonas geográficas estimadas con todos los datos y los datos de la progenie de sementales comunes. ....	37
Cuadro 9. Estadísticos descriptivos por sistema de parto en el sur de Chile. ....	46
Cuadro 10. Parámetros genéticos estimados a partir del análisis bivariado entre sistemas de parto. ....	48
Cuadro 11. Correlaciones genéticas estimadas entre sistemas de parto estacional de primavera, biestacional y continuo. ....	49
Cuadro 12. Media por nivel y porcentaje de diferencias entre niveles de los descriptores ambientales continuos. ....	55
Cuadro 13. Media por nivel y porcentaje de diferencias entre niveles extremos de los descriptores ambientales continuos. ....	57
Cuadro 14. Parámetros genéticos para producción de leche en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	61
Cuadro 15. Parámetros genéticos para producción de grasa en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	62
Cuadro 16. Parámetros genéticos para producción de proteína en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	63
Cuadro 17. Parámetros genéticos para contenido de grasa en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	64

Cuadro 18. Parámetros genéticos para contenido de proteína en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	65
Cuadro 19. Parámetros genéticos para edad al primer parto en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	66
Cuadro 20. Parámetros genéticos para intervalo entre partos en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	67
Cuadro 21. Parámetros genéticos para producción de leche en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	68
Cuadro 22. Parámetros genéticos para producción de grasa en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	69
Cuadro 23. Parámetros genéticos para producción de proteína en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	70
Cuadro 24. Parámetros genéticos para contenido de grasa en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	71
Cuadro 25. Parámetros genéticos para contenido de proteína en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	72
Cuadro 26. Parámetros genéticos para edad al primer parto en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	73
Cuadro 27. Parámetros genéticos para intervalo entre partos en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental. ....	74

## Lista de Figuras

Figura 1. Área de estudio.....	17
Figura 2. Proporción de partos por mes y sistema de parto en bovinos Holstein del sur de Chile. ....	25

## **Introducción**

### **Producción de leche en Chile**

Chile tiene una población bovina total de 2, 836,523 (FAO, 2016), con más de 6,000 productores comerciales de leche bovina (ODEPA, 2018). La producción total de leche bovina de Chile en 2017 fue de 2.51 millones de toneladas con una población de alrededor de 500,000 vacas. La tasa media anual de incremento en la producción de leche entre los años 2010 y 2017 fue del 0.9% (ODEPA, 2018).

La mayor parte de la producción láctea (85%) en el año 2017 se produjo en el área del clima templado oceánico del sur de Chile, en sistemas de producción basados principalmente en pastoreo, con diferentes componentes tecnológicos como la suplementación de concentrado y sistema de ordeño mecánico, especialmente en las regiones de La Araucanía, Los Ríos y Los Lagos (ODEPA, 2018).

De las aproximadamente 75.6 millones de hectáreas de Chile continental, alrededor de 14 millones (19%) de hectáreas son praderas y pastizales permanentes (FAO, 2016) y aproximadamente, 40% del territorio continental está ocupado por sistemas de producción de rumiantes, de los que el 23% son sistemas basados en pastizales (incluyendo los potreros naturales), el 8-9% comprenden los sistemas mixtos (pastoreo y estabulación) con riego y el 4-5% representan los sistemas mixtos que se benefician de la lluvia (Vera, 2006).

Los sistemas de producción de leche en Chile difieren de acuerdo a la región del país. En la zona central la producción lechera se basa principalmente en animales en confinamiento y alimentación con alfalfa y maíz producidos con irrigación, forrajes conservados y concentrados. Los sistemas de producción de leche de clima templado tienden a concentrarse en el sur del país. En estos sistemas se utilizan pastizales naturales, forraje o heno de pasturas y ensilaje, y están basados principalmente en ganado Holstein y Frisón Negro, con una

menor proporción de otras razas lecheras, de doble propósito y de diversos cruzamientos (Vera, 2006).

El Instituto Nacional de Estadística (INE) (INE, 2015), en una encuesta de ganado bovino encontró que el 12%, 41% y 47% de las explotaciones en las regiones Metropolitana de Santiago y O'Higgins tenían un sistema en estabulación, pastoreo continuo y pastoreo rotativo, respectivamente. Esto cambia en las regiones que comprenden la Araucanía, Los Lagos y Los Ríos, donde la proporción de las explotaciones en estabulación, pastoreo continuo y pastoreo rotativo fueron, 1%, 28% y 71%, respectivamente.

### **Origen de la población Holstein en Chile**

Chile posee algunas razas de bovinos, que a través del tiempo han sido seleccionadas en forma natural y artificial. El ganado chileno, se origina en gran parte de razas europeas traídas inicialmente por conquistadores españoles y luego por colonos europeos (Elzo *et al.*, 2004). A mediados de la década de 1970, los productores chilenos comenzaron a importar semen Holstein de varios países, principalmente de EE. UU y Canadá, con el objetivo de incrementar la producción de leche por vaca, mediante la incorporación de germoplasma Holstein, en la población bovina local, Frisón europeo blanco y negro de doble propósito (Elzo *et al.*, 2004). Los productores de ganado chileno hicieron un esfuerzo para sustituir la población de ganado original a Holstein importada directamente de EE. UU, más que de cualquier otro país (Barría *et al.*, 2001).

En la zona central, la raza predominante corresponde a Holstein, que constituye el 91% de las vacas allí existentes, esta cifra disminuye hacia el sur del país, con un 89,6% de Holstein en la Región del Bío Bío. En la Región de los Ríos y Los Lagos, la Holstein representa el 36% y 23% respectivamente; esta disminución con respecto a la zona central, se debe a que la raza Holstein es reemplazada por la población sintética heterogénea Frisón Negro u Overo Negro, que tiene una proporción variable de genes Holstein y de otras razas europeas (Bahamonde-Flores, 2006).

Así, la mayor parte de la producción láctea en Chile proviene de la población Holstein o de la cruce de Holstein con Frisón Negro, y en menor proporción de la Jersey y la población bovina Overo Colorado (Mujica, 2005).

### **Importancia de las características reproductivas**

El mantenimiento de una alta eficiencia reproductiva en los hatos lecheros es indispensable para su rentabilidad (VanRaden *et al.*, 2004). Se ha demostrado que las correlaciones genéticas entre la fertilidad y la producción son generalmente desfavorables (Castillo-Juárez *et al.*, 2000; Haile-Mariam *et al.*, 2003; Kadarmideen *et al.*, 2003; Montaldo *et al.*, 2017b), por lo que mientras se produce un aumento del mérito genético para la producción, ha sido necesario considerar otras características en las evaluaciones genéticas, incluyendo la fertilidad, para evitar su deterioro (VanRaden *et al.*, 2004).

Los índices de selección han evolucionado en todo el mundo, cambiando el enfoque en la producción a un objetivo más balanceado de mejoramiento de la producción, especialmente en el rendimiento y porcentaje de proteína, así como en la longevidad, salud de la ubre, la conformación y las características de reproducción, basados, además en sus valores económicos (Miglior *et al.*, 2005). Las investigaciones actuales se orientan hacia características como la salud y bienestar animal, adaptabilidad (*fitness*) y adecuación a la producción (*workability*), calidad de la leche, sostenibilidad ambiental, eficiencia alimenticia y la emisión de gases de efecto invernadero, lo que explica el énfasis reciente en un objetivo de producción más completo (Miglior *et al.*, 2017).

La adopción generalizada de la selección genómica, que permite generar evaluaciones con suficiente confiabilidad para incorporarlos en un índice a partir de información de marcadores de ADN, el cambio de la economía de la producción a través del tiempo y el avance tecnológico, conducirá al desarrollo de índices de selección con nuevas características, como las medidas directas de la función inmune para mejorar la salud de los animales, los niveles de progesterona, que pueden definir nuevas características de fertilidad,

producción de leche con un perfil deseable de ácidos grasos, tolerancia al calor del ganado lechero, la resistencia genética de las vacas a diversas enfermedades y otras (Cole and VanRaden, 2018).

La evaluación genómica frente a los esquemas tradicionales de pruebas de progenie ha permitido incrementar la precisión de las evaluaciones genéticas, reducir los intervalos de generación e incrementar los diferenciales de selección, y por lo tanto las tasas de ganancia genética por año son mayores (García-Ruíz *et al.*, 2016).

La selección genómica, ha tenido impacto principalmente en las características de baja heredabilidad, como la fertilidad, al mejorar rápidamente las tendencias de ganancia genética anual (García-Ruíz *et al.*, 2016) y ha permitido identificar regiones genómicas asociadas a variación en los días abiertos y la tasa de preñez; debido a que la fertilidad sigue siendo de gran importancia económica para los productores lecheros y existe la necesidad de medidas más precisas de fertilidad, así como de fenotipos relacionados con las nuevas prácticas reproductivas en hatos lecheros (Cole and VanRaden, 2018).

### **Interacciones genotipo por ambiente**

Debido al uso de la inseminación artificial y a la globalización económica, el mejoramiento genético del ganado lechero se ha convertido en forma creciente, en una actividad internacional y por lo tanto existe un importante comercio de semen de toros Holstein a nivel global. Esto, es de particular importancia para Latinoamérica, en donde la importación de semen es la principal estrategia genética utilizada para mejorar la productividad del ganado bovino lechero. Lo anterior implica que, en estos países, incluyendo Chile, la selección de los reproductores se realiza, en muchos casos, en ambientes distintos a aquellos en los cuales los genotipos son utilizados (Jakobsen *et al.*, 2009; Montaldo *et al.*, 2015). Esto incluye diferencias climáticas, de alimentación, manejo y de ambiente económico en cuanto al pago de la leche.

En el caso de Chile, los sistemas productivos lecheros varían desde los extensivos pastoriles hasta los intensivos estabulados. En el país existen diferencias entre los ambientes de los hatos debido a diversos factores, tales como, el clima, región geográfica, tamaño del hato, uso de pastoreo y otros alimentos, distribución de los partos a través del año, manejo reproductivo, costo de los insumos y nivel de inversión, infraestructura y el nivel tecnológico del hato (Smith *et al.*, 2002; Carrillo *et al.*, 2011). En consecuencia, estas diferencias de las condiciones ambientales de hato influyen en el fenotipo de las características cuantitativas en los bovinos productores de leche.

En un modelo genético simple para una característica cuantitativa, el fenotipo es considerado como el resultado de la suma de efectos genéticos y ambientales independientes (Montaldo, 2001). Si existe, en cambio, una variación adicional debida a la acción combinada de los efectos de genotipo y del ambiente no predecible a partir de sus efectos por separado (Dickerson, 1966), la independencia entre ambos efectos se pierde y el modelo genético simple ya no es el adecuado para ajustar los datos. Por lo anterior se añade al modelo el efecto de interacción genotipo por ambiente (GxE) para solucionar el problema (Falconer y Mackay, 1996).

Cuando las correlaciones genéticas estimadas para una misma característica, pero medida en diferentes ambientes, son menores a 1, hay indicios de la presencia de efectos de GxE; mientras más grande es la diferencia entre los ambientes será más probable que las correlaciones genéticas estimadas entre estos ambientes sean menores a 1 (Falconer y Mackay, 1996). En otras palabras, cuando los mismos genotipos desarrollan diferentes fenotipos en ambientes diferentes, existe interacción genotipo por ambiente (Hammami *et al.*, 2009).

Cuando las diferencias entre genotipos varían entre los ambientes, sin cambios en su clasificación, existe un efecto de escala. Esta primera forma de GxE, conocida como heterogeneidad de la varianza genética, significa que la magnitud de la variación genética de un rasgo cambia a través de

macroambientes, y se puede cuantificar por la heredabilidad y el coeficiente de variación genética (Sae-Lim *et al.*, 2015).

Sin embargo, si los genotipos se clasifican de manera diferente en un ambiente diferente, el efecto de GxE es el reordenamiento de los individuos por valor genético dentro de ambientes. Esta magnitud de reordenamiento se puede cuantificar como la correlación genética entre las características medido en diferentes macroambientes (Sae-Lim *et al.*, 2015). El efecto de escala es de menor importancia, ya que los mejores animales seleccionados en un ambiente seguirían teniendo el mejor rendimiento en otros, por lo que solamente un valor menor a la unidad en los valores de las correlaciones genéticas entre ambientes se considera como evidencia de la presencia de interacción GxE (Hammami *et al.*, 2009).

### **Importancia de las interacciones genotipo por ambiente**

Los programas de mejoramiento animal deben considerar los efectos de interacción GxE, que se ha demostrado que existe en muchos estudios (Sae-Lim *et al.*, 2015), en los modelos estadísticos de los programas de mejora, lo que permitirá mejorar la precisión de las evaluaciones genéticas de los reproductores e incrementar las respuestas a la selección en sistemas de producción con múltiples ambientes (Mulder *et al.*, 2006).

Las implicaciones de las interacciones GxE de tipo escala en las decisiones de mejoramiento genético han sido discutidas, debido a que el preajuste en los datos (Wiggans *et al.*, 1991) o la corrección en el modelo de evaluación (Meuwissen *et al.*, 1996) son capaces de absorber estos efectos, y por lo tanto la GxE se toma perfectamente en cuenta sin consecuencias en las decisiones de selección. Sin embargo, los pesos en las características dentro de un índice compuesto deben definirse con cuidado cuando existe un efecto de escala para algunas de estas características (Hammami *et al.*, 2009).

Por el contrario, cuando se produce un efecto de reordenamiento de genotipos en cada ambiente, surge el desafío para la optimización de los programas de mejora genética que respondan a múltiples requisitos ambientales (Sae-Lim

*et al.*, 2015). Como primera estrategia, cuando un ambiente está bajo el control de los mejoradores (es decir, interacción genética por ración o por alojamiento), sería más fácil para los mejoradores modificar el ambiente para permitir la expresión óptima del genotipo. No obstante, cuando los ambientes están más allá del control de los mejoradores, tienen que elegir los genotipos capaces de adaptarse a esos ambientes. Una forma de lograr esto es la selección de un genotipo específico para cada ambiente. Esta estrategia lograría una respuesta máxima para cada ambiente y ayudaría a mantener la diversidad genética. Sin embargo, es más costoso y toma más tiempo obtener genotipos específicos para cada ambiente (Hammami *et al.*, 2009). Además, en poblaciones más pequeñas, la tasa de consanguinidad puede aumentar y se puede observar una disminución de la intensidad y de la respuesta de selección (Montaldo, 2001).

La selección indirecta, que consiste en la selección de una característica en un ambiente con el objetivo de mejorar la misma característica en otro, es una de las alternativas de mejora para abordar el reordenamiento de genotipos. Su eficiencia dependerá de la magnitud de la correlación genética entre los dos ambientes y la heredabilidad de la característica en cada uno de los ambientes (Montaldo, 2001). Togashi *et al.* (2002) concluyeron que cuando existe una interacción toro por país, la selección de los animales candidatos en el país con la mayor varianza genética debería ser más efectiva que la selección en el país con la varianza genética más baja. Togashi *et al.* (2001) también encontraron que cuando la interacción G×E es importante, un índice óptimo internacional se vuelve más eficiente que un índice dentro del país como un medio para la selección.

Al considerar solo la selección de toros, James (1961) informó que cuando la correlación genética entre dos ambientes era mayor que 0.70, probar la progenie en ambos ambientes y aplicar un índice único de selección era más apropiado que aplicar una selección separada después de la prueba en ambos ambientes o seleccionar y probar en uno de los dos ambientes. Mulder (2007) concluyó que un solo programa de mejoramiento con toros en prueba

de progenie con datos de ambos ambientes era más apropiado cuando la correlación genética era mayor a 0.60. Por el contrario, cuando la correlación genética fue menor o igual a 0.60, resulta adecuado tener un programa de mejoramiento específico y pruebas de progenie en cada ambiente.

De este modo, para evaluar si un único programa de mejoramiento debe dividirse en varios programas de mejoramiento específicos para cada ambiente, se puede usar una "correlación de punto de equilibrio" (*break-even correlation*), como criterio para tomar la decisión, bajo la suposición de que el costo de ejecutar dos programas de mejoramiento más pequeños es igual al costo de un programa conjunto de mejoramiento (Mulder *et al.*, 2006).

La correlación de punto de equilibrio se define como la intersección de las correlaciones genéticas cuando las ganancias genéticas de diferentes estrategias de mejora son iguales. Cuando la correlación genética entre ambientes es menor que la correlación de punto de equilibrio, se recomiendan programas de mejoramiento separados (Sae-Lim *et al.*, 2015). La correlación de punto de equilibrio estimada en un programa de mejoramiento para el ganado lechero ha sido estimada entre 0.60 (Mulder *et al.*, 2006) y 0.70 (James, 1961). Previamente Robertson (1959), había sugerido un valor general aproximado de 0.80 como criterio para determinar si era necesario usar programas separados de mejoramiento genético.

Decidir si el grado de reordenamiento es lo suficientemente grande como para justificar el establecimiento de programas de mejoramiento específicos para cada nivel ambiental puede no basarse únicamente en la evidencia estadística. En los países en desarrollo con recursos limitados, puede ser difícil justificar programas de mejoramiento específicos para cada ambiente (Khaw *et al.*, 2009). En cambio, puede ser suficiente incorporar la información de hermanos en diferentes ambientes comerciales en los criterios de selección para mantener ganancias genéticas aceptables en los ambientes de producción (Montaldo, 2001; Sae-Lim *et al.*, 2013).

Por lo tanto, la importancia de reordenar el genotipo puede juzgarse en función de los costos de ejecutar un programa y registrar las características, la importancia económica de una característica en diferentes ambientes y los ingresos adicionales obtenidos. Adicionalmente debería examinarse la posición competitiva de un programa de mejoramiento en mercados alternativos (de Vries, 1989).

### **Justificación**

Las interacciones genotipo por ambiente pueden afectar la eficiencia de los programas de selección, reduciendo la respuesta a la selección de las características económicamente importantes en poblaciones que producen bajo condiciones ambientales diferentes a aquellas en las cuales fueron seleccionados (Montaldo, 2001). Por lo tanto, al evaluar la importancia de las interacciones genotipo por ambiente, se puede enfrentar en forma más eficaz el reto de optimizar los programas de mejoramiento genético para varios ambientes (Mulder *et al.*, 2006). En los bovinos productores de leche los ambientes productivos de los hatos varían por diferentes motivos, entre las cuales se pueden mencionar el clima, los sistemas de producción y manejo, grado de tecnificación, recursos disponibles para la alimentación, los precios de los insumos y la mano de obra y los sistemas de pago de la leche.

Se han realizado investigaciones de GxE para características de producción de leche (Boettcher *et al.*, 2003; Kearney *et al.*, 2004a; Montaldo *et al.*, 2015), y un número menor para las características de fertilidad (Castillo-Juárez *et al.*, 2000; Haile-Mariam *et al.*, 2008; Kearney *et al.*, 2004b; Calus, 2006; Pelcastre-Cruz, 2011); sin embargo, aún no se han realizado estudios para evaluar los efectos de GxE para las características de reproducción en vacunos lecheros de Chile. Por esta razón, una estratificación de los sistemas lecheros del centro-sur de Chile en niveles ambientales, usando variables como el nivel de producción de leche, nivel de producción de sólidos, nivel de distribución de partos, nivel de edad al primer parto, nivel del intervalo entre partos y región geográfica, como descriptores ambientales, puede permitir evaluar los

posibles efectos de las interacciones genotipo por ambiente en las características reproductivas y productivas en Chile.

Aunque se dispone de estimaciones confiables de parámetros genéticos para características económicamente importantes para muchas poblaciones de ganado lechero asociadas con Interbull, se carece de estimaciones de las poblaciones usadas en Chile para las características de fertilidad. Por lo que la estimación de los parámetros genéticos de las características reproductivas y productivas en bovinos lecheros Holstein bajo diferentes niveles ambientales, es necesaria para desarrollar programas de mejoramiento genético más eficaces y desarrollar índices de selección que involucren estas características.

### **Objetivos**

1. Estimar la heredabilidad para la edad al primer parto, intervalo entre partos, producción de leche, producción de grasa, producción de proteína, contenido de grasa y contenido de proteína por nivel de los descriptores ambientales de los hatos.
2. Estimar las correlaciones genéticas entre niveles de los descriptores ambientales de los hatos para la edad al primer parto, intervalo entre partos, producción de leche, producción de grasa, producción de proteína, contenido de grasa y contenido de proteína.

### **Hipótesis**

Las heredabilidades son diferentes por nivel de los descriptores ambientales de los hatos para las características estudiadas.

Existen efectos de interacción genotipo por ambiente (GxE) entre niveles de los descriptores ambientales de los hatos para las características estudiadas.

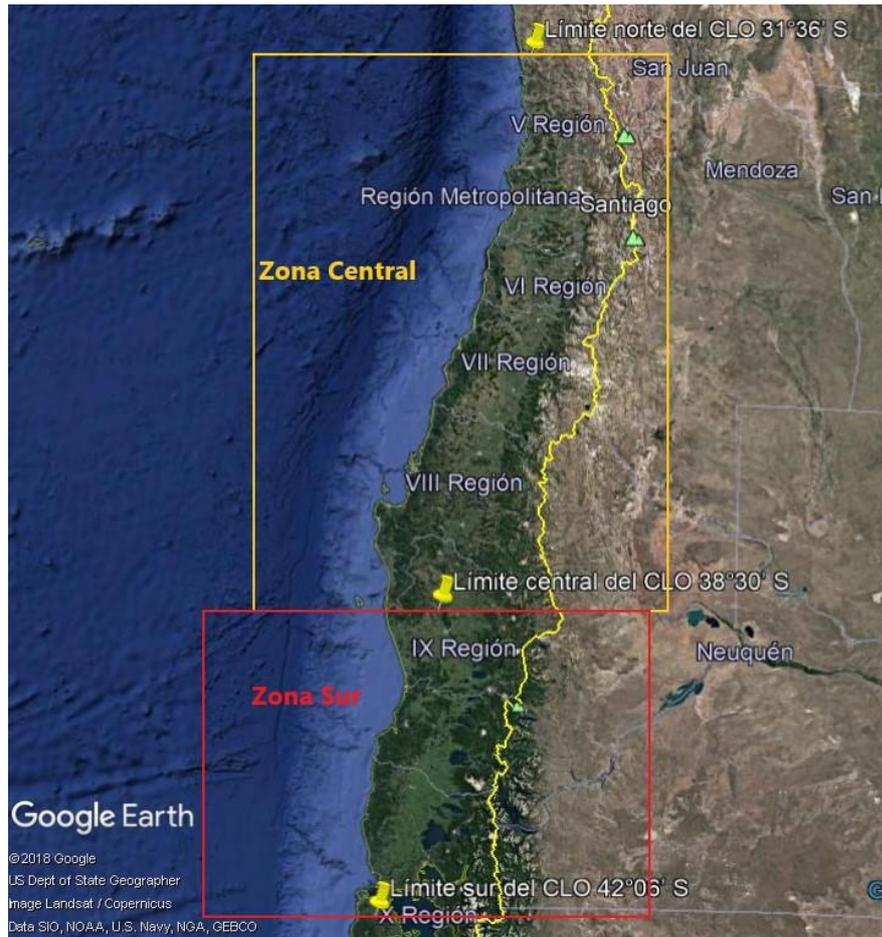
## **Materiales y Métodos**

### **Población de estudio**

Para este estudio se empleó la información obtenida por la Cooperativa de Servicios Agrícolas (COOPRINSEM) de 805 hatos lecheros de Chile. Se analizaron 700,342 registros de vacas de la raza Holstein, que correspondieron a partos ocurridos en los años 1998 a 2015. Se utilizaron las relaciones genéticas obtenidas de un pedigrí a partir de animales nacidos entre 1994 y 2014.

### **Área de estudio**

Los hatos estudiados se encuentran distribuidos en una extensa área geográfica, el cual se dividió, en zona central ( $31^{\circ}36'$  a  $38^{\circ}30'$  S) y sur ( $38^{\circ}31'$  a  $42^{\circ}06'$  S) de Chile, tomando como límite geográfico, la latitud  $38^{\circ}30'$  S (Fig. 1), que son los límites empleados por COOPRINSEM para ubicar a los hatos. El área de la zona central pertenece a las macroregiones norte chico, zona central y zona sur y el área de la zona sur a la macroregión zona sur (CORFO, 1950). La zona central abarca ocho regiones político-geográficas que incluyen las regiones Coquimbo, Valparaíso, Metropolitana de Santiago, O'Higgins, Maule, Ñuble, Bío Bío y la zona norte de la Araucanía. La zona sur está conformada por el sur de La Araucanía, Los Ríos y la zona norte de Los Lagos.



**Figura 1. Área de estudio.**

**CLO. Control Lechero Oficial de COOPRINSEM.**

### **Características climáticas, manejo y nutrición**

**Zona Central.** En esta zona el clima varía de N a S, de un clima mediterráneo, templado mediterráneo a templado lluvioso, con una disminución de la temperatura y aumento de las precipitaciones a medida que avanza al sur. Esta zona se encuentra abarcada por la región mediterránea, que se extiende sobre el rango de aproximadamente 27 a 39° S (Di Castri y Hajek, 1976). De acuerdo al Instituto Nacional de Estadística, en esta zona existe un mayor número de hatos con sistema intensivo en estabulación que en la zona sur (INE, 2015), junto con un desarrollo tecnológico más avanzado que aquellos presentes en la zona sur (Carrillo *et al.*, 2011).

Los animales son alimentados con alfalfa (*Medicago sativa*), maíz irrigado (*Zea mays*), forrajes conservados, y ocasionalmente se proporciona avena (*Avena barbata*), Vicia (*Vicia sativa*) y otros forrajes anuales, además de los concentrados habituales (Vera, 2006). Esta proporción de hatos intensivos va disminuyendo hacia el sur del país, incrementando simultáneamente los sistemas de pastoreo continuo y rotativo (INE, 2015).

**Zona Sur.** Comprende al área templada húmeda que se extiende al sur de la región mediterránea aproximadamente hasta los 42° S; donde las pasturas son más importantes y se caracteriza por el clima templado oceánico (Di Castri y Hajek, 1976). Los sistemas de producción en su mayoría son de pastoreo rotativo en potreros mejorados, suplementados con forrajes (heno, avena, alfalfa, ensilaje de maíz y pasto) y concentrado, principalmente en el invierno (Smith *et al.*, 2002). Algunas de las mezclas forrajeras usadas con mayor frecuencia son rye grass (*Lolium perenne* L., *Lolium hybridum* Hausskn, *Lolium multiflorum*, *etc.*) con trébol blanco (*Trifolium repens*) y festuca alta (*Festuca arundinacea*) con trébol blanco (Vera, 2006).

### **Características estudiadas**

Las características incluidas en este estudio fueron: producción de leche (PL), producción de grasa (PG), producción de proteína (PP), contenido de grasa (%G) y contenido de proteína (%P) por lactación, y edad al primer parto (EPP) e intervalo entre partos (IEP).

### **Datos**

Todos los registros de producción de leche, producción de grasa y producción de proteína se encontraban ajustados a 305 días de producción y equivalente maduro (número de parto-edad-época de parto) con los métodos desarrollados y validados por COOPRINSEM (Wiggans and Dickinson, 1986; Lizana *et al.*, 2016).

En la edición de los datos, se consideraron como datos atípicos, los valores de intervalo entre partos menores a 293 días (límite biológico), mientras que, para la edad al primer parto, no se encontraron valores menores a 549 días (límite biológico) (Montaldo *et al.*, 2010). En cuanto al límite superior, se excluyeron los valores que fueron mayores al 97.5% de la curva de distribución que presentaban los datos, tanto para intervalo entre partos (mayor a 708 días) como para edad al primer parto (mayor a 1,151 días).

Se excluyeron en total, 3% de los registros (19,970 registros). El archivo final de datos contenía 700,342 registros de la raza Holstein.

### Información de pedigrí

La información de pedigrí incluyó a las vacas, hijas de padres y madres conocidos y desconocidos, cuya identificación coincidía con el archivo de datos. En el archivo de datos había un total de 7,809 padres, 216,837 madres y 287,878 vacas sin progenie. A continuación, se especifica el número de hatos, padres, madres, vacas y lactaciones por zona y característica en estudio.

**Cuadro 1. Número de hatos, padres, madres, vacas y lactaciones por característica en estudio en la zona central.**

<b>Características</b>	<b>Hatos</b>	<b>Padres</b>	<b>Madres</b>	<b>Vacas</b>	<b>Lactaciones</b>
Edad al Primer Parto	93	1,717	29,954	41,351	41,351
Intervalo entre Partos	76	1,396	17,897	23,628	43,350
Producción de Leche <sup>+</sup>	93	1,730	30,388	42,154	85,467
General	93	1,730	30,388	42,154	85,467

<sup>+</sup>Producción de Leche. Incluye todas las características de producción de leche.

**Cuadro 2. Número de hatos, padres, madres, vacas y lactaciones por característica en estudio en la zona sur.**

<b>Características</b>	<b>Hatos</b>	<b>Padres</b>	<b>Madres</b>	<b>Vacas</b>	<b>Lactaciones</b>
Edad al Primer Parto	711	7,154	182,541	239,275	239,275
Intervalo entre Partos	630	5,932	130,315	165,484	369,726
Producción de Leche <sup>+</sup>	712	7,227	186,449	245,724	614,875
General	712	7,227	186,449	245,724	614,875

<sup>+</sup>Producción de Leche. Incluye todas las características de producción de leche.

### **Modelos estadísticos**

Para la estimación de los parámetros genéticos de las características de reproducción y producción de leche en la totalidad de los datos, se aplicaron modelos mixtos animal de repetibilidad en los que se incluyeron, con excepción de la edad al primer parto, los efectos fijos hato-año-estación de parto y número de parto, como efectos aleatorios, la combinación semental-hato, animal, ambiente permanente y residual.

El modelo animal univariado usado para analizar la edad al primer parto incluyó como efecto fijo la combinación hato-año-estación de nacimiento de la vaca y los efectos aleatorios semental-hato, animal y residual.

Se definieron tres épocas de parto y de nacimiento, de acuerdo a la distribución de los partos y nacimientos a lo largo del año, respectivamente, y a su efecto sobre las características de producción de leche, en: enero a abril (1), mayo a agosto (2) y septiembre a diciembre (3).

Para estimar los parámetros genéticos de la misma característica entre dos niveles ambientales (niveles de descriptores categóricos o continuos), se aplicó un modelo animal mixto bivariado que incluyó los mismos efectos mencionados en el modelo univariado. Los efectos fijos considerados para los análisis de las características en estudio fueron establecidos en base a los modelos usados internacionalmente en las evaluaciones genéticas de bovinos

productores de leche y a los resultados previos de esta población (Weigel *et al.*, 2001; Zwald *et al.*, 2003; Elzo *et al.*, 2004; Montaldo *et al.*, 2015).

**Modelo estadístico univariado.** El modelo univariado en notación matricial para las características de producción de leche e intervalo entre partos, fue:

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

Donde,  $\mathbf{y}$ , es el vector de observaciones;  $\mathbf{X}$ , es la matriz de incidencia de los efectos fijos;  $\mathbf{b}$ , es el vector de los efectos fijos;  $\mathbf{Z}$ , es la matriz de incidencia de los efectos genéticos aleatorios aditivos de los animales;  $\mathbf{u}$ , es el vector de los efectos genéticos aleatorios aditivos de los animales;  $\mathbf{W}$ , es la matriz de incidencia de los efectos aleatorios de ambiente permanente;  $\mathbf{p}$ , es el vector de los efectos aleatorios de ambiente permanente;  $\mathbf{K}$ , es la matriz de incidencia de los efectos aleatorios de semental-hato;  $\mathbf{s}$ , es el vector de los efectos aleatorios de semental-hato y  $\mathbf{e}$ , es el vector de los efectos residuales aleatorios.

Las esperanzas y varianzas para los efectos del modelo son:

$$E(\mathbf{y}) = \mathbf{Xb}; E(\mathbf{u}) = E(\mathbf{p}) = E(\mathbf{s}) = E(\mathbf{e}) = 0;$$

$$\text{var}(\mathbf{u}) = \mathbf{A}\sigma_u^2; \text{var}(\mathbf{p}) = \mathbf{I}\sigma_p^2; \text{var}(\mathbf{s}) = \mathbf{I}\sigma_s^2; \text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{I}\sigma_e^2.$$

El modelo univariado en notación matricial para edad al primer parto, fue:

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

Donde,  $\mathbf{y}$ , es el vector de observaciones;  $\mathbf{X}$ , es la matriz de incidencia de los efectos fijos;  $\mathbf{b}$ , es el vector de los efectos fijos;  $\mathbf{Z}$ , es la matriz de incidencia de los efectos genéticos aleatorios aditivos de los animales;  $\mathbf{u}$ , es el vector de los efectos genéticos aleatorios aditivos de los animales;  $\mathbf{K}$ , es la matriz de incidencia de los efectos aleatorios de semental-hato;  $\mathbf{s}$ , es el vector de los efectos aleatorios de semental-hato y  $\mathbf{e}$ , es el vector de los efectos residuales aleatorios.

Las esperanzas y varianzas para los efectos del modelo son:

$$E(\mathbf{y}) = \mathbf{X}\mathbf{b}; E(\mathbf{u}) = E(\mathbf{s}) = E(\mathbf{e}) = 0;$$

$$\text{var}(\mathbf{u}) = \mathbf{A}\sigma_u^2; \text{var}(\mathbf{s}) = \mathbf{I}\sigma_s^2; \text{var}(\mathbf{e}) = \mathbf{I}\sigma_e^2.$$

**Modelo estadístico bivariado.** Este modelo, además, contiene las matrices de varianzas y covarianzas correspondientes. Al tratarse de características registradas en animales emparentados que se encuentran en diferentes ambientes, las diferentes características no se observan en el mismo animal, por lo tanto, no existe una covarianza ambiental entre las características (Mrode and Thompson, 2005). El modelo más completo en notación matricial fue:

$$\begin{bmatrix} \mathbf{y}_1 \\ \mathbf{y}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{X}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{b}_1 \\ \mathbf{b}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{Z}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{Z}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{W}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{W}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{p}_1 \\ \mathbf{p}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{K}_1 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{K}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \mathbf{s}_1 \\ \mathbf{s}_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix}$$

Donde,  $\mathbf{y}_1$  y  $\mathbf{y}_2$  son los vectores de observaciones;  $\mathbf{X}_1$  y  $\mathbf{X}_2$ , son las matrices de incidencia que relacionan los efectos fijos con las observaciones;  $\mathbf{b}_1$  y  $\mathbf{b}_2$ , son los vectores de los efectos fijos;  $\mathbf{Z}_1$  y  $\mathbf{Z}_2$ , son las matrices de incidencia que relacionan los efectos genéticos aleatorios aditivos de los animales con las observaciones;  $\mathbf{a}_1$  y  $\mathbf{a}_2$ , son los vectores de los efectos genéticos aleatorios aditivos de los animales;  $\mathbf{W}_1$  y  $\mathbf{W}_2$ , son las matrices de incidencia que relacionan los efectos aleatorios de ambiente permanente con las observaciones;  $\mathbf{p}_1$  y  $\mathbf{p}_2$ , son los vectores de los efectos de ambiente permanente;  $\mathbf{K}_1$  y  $\mathbf{K}_2$ , son las matrices de incidencia que relacionan los efectos aleatorios de semental-hato con las observaciones;  $\mathbf{s}_1$  y  $\mathbf{s}_2$ , son los vectores de los efectos aleatorios de semental-hato y  $\mathbf{e}_1$  y  $\mathbf{e}_2$ , son los vectores de los efectos residuales aleatorios.

Las matrices de esperanzas y (co)varianzas para los efectos del modelo son:

$$E \begin{bmatrix} \mathbf{y} \\ \mathbf{a} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{s} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \text{Var} \begin{bmatrix} \mathbf{a}_1 \\ \mathbf{a}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_{12}} \\ \sigma_{a_{12}} & \sigma_{a_2}^2 \end{bmatrix}; \text{Var} \begin{bmatrix} \mathbf{p}_1 \\ \mathbf{p}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{p_1}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{p_2}^2 \end{bmatrix};$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} \mathbf{s}_1 \\ \mathbf{s}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{s_1}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{s_2}^2 \end{bmatrix}; \text{Var} \begin{bmatrix} \mathbf{e}_1 \\ \mathbf{e}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & 0 \\ 0 & \sigma_{e_2}^2 \end{bmatrix}.$$

### Correlaciones genéticas

Las correlaciones genéticas entre niveles ambientales para una misma característica cuantitativa, considerada como una característica distinta en cada ambiente, se estimaron a partir de los componentes de varianza y covarianza, obtenidas utilizando todas las relaciones genéticas de los animales en estudio (Mrode and Thompson, 2005). Las correlaciones genéticas fueron estimadas mediante la siguiente ecuación (Becker, 1984):

$$\hat{r}_{g_{12}} = \frac{\hat{\sigma}_{a_{12}}}{\hat{\sigma}_{a_1} \cdot \hat{\sigma}_{a_2}}$$

Donde:

- $\hat{r}_{g_{12}}$ , es el estimado de la correlación genética entre el ambiente 1 y 2.
- $\hat{\sigma}_{a_{12}}$ , es el estimado de la covarianza genética entre el ambiente 1 y 2.
- $\hat{\sigma}_{a_1}$  y  $\hat{\sigma}_{a_2}$ , son los estimados de las desviaciones estándar genéticas en los ambientes 1 y 2.

Para estimar la heredabilidad se aplicó la siguiente fórmula (Falconer y Mackay, 1996):

$$\hat{h}^2 = \frac{\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_p^2}$$

Donde:

- $\hat{h}^2$ , es el estimado del valor de heredabilidad.
- $\hat{\sigma}_a^2$ , es el estimado de la varianza genética aditiva.
- $\hat{\sigma}_p^2$ , es el estimado de la varianza fenotípica.

De la misma manera, para estimar la repetibilidad se aplicó la fórmula descrita por Falconer y Mackay (1996).

## **Descripción de los niveles ambientales**

Para el análisis multivariado de niveles ambientales, explicada por el descriptor región geográfica, se utilizaron todos los registros (700,342 lactaciones) de las vacas Holstein de Chile. No obstante, para los siguientes análisis de descriptores ambientales se utilizaron únicamente los registros de vacas que se encontraban en la zona sur (614,875), debido a que es la zona de mayor importancia y concentración ganadera (ODEPA, 2018), de modo que el interés de los efectos de interacción GxE se centran en esta región.

## **Descriptores Categóricos**

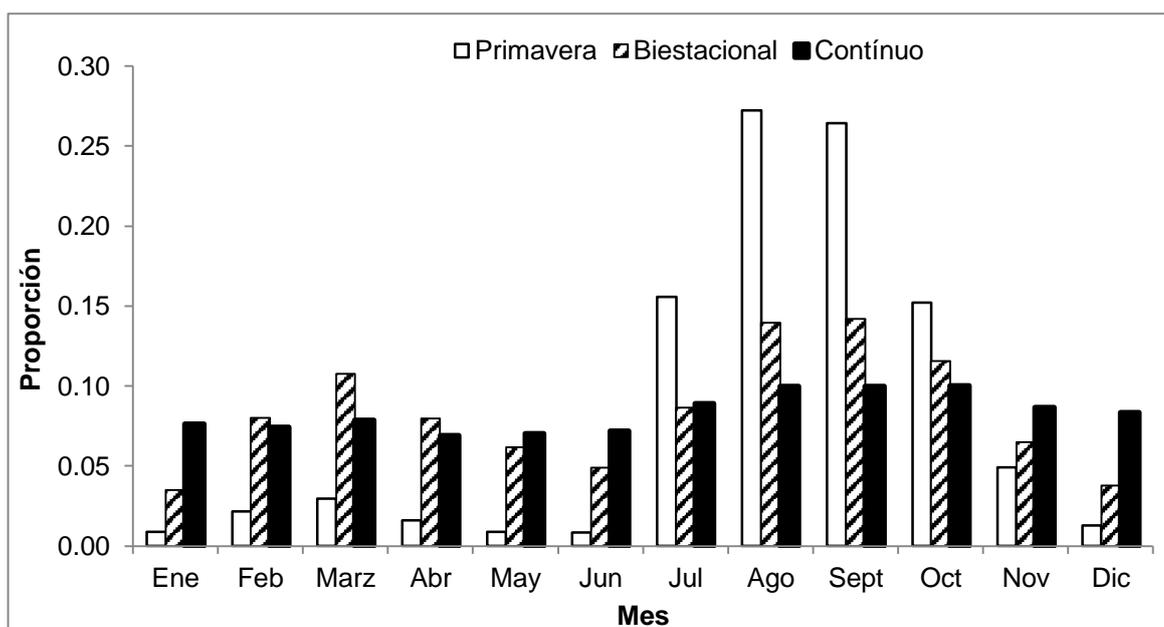
### **Región geográfica**

Se formaron dos niveles ambientales, dada a la ubicación geográfica de los hatos, zona central y sur de Chile. Un 15% (1,141 toros) de los padres de las vacas en estudio tuvieron progenie tanto en la zona central como en la zona sur. El 9% (713) de los toros, tenían por lo menos 5 hijas en cada una de las zonas y el 4% (341) de los toros, tenían por lo menos 20 hijas en cada una de las zonas. Se realizaron dos análisis bivariados para estimar los parámetros genéticos con las dos zonas, el primero de ellos con la totalidad de los registros y el segundo con los registros (308,198 lactaciones) de la progenie del 4% de toros comunes con al menos 20 hijas en cada ambiente; este último análisis se realizó para descartar artefactos estadísticos y comprobar la precisión de las estimaciones del primer análisis, que podría ser influido por el desequilibrio de observaciones y efectos de selección.

### **Sistema de Parto**

Este descriptor clasificó a los hatos de acuerdo a la distribución de los partos de los hatos a través del año. La distribución de los partos para el conjunto de vacas de la raza Holstein por mes en el sur de Chile de acuerdo al sistema de parto para el periodo 1998-2015, se muestra en la figura siguiente. Los hatos se clasificaron así:

- 1) Partos en primavera, conformado por aquellos hatos con al menos 80% de partos entre julio y noviembre. Siendo agrupados 118 hatos (17%) en este sistema.
- 2) Partos biestacionales, hatos con al menos 80% de los partos en otoño (febrero-mayo) y primavera (julio-noviembre), exceptuando los del sistema 1 y hatos que tienen al menos 0.04 más de proporción de partos promedio entre agosto-octubre que en junio y al menos 0.01 más de proporción de partos promedio entre febrero y abril que en junio. Este sistema agrupó a 501 hatos (70%).
- 3) Partos continuos, aquellos hatos que no clasifican en las categorías anteriores. Conformado por 93 hatos (13%).



**Figura 2. Proporción de partos por mes y sistema de parto en bovinos Holstein del sur de Chile.**

El resultado de la clasificación de los partos en categorías es parecido a un sistema usado en Australia (Haile-Mariam *et al.*, 2008), pero en ésta, la estacionalidad de primavera y biestacionalidad es más estricta y hay ligeramente más variación entre meses en el sistema continuo. En Chile hay

más partos en otoño y los hatos biestacionales tienen una distribución otoño/primavera más equilibrada.

No se consideró un nivel de partos en otoño, porque hay muy pocas observaciones como para hacer una categoría separada, de este modo, estos hatos se clasificaron en biestacionales o continuos usando los criterios descritos antes.

### **Descriptores Continuos**

Se formaron dos niveles ambientales para cada descriptor ambiental continuo, tomando el valor de la mediana como punto de clasificación, la que se obtuvo al realizar la distribución de los promedios de los descriptores producción de leche, producción de grasa más proteína, número de animales (tamaño de hato-año), edad al primer parto e intervalo entre partos por hato. De esta manera se obtuvo un ambiente de producción alto (encima de la mediana) y bajo (debajo de la mediana) para los descriptores producción de leche (DPL) y producción de grasa más proteína (DPG+PP) por hato y tamaño de hato-año (DTH) y ambientes de manejo reproductivo alto (debajo de la mediana) y bajo (encima de la mediana) para los descriptores edad al primer parto (DEPP) e intervalo entre partos (DIEP) por hato. De modo que, en esta escala, el nivel alto fue el más deseable para todos los descriptores ambientales.

Además, se consideró el valor del decil superior e inferior (10%) de la distribución de cada descriptor ambiental continuo, para analizar los efectos de interacción GxE en niveles ambientales extremos.

En el Cuadro 3, se muestra el número de registros, la media, desviación estándar y el número de hatos de cada descriptor ambiental por nivel (alto y bajo) del mismo descriptor ambiental.

**Cuadro 3. Estadísticos descriptivos por nivel de los descriptores ambientales continuos.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental (50%)+								Nivel ambiental extremo (10%)+							
	Alto				Bajo				Alto				Bajo			
	N	Media	DE	N Hatos	N	Media	DE	N Hatos	N	Media	DE	N Hatos	N	Media	DE	N Hatos
Edad al Primer Parto (d)	118,665	800	88	240	120,610	892	109	471	24,425	765	68	54	24,766	966	103	140
Intervalo entre Partos (d)	183,596	396	70	367	186,130	414	78	263	33,717	382	59	175	34,069	426	82	96
Producción de leche (kg)	307,446	9,536	1,933	173	307,429	7,351	1,590	539	61,757	10,925	1,963	27	61,327	5,958	1,236	227
Producción de grasa más proteína (kg)	307,132	647	122	173	307,743	506	104	539	61,510	744	127	28	62,308	419	85	230
Tamaño promedio del hato-año (n)	308,984	262	114	90	305,891	49	46	622	63,926	554	138	7	61,636	20	16	409

\*Niveles ambientales alto y bajo determinados por el valor de la mediana (50%) y del decil superior e inferior (10%) de la distribución de los promedios por hato de cada descriptor ambiental continuo. El nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. DE, desviación estándar.

## Software y análisis

La estructura y edición de los datos y el análisis estadístico descriptivo se realizó en el programa estadístico JMP (versión 13) (SAS Institute Inc., 2016). Los análisis de los modelos mixtos animal para una y dos características se realizaron con el algoritmo AI-REML, implementado en el software estadístico ASReml versión 4.1 (Gogel *et al.*, 2015). En los análisis se usó la matriz numerador de relaciones aditivas (**A**) calculada mediante el pedigrí. Todos los análisis de los modelos univariados y bivariados que involucran las características en estudio convergieron. El criterio de convergencia usado fue el definido por default ( $1 \times 10^{-6}$ ) en ASReml versión 4.1, que involucra un cambio menor a un valor determinado en el Log-L y en los parámetros entre dos iteraciones (Gogel *et al.*, 2015).

Se estimaron los componentes de (co)varianza para animal, semental-hato, ambiente permanente y residual, así como las heredabilidades ( $h^2$ ), repetibilidades (t), correlaciones genéticas (rg) y sus errores estándares para las características de producción de leche y reproducción. Las varianzas fenotípicas ( $\sigma_p^2$ ) se calcularon a partir de la suma de la varianza animal y la varianza de los componentes residuales. La varianza de semental-hato se expresó como proporción de la varianza fenotípica.

Se aplicó la prueba de t de Student ( $P < 0.05$ ), para comparar las medias de las características en estudio por zona geográfica.

Se realizaron pruebas de hipótesis para saber si las correlaciones genéticas fueron estadísticamente menores a 0.60, 0.80 y 1.00, mediante la prueba de razón de verosimilitud (LRT). Esta prueba requiere de un modelo mixto adicional para cada factor a probar, en el cual se elimina el factor de interés del modelo. La probabilidad de este modelo “reducido” se compara con la probabilidad del modelo “completo”, para probar la hipótesis nula, de que el componente de varianza para el término eliminado es igual a cero. Si la eliminación del término causa una gran disminución en la probabilidad del modelo reducido, entonces hay más evidencia de que el componente de

varianza para el término es mayor que cero. El valor obtenido se distribuye aproximadamente como un valor de  $X^2$  con 1 grado libertad, porque los modelos difieren para un parámetro, para finalmente obtener el valor de p (Isik *et al.*, 2017).

## Promedios generales y parámetros genéticos univariados en bovinos Holstein en Chile

### Resultados

En los bovinos de la raza Holstein de la zona centro-sur de Chile, se encontró un promedio de producción de leche, grasa, proteína y porcentajes de grasa y proteína por lactación de 8,768 kg, 309 kg, 286 kg, 3.57% y 3.28%, respectivamente. Con una edad al primer parto e intervalo entre partos de 843 días y 405 días, respectivamente (Cuadro 4).

Los estimados de heredabilidades y repetibilidades de las características reproductivas fueron menores a los obtenidos para las características de producción de leche, y éstas menores a las características de composición de leche. La proporción de varianza semental-hato fue mayor para edad al primer parto y menor para el intervalo entre partos (Cuadro 5).

**Cuadro 4. Estadísticos descriptivos en bovinos Holstein en Chile.**

Características	N	Media	DE
Edad al Primer Parto (d)	280,626	843	110
Intervalo entre Partos (d)	413,076	405	75
Producción de Leche (kg)	700,342	8,768	2,394
Producción de Grasa (kg)	700,342	309	83
Producción de Proteína (kg)	700,342	286	76
Contenido de Grasa (%)	700,342	3.57	0.53
Contenido de Proteína (%)	700,342	3.28	0.24

DE, desviación estándar.

**Cuadro 5. Parámetros genéticos univariados en bovinos Holstein en Chile.**

Características	$h^2$	t	$sh^2$	$\sigma_p^2$
Edad al Primer Parto (d)	0.07±0.004	----	0.060±0.002	5,937
Intervalo entre Partos (d)	0.03±0.002	0.05±0.002	0.005±0.001	5,150
Producción de Leche (kg)	0.17±0.004	0.42±0.002	0.046±0.001	2,168,000
Producción de Grasa (kg)	0.18±0.004	0.43±0.002	0.044±0.001	2,978
Producción de Proteína (kg)	0.12±0.004	0.40±0.002	0.049±0.001	2,010
Contenido de Grasa (%)	0.48±0.005	0.70±0.001	0.028±0.001	0.220
Contenido de Proteína (%)	0.51±0.005	0.72±0.001	0.025±0.001	0.044

$h^2$  = Heredabilidad; t = Repetibilidad;  $sh^2$  = Proporción de Varianza Semental-Hato.  
 $\sigma_p^2$  = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error.  
±Error Estándar.

## Discusión

La heredabilidad estimada en la población Holstein de Chile para producción de leche (0.17), grasa (0.18) y proteína (0.12), porcentajes de grasa (0.48) y proteína (0.51), edad al primer parto (0.07) e intervalo entre partos (0.03) (Cuadro 5) fueron similares a los estimados en la Holstein de México (0.18, 0.20, 0.19, 0.46, 0.49, 0.06 y 0.03, respectivamente) (Montaldo *et al.*, 2017a).

Estas heredabilidades fueron menores a los estimados para producción de leche, grasa y proteína y porcentajes de grasa y proteína en la población bovina Blanca y Negra (0.19, 0.21, 0.15, 0.55 y 0.55, respectivamente) (Montaldo *et al.*, 2015) y Overo Colorado (0.29, 0.34, 0.30, 0.56 y 0.56, respectivamente) (Montaldo *et al.*, 2017b) del sur de Chile y a los estimados en bovinos Holstein de EE. UU (0.28, 0.27, 0.26, 0.56 y 0.56, respectivamente) (Castillo-Juárez *et al.*, 2002) y Canadá (0.43, 0.35, 0.39, 0.53 y 0.56, respectivamente) (Miglior *et al.*, 2007).

Las heredabilidades de producción de leche, grasa y proteína se encontraron por debajo del rango indicado para un conjunto de países incluidos en Interbull (0.25-0.34, 0.26-0.34 y 0.24-0.33, respectivamente) (Weigel *et al.*, 2001) y a

los estimados en la Holstein de EE. UU (0.26, 0.23 y 0.22, respectivamente) (VanRaden *et al.*, 2004). La heredabilidad estimada para producción de leche se encontró marcadamente por debajo del estimado en Reino Unido (0.33) (Wall *et al.*, 2003) y en las regiones de Australia (0.25-0.31) (Haile-Mariam *et al.*, 2008) o bien por debajo de los estimados con datos enviados a Interbull para Italia (0.31) y Holanda (0.57) (Nilforooshan *et al.*, 2009).

Las heredabilidades de edad al primer parto e intervalo entre partos fueron mayores a los encontrados en la población Overo Colorado del sur de Chile (0.01 y 0.002, respectivamente) (Montaldo *et al.*, 2017b). Para la edad al primer parto, se estimó una heredabilidad menor a 0.07 en Finlandia (0.05) (Mäntysaari *et al.*, 2002) y EE. UU (0.03) (Cole and Null, 2010) y valores mayores a 0.07 en Canadá (0.09) (Jamrozik *et al.*, 2005).

En bovinos Holstein en Reino Unido, se estimó una heredabilidad para intervalo entre partos (0.024) cercano al obtenido en este estudio (0.03); aunque las heredabilidades para producción de leche (0.28), grasa (0.21) y proteína (0.19) fueron ligeramente mayores a los estimados (Kadarmideen *et al.*, 2003). La heredabilidad obtenida, fue igual al estimado para intervalo entre partos en Reino Unido (0.03) (Wall *et al.*, 2003) y Australia (0.03) (Haile-Mariam *et al.*, 2008), pero fue menor a los estimados para Italia (0.06), Holanda (0.15) (Nilforooshan *et al.*, 2009) y Canadá (0.10) (Jamrozik *et al.*, 2005), y fue similar a la heredabilidad estimada para días abiertos (0.04) en EE. UU (VanRaden *et al.*, 2004). Estas diferencias en los valores de las heredabilidades se relacionan con las diferencias en el manejo productivo y reproductivo de los hatos, clima y registro de estas características en los países (Zwald *et al.*, 2001).

## **Conclusiones**

1) Al igual que en estudios previos, las heredabilidades de las características de producción de leche, son mayores que para características de reproducción.

2) Las heredabilidades de las características de producción de leche estimadas en la Holstein de Chile fueron similares a la Holstein de México; pero fueron menores a los estimados en la Holstein de países como, EE. UU, Canadá, Australia y Reino Unido, y en la población Blanca y Negra y Overo Colorado del sur de Chile.

3) La heredabilidad de edad al primer parto fue menor a los estimados en Canadá, pero fue mayor a los encontrados en Finlandia, EE. UU y en la Overo Colorado del sur de Chile. El estimado para intervalo entre partos fue pequeña y similar a los encontrados en Reino Unido, Australia y EE. UU, pero fue menor a los de Italia, Holanda y Canadá.

## Interacciones genotipo por zona geográfica en Chile

### Resultados

La producción de leche (31%), grasa (27%) y proteína (26%) por lactación en la zona central fueron mayores a los estimados en la zona sur; sin embargo, el contenido de grasa (4%) y proteína (4%) por lactación fueron mayores en la zona sur. Se encontró una menor edad al primer parto (-3%) y un intervalo entre partos (0.5%) aproximadamente igual en la zona central y en la zona sur (Cuadro 6).

Estas diferencias productivas y reproductivas se reflejan por factores indicados anteriormente, como el sistema de manejo, clima y los niveles tecnológicos en cada zona (Di Castri y Hajek, 1976; Vera, 2006). En los hatos de la zona central se puede encontrar un sistema de producción predominantemente intensivo en estabulación (Carrillo *et al.*, 2011); mientras que la mayoría de los hatos de la zona sur practican un sistema de producción a base de pastoreo con suplementación de forrajes y concentrado (Smith *et al.*, 2002).

**Cuadro 6. Estadísticos descriptivos por zona geográfica en Chile.**

Características	Central			Sur			% Diferencia <sup>+</sup>
	N	Media	DE	N	Media	DE	
Edad al Primer Parto (d)	41,351	824 <sub>a</sub>	113	239,275	846 <sub>b</sub>	110	-2.7
Intervalo entre Partos (d)	43,350	407 <sub>a</sub>	75	369,726	405 <sub>b</sub>	75	0.5
Producción de Leche (kg)	85,467	11,098 <sub>a</sub>	3,108	614,875	8,444 <sub>b</sub>	2,080	31.4
Producción de Grasa (kg)	85,467	381 <sub>a</sub>	114	614,875	299 <sub>b</sub>	72	27.4
Producción de Proteína (kg)	85,467	350 <sub>a</sub>	97	614,875	278 <sub>b</sub>	67	25.9
Contenido de Grasa (%)	85,467	3.46 <sub>a</sub>	0.50	614,875	3.58 <sub>b</sub>	0.53	-3.6
Contenido de Proteína (%)	85,467	3.16 <sub>a</sub>	0.23	614,875	3.30 <sub>b</sub>	0.24	-4.2

<sup>+</sup>Porcentaje en la que difieren los promedios de la zona central con respecto a los del sur, tomando como base los promedios de la zona sur. DE, Desviación Estándar.

a, b. Las medias fueron estadísticamente diferentes ( $P < 0.05$ ).

**Cuadro 7. Parámetros genéticos estimados a partir del análisis bivariado entre zonas geográficas.**

Tipo de análisis	Características	Zonas							
		Central				Sur			
		$h^2$	t	$sh^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	t	$sh^2$	$\sigma_p^2$
Todos los datos <sup>1</sup>	EPP	0.09±0.012	----	0.132±0.007	6,283	0.06±0.005	----	0.047±0.002	5,880
	IEP	0.03±0.005	0.06±0.007	0.004±0.002	5,372	0.03±0.002	0.05±0.002	0.005±0.001	5,123
	PL	0.16±0.011	0.39±0.005	0.066±0.004	3,662,800	0.18±0.004	0.43±0.002	0.036±0.001	1,940,300
	PG	0.20±0.012	0.44±0.005	0.051±0.004	5,521	0.19±0.004	0.42±0.002	0.036±0.001	2,593
	PP	0.14±0.011	0.38±0.005	0.068±0.004	3,223	0.13±0.004	0.40±0.002	0.040±0.001	1,827
	%G	0.49±0.012	0.68±0.004	0.023±0.003	0.213	0.47±0.005	0.70±0.001	0.027±0.001	0.221
	%P	0.53±0.012	0.68±0.004	0.020±0.002	0.043	0.51±0.005	0.73±0.001	0.024±0.001	0.044
Sementales comunes <sup>2</sup>	EPP	0.12±0.016	----	0.104±0.008	5,767	0.06±0.008	----	0.037±0.003	5,863
	IEP	0.02±0.006	0.06±0.008	0.005±0.002	5,438	0.03±0.003	0.06±0.003	0.004±0.001	5,280
	PL	0.19±0.014	0.37±0.006	0.063±0.005	3,618,300	0.13±0.008	0.41±0.003	0.032±0.002	2,048,700
	PG	0.21±0.015	0.43±0.006	0.052±0.004	5,439	0.16±0.009	0.41±0.003	0.034±0.002	2,679
	PP	0.15±0.013	0.36±0.006	0.064±0.005	3,184	0.09±0.007	0.38±0.003	0.037±0.002	1,911
	%G	0.49±0.015	0.69±0.004	0.024±0.003	0.210	0.40±0.011	0.68±0.002	0.024±0.002	0.210
	%P	0.54±0.014	0.68±0.004	0.020±0.003	0.042	0.43±0.011	0.72±0.002	0.021±0.002	0.042

EPP = Edad al Primer Parto (d), IEP = Intervalo entre Partos (d), PL = Producción de Leche (kg), PG = Producción de Grasa (kg), PP = Producción de Proteína (kg), %G = Contenido de Grasa (%), %P = Contenido de Proteína (%).  $h^2$  = Heredabilidad; t = Repetibilidad;  $sh^2$  = Proporción de Varianza Semental-Hato.  $\sigma_p^2$  = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

<sup>1</sup>Análisis bivariado realizado con el total de los registros.

<sup>2</sup>Análisis bivariado realizado con los registros de la progenie de sementales comunes con al menos 20 hijas en cada una de las zonas.

En el análisis con todos los datos, los estimados de heredabilidad y repetibilidad de las características productivas y reproductivas son similares entre las zonas. La varianza fenotípica y la proporción de varianza semental-hato es ligeramente mayor en la zona central con respecto al sur para la mayoría de las características en estudio; con excepción del intervalo entre partos y porcentajes de grasa y proteína, cuyos valores fueron similares entre las zonas (Cuadro 7).

En el análisis con datos de la progenie de sementales comunes con al menos 20 hijas en cada una de las zonas, se puede observar que los estimados de heredabilidad para las características en estudio son ligeramente mayores en la zona central que en el sur, con excepción del intervalo entre partos, que fueron similares entre las zonas. Los valores de repetibilidad para todas las características son parecidas entre las zonas. Los valores de varianzas fenotípicas y proporciones de varianza semental-hato obtenidas en este análisis presentan el mismo comportamiento a los estimados en el análisis con todos los datos. Estos resultados indican que las diferencias en el manejo entre las zonas geográficas modifican sólo ligeramente la expresión genética de las características estudiadas (Cuadro 7).

Tanto en el análisis con todos los datos como con los datos de la progenie de sementales comunes, tanto en la zona central como en el sur, los valores obtenidos de heredabilidad y repetibilidad fueron menores para las características de reproducción; intermedios para las características producción de leche, grasa y proteína y mayores para los porcentajes de grasa y proteína (Cuadro 7).

**Cuadro 8. Correlaciones genéticas entre zonas geográficas estimadas con todos los datos y los datos de la progenie de sementales comunes.**

Características	rg <sub>1</sub>	rg <sub>2</sub>
Edad al Primer Parto (d)	0.52±0.11**	0.45±0.13**
Intervalo entre Partos (d)	0.76±0.10*	0.83±0.12*
Producción de Leche (kg)	0.76±0.04*	0.83±0.04*
Producción de Grasa (kg)	0.73±0.04*	0.76±0.05*
Producción de Proteína (kg)	0.65±0.06**	0.65±0.07**
Contenido de Grasa (%)	0.93±0.01*	0.93±0.02*
Contenido de Proteína (%)	0.93±0.01*	0.94±0.01*

\* rg significativamente menor a 1 (P<0.05).

\*\* rg significativamente menor a 0.80 (P<0.05). ±Error Estándar.

<sup>1</sup>Análisis bivariado realizado con el total de los registros (rg<sub>1</sub>).

<sup>2</sup>Análisis bivariado realizado con los registros de la progenie de sementales comunes con al menos 20 hijas en cada una de las zonas (rg<sub>2</sub>).

Las correlaciones genéticas estimadas entre zonas para las características reproductivas y de producción de leche, tanto del análisis con todos los datos y los datos de la progenie de sementales comunes, fueron estadísticamente menores a 1 (P < 0.05). Las correlaciones genéticas estimadas para edad al primer parto y producción de proteína, de los dos análisis, fueron estadísticamente menores a 0.80 (P < 0.05), que es el valor límite establecido por Robertson (1959) para indicar la presencia de efectos de interacción GxE. Sin embargo, éstos últimos, no fueron estadísticamente menores al valor (0.60) (P > 0.05) establecido por Mulder *et al.* (2006), para considerar la presencia de importantes efectos de GxE.

En ambos análisis, los menores valores de correlaciones genéticas se observaron para edad al primer parto y producción de proteína, los valores intermedios fueron para intervalo entre partos y producción de leche y grasa y los mayores valores se encontraron para los contenidos de grasa y proteína.

Las correlaciones genéticas estimadas para edad al primer parto presentan cierta diferencia entre los análisis, esto podría estar relacionado con el valor

de la covarianza aditiva observada en cada análisis (238 y 217, respectivamente) y el número de registros considerados para cada análisis. Los grandes valores de error estándar de las correlaciones genéticas estimadas para edad al primer parto e intervalo entre partos, podría deberse a que el número de registros para estas características es menor frente al número de registros de las características de producción de leche (Cuadro 6).

## **Discusión**

### *Heredabilidades de las características de producción de leche y de reproducción por zona geográfica.*

Las heredabilidades estimadas en el análisis con todos los datos fueron muy próximos a los del análisis con datos de la progenie de sementales comunes, para todas las características estudiadas en las dos zonas, y sus errores estándares fueron muy pequeños (Cuadro 7). Esto podría indicar que los resultados obtenidos en el análisis con toda la información son precisos e insesgados. A continuación, citaremos solo las heredabilidades obtenidas en el análisis con toda la información.

En la zona central de Chile, que tiene una mayor proporción de hatos con sistema de producción intensivo que la zona sur (Carrillo *et al.*, 2011; INE, 2015), las heredabilidades estimadas para producción de leche, grasa y proteína y porcentajes de grasa y proteína (0.16, 0.20, 0.14, 0.49 y 0.53, respectivamente) y en la zona sur, de sistemas de producción a base de pastoreo con suplementación (0.18, 0.19, 0.13, 0.47 y 0.51, respectivamente) (Smith *et al.*, 2002) (Cuadro 7), fueron menores a los estimados en bovinos Holstein de Canadá, en sistemas de manejo convencional (0.37, 0.39, 0.36, 0.67 y 0.64, respectivamente) y de pastoreo rotativo intensivo (0.31, 0.35, 0.30, 0.70 y 0.61, respectivamente) (Boetcher *et al.*, 2003), respectivamente.

Las heredabilidades estimadas en bovinos Holstein de EE. UU en confinamiento, para producción de leche, grasa y proteína (0.20, 0.23 y 0.20, respectivamente) (Kearney *et al.*, 2004a) fueron ligeramente mayores a los

observados en la zona central y las estimadas en sistemas de pastoreo (0.19, 0.19 y 0.17, respectivamente) (Kearney *et al.*, 2004a) fueron similares a los encontrados en hatos de la zona sur.

En bovinos Holstein de Holanda, las heredabilidades estimadas para producción de leche, grasa y proteína y porcentajes de grasa y proteína en hatos con sistema de producción convencionales (0.48, 0.39, 0.39, 0.79 y 0.72, respectivamente) y sistemas de producción orgánico, que tenían una menor ingesta de energía y proteínas, con administración de antibióticos solo en caso de infecciones graves (0.70, 0.58, 0.59, 0.79 y 0.70, respectivamente), fueron mayores a los estimados en la zona central y sur de Chile, respectivamente (Nauta *et al.*, 2006).

Las heredabilidades estimadas para edad al primer parto en la zona central (0.09) y sur (0.06) (Cuadro 7), fueron próximos a los estimados en bovinos Holstein de México, bajo un nivel ambiental alto (0.11) y bajo (0.08) en producción de leche, respectivamente. Sin embargo, estos estimados fueron marcadamente menores a los estimados en ambientes alto (0.33) y bajo (0.20) en producción de leche en EE. UU, usando un modelo sin incluir el efecto de semental-hato, que pudo haber incrementado los estimados (Ruíz-Sánchez *et al.*, 2007). Esta gran diferencia, también puede explicarse por el tamaño de la varianza genética aditiva y ambiental estimada, encontrándose valores de varianza genética mayor y de varianza ambiental menor en los niveles ambientales de EE. UU, que en los hatos de las zonas estructuradas de Chile. Una mayor variación ambiental en hatos de bajo nivel ambiental podría estar asociada con un manejo menos estricto de la edad y el peso corporal a la primera inseminación, lo que se denota con una diferencia de 22 días más de edad al primer parto en la zona sur con respecto a la central (Cuadro 6), así como se observa en el estudio de Ruiz-Sánchez *et al.* (2007) (74 días más en el nivel bajo que en el alto).

Las heredabilidades de intervalo entre partos en la zona central (0.03) y sur (0.03) (Cuadro 7), fueron ligeramente menores a los valores encontrados en hatos de alta (0.04) y baja (0.04) producción de leche en México,

respectivamente (Pelcastre-Cruz, 2011). El valor estimado en hatos de Canadá (Boetcher et al., 2003) con sistema de manejo convencional (0.027) fue similar al observado en la zona central; mientras que el estimado en hatos con pastoreo (0.052) fue mayor al encontrado en la zona sur. A pesar, los bajos valores de las  $h^2$  de las características de reproducción, indica que aún existe variación genética que podría ser útil en los programas de mejora (Mäntysaari et al., 2002; Haile-Mariam et al., 2003; VanRaden et al., 2004; Jamrozik et al., 2005; Cole and Null, 2010).

En hatos Holstein de 3 regiones de Australia, que diferían en una combinación de factores como el clima, nivel de producción de leche, nivel de fertilidad y el propósito de la producción lechera (Haile-Mariam et al., 2008), se encontraron heredabilidades para producción de leche y grasa, porcentaje de proteína e intervalo entre partos en hatos (región 1) con sistemas de producción de leche fluida, con partos en todo el año y de clima relativamente cálido (0.31, 0.25, 0.58 y 0.03, respectivamente) y en hatos (región 2 y 3) caracterizados por procesar la leche, con partos estacionales o divididos y estar bajo un clima templado-frío (0.28, 0.21, 0.55 y 0.02, respectivamente y 0.25, 0.22, 0.57 y 0.03, respectivamente), mayores a los estimados en la zona central y sur, con excepción del intervalo entre partos que fueron iguales. Sin embargo, los niveles de producción de leche de las regiones de Australia (4,993-6,006 kg) fueron menores a los encontrados en las regiones de Chile (Cuadro 6).

#### *Correlaciones genéticas entre zonas geográficas para las características de producción de leche y de reproducción.*

Las correlaciones genéticas estimadas entre hatos de la zona central y sur de Chile para producción de leche, grasa y proteína, porcentajes de grasa y proteína, edad al primer parto e intervalo entre partos del análisis con todos los datos (0.76, 0.73, 0.65, 0.93, 0.93, 0.52 y 0.76, respectivamente) son similares a los estimados con datos de la progenie de sementales comunes (0.83, 0.76, 0.65, 0.93, 0.94, 0.45 y 0.83, respectivamente) (Cuadro 8), indicando que los análisis son precisos y sin sesgos importantes. A

continuación, citaremos únicamente los resultados obtenidos en el análisis con todos los datos.

Las correlaciones genéticas estimadas entre las zonas central y sur para producción de leche (0.76), grasa (0.73) y proteína (0.65) y porcentajes de grasa (0.93) y proteína (0.93), fueron menores a las obtenidas entre hatos con sistema de manejo convencional y de pastoreo (0.93, 0.88, 0.94, 0.92 y 0.96, respectivamente) en Canadá (Boetcher *et al.*, 2003); con excepción de los contenidos de grasa y proteína que fueron similares. De la misma manera, fueron menores a las correlaciones genéticas estimadas entre hatos convencionales y en pastoreo de EE. UU, para producción de leche (0.80), grasa (0.88) y proteína (0.91) (Kearney *et al.*, 2004a). A diferencia de este estudio, las correlaciones genéticas obtenidas por Boetcher *et al.* (2003) y Kearney *et al.* (2004a) no fueron significativamente menores a 1 ( $P > 0.05$ ), indicando la ausencia de efectos de interacción GxE. Estos estudios indican que los valores genéticos y el ordenamiento de los sementales para las características productivas, serían esencialmente iguales en los dos sistemas de manejo, tanto en Canadá como en EE. UU; lo que podría no suceder dentro de las regiones de Chile, principalmente para la producción de proteína (0.65) que presentó un grado moderado de interacción GxE.

Cienfuegos-Rivas *et al.* (1999), encontraron una correlación genética (0.63) significativamente menor a 1 ( $P < 0.0001$ ) para producción de leche, entre hatos Holstein de EE. UU y México, indicando la presencia de importantes efectos de GxE, que provocaría cambios en la jerarquización de los toros entre los ambientes. Esto coincide con Montaldo *et al.* (2009) que encontraron una correlación genética para producción de leche, entre EE. UU y México (0.74) significativamente menor ( $P < 0.05$ ) a la estimada entre Canadá y EE. UU (0.92), el cual es indicativo de interacción GxE. En otro estudio, se encontró una correlación genética entre Chile y EE. UU (0.79), menor que entre EE. UU y Canadá (0.92), sugiriendo un efecto moderado de interacción genotipo por país para la producción de leche (Montaldo *et al.*, 2015).

Las correlaciones genéticas estimadas entre regiones de Australia (Haile-Mariam *et al.*, 2008) para producción de leche ( $\geq 0.94$ ) y grasa ( $\geq 0.90$ ) y porcentaje de proteína ( $\geq 0.99$ ), fueron próximos a la unidad y mayores a los obtenidos en este estudio para estas características, demostrando la ausencia de interacción GxE, que resultase en un reordenamiento de toros que podría considerarse económicamente significativo dentro de Australia.

En otro estudio, Bryant *et al.* (2007), evaluaron los efectos de interacción GxE en la Holstein de Nueva Zelanda bajo 4 niveles ambientales. Los niveles ambientales se formaron de acuerdo al promedio de producción de grasa más proteína por hato-año-estación (HAE); sin embargo, no encontraron evidencia de GxE para las características de producción de leche, debido a que las estimaciones de rg entre estos niveles ambientales (rg más baja= 0.87) no fueron diferentes a 1 ( $P > 0.05$ ).

Es importante señalar que el nivel ambiental 1 y 4, considerados como niveles ambientales extremos, agrupaban HAE que se encontraban en diferentes regiones, tendiendo los hatos con alto rendimiento de grasa más proteína a ubicarse en latitudes más al sur (latitud  $41.9^\circ$ ) y los hatos con bajo rendimiento de grasa más proteína en latitudes más al norte (latitud  $37.7^\circ$ ), lo que puede deberse a niveles de suplementación (mayor en latitudes más bajas) o a un efecto de índice de calor de verano (HLI) en el rendimiento del animal y la disponibilidad de alimento. Las correlaciones genéticas estimadas entre estos ambientes extremos para la producción de leche (0.92), grasa (0.93) y proteína (0.87), fueron mayores a los obtenidos en este estudio, indicando que la nutrición o el ambiente de producción, medido por el rendimiento de grasa más proteína por hato es más homogéneo entre regiones de Nueva Zelanda que entre las regiones de Chile.

La correlación genética estimada entre zonas para edad al primer parto (0.52), indicó la presencia de efectos GxE significativos ( $P < 0.05$ ) (Cuadro 8), que puede ser consecuencia de los factores climáticos y el sistema de manejo en los hatos en cada zona; lo que provoca un reordenamiento de los toros en

cada región; sin embargo, esta correlación no fue estadísticamente menor a 0.60 ( $P > 0.05$ ).

Ruíz-Sánchez *et al.* (2007) encontraron una correlación genética para EPP entre hatos con alta y baja producción de leche (0.69), mayor al estimado en este estudio; este resultado y los hallazgos de Cerón-Muñoz *et al.* (2004), quienes estimaron una correlación genética de 0.78 para EPP, entre hatos Holstein brasileños y colombianos apoyan nuestros resultados, indicando diferencias en el reordenamiento de toros de forma consistente con una interacción GxE.

La correlación genética estimada para intervalo entre partos entre las regiones de Chile (0.76) (Cuadro 8) fue estadísticamente menor a 1 ( $P < 0.05$ ) y menor a los obtenidos entre las regiones de Australia ( $\geq 0.97$ ) (Haile-Mariam *et al.*, 2008). En Canadá, se encontró un estimado menor para intervalo entre partos, entre hatos convencionales y de pastoreo (0.64), sin embargo, éste no fue estadísticamente menor a 1 ( $P > 0.05$ ) (Boetcher *et al.*, 2003). Las  $r_g$  estimadas por Boetcher *et al.* (2003) y Haile-Mariam *et al.* (2008) fueron cercanos a la unidad, por lo tanto, los ambientes de los hatos dentro de Canadá y Australia no eran tan diferentes como se podía observar en otro país como EE. UU o entre Nueva Zelanda y Canadá, de la misma forma, los ambientes de los hatos dentro de Chile para intervalo entre partos fueron relativamente similares.

En otros estudios sobre características reproductivas, en bovinos Holstein de EE. UU, no se encontraron evidencia de interacción GxE para los días abiertos (0.74), días al primer servicio (1.00) y el número de servicios por concepción (1.00), entre hatos en confinamiento y pastoreo (Kearney *et al.*, 2004b); ni para la tasa de concepción al primer servicio (1.00) entre ambientes de bajo y alto nivel de producción de leche (Castillo-Juárez *et al.*, 2000), indicando que los valores genéticos y el ordenamiento de los toros para estas características sería el mismo en los dos niveles ambientales.

Estos resultados indican que las diferencias entre las regiones central y sur de Chile, modifican la expresión genética de la edad al primer parto y producción de proteína en bovinos Holstein.

## **Conclusiones**

1) Las heredabilidades, correlaciones genéticas y los errores estándar estimados para las características productivas y reproductivas, en el análisis con todos los datos y con los datos de la progenie de sementales comunes con al menos 20 hijas en cada una de las zonas (central y sur), fueron similares entre sí, indicando que los análisis realizados con toda la información fueron precisos e insesgados.

2) La zona central, con hatos en su mayoría con sistema de manejo intensivo y en la zona sur, con mayor proporción de hatos con sistemas de pastoreo con suplementación, presentaron heredabilidades para las características de producción de leche, menores a los estimados en hatos convencionales y de pastoreo en Canadá, EE. UU y Holanda y en las regiones de Australia. Las heredabilidades estimadas para edad al primer parto e intervalo entre partos de las zonas de Chile fueron similares a los niveles ambientales en producción de Canadá, México y Australia; sin embargo, fueron menores a los estimados en los niveles ambientales de EE. UU. Esto nos indica que, probablemente, en las regiones de Chile existe una menor varianza genética aditiva y/o una mayor varianza ambiental para las características productivas y reproductivas.

3) Las correlaciones genéticas estimadas entre zonas para producción de leche y grasa, porcentajes de grasa y proteína e intervalo entre partos fueron significativamente menores a 1 ( $P < 0.05$ ). No obstante, las correlaciones genéticas para edad al primer parto (0.52) y producción de proteína (0.65) fueron estadísticamente menores a 0.80 ( $P < 0.05$ ), sugiriendo la presencia de efectos significativos de interacción GxE para estas características, que puede ser consecuencia de los factores climáticos y los sistemas de producción en cada zona; sin embargo, el grado de reordenamiento no es lo suficientemente grande para justificar el desarrollo de programas de

mejoramiento genético específicos por ambiente, además éstos, no fueron inferiores a 0.60 ( $P > 0.05$ ) y su impacto en un índice de valor económico sería menor que para cada característica.

4) Las correlaciones genéticas estimadas entre las zonas estructuradas de Chile, para las características productivas y reproductivas, con excepción de la edad al primer parto y producción de proteína, coincidieron con los resultados de estudios realizados para evaluar los efectos de interacción GxE, entre sistemas de manejo convencional y de pastoreo en EE. UU y Canadá, entre niveles ambientales altos y bajos en producción de leche en EE. UU y Nueva Zelanda y entre las regiones de Australia; donde las correlaciones genéticas fueron cercanas a la unidad. Con lo que se pudo confirmar que los sistemas de manejo dentro de Chile, EE. UU, Canadá, Nueva Zelanda y Australia no eran tan diferentes como se podía observar entre países como EE. UU y México, EE. UU y Chile o Nueva Zelanda y Canadá.

## Interacciones genotipo por sistema de parto en Holstein del sur de Chile

### Resultados

Los hatos del sur de Chile (712), fueron clasificados en sistemas de parto estacional de primavera (118 hatos), biestacional (501 hatos) y continuo (93), de acuerdo a la distribución mensual de partos de los hatos a lo largo del año. Los promedios de las características reproductivas y productivas en el sistema estacional de primavera fueron menores a los del sistema biestacional y continuo; con excepción del contenido de grasa y proteína que fueron similares entre los sistemas de parto. Los promedios del sistema de parto biestacional y continuo fueron similares.

**Cuadro 9. Estadísticos descriptivos por sistema de parto en el sur de Chile.**

Características	Sistema de Parto								
	Primavera			Biestacional			Continuo		
	N	Media	DE	N	Media	DE	N	Media	DE
Edad al Primer Parto (d)	10,978	817	112	199,057	849	110	29,240	840	106
Intervalo entre Partos (d)	12,641	391	71	314,822	405	75	42,263	407	74
Producción de Leche (kg)	23,893	7,674	2,076	518,604	8,443	2,055	72,378	8,702	2,191
Producción de Grasa (kg)	23,893	270	66	518,604	298	71	72,378	309	78
Producción de Proteína (kg)	23,893	258	69	518,604	278	67	72,378	282	70
Contenido de Grasa (%)	23,893	3.59	0.59	518,604	3.58	0.53	72,378	3.59	0.51
Contenido de Proteína (%)	23,893	3.37	0.22	518,604	3.30	0.23	72,378	3.25	0.24

DE, Desviación Estándar.

Las heredabilidades y repetibilidades estimadas para las características en estudio, en hatos con parto biestacional y continuo son similares entre sí; mientras que los estimados del sistema estacional de primavera fueron menores a los anteriores, con excepción de la edad al primer parto. El mayor valor de heredabilidad para edad al primer parto (0.16) se encontró en el sistema estacional de primavera, para intervalo entre partos (0.03), producción de leche (0.18) y proteína (0.13) y contenido de proteína (0.51) en el sistema biestacional y para producción de grasa (0.20) y contenido de grasa (0.51) en el sistema de partos continuo (Cuadro 10).

La proporción de varianza semental-hato y varianza fenotípica son diferentes entre los sistemas de parto para todas las características, con excepción del contenido de grasa y proteína, cuyos estimados son muy similares entre los sistemas (Cuadro 10).

**Cuadro 10. Parámetros genéticos estimados a partir del análisis bivariado entre sistemas de parto.**

Características	Primavera				Biestacional				Continuo			
	$h^2$	t	$sh^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	t	$sh^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	t	$sh^2$	$\sigma_p^2$
EPP	0.16±0.039	----	0.077±0.013	4,936	0.06±0.005	----	0.045±0.002	5,924	0.02±0.009	----	0.042±0.005	5,904
IEP	0.01±0.010	0.01±0.010	0.003±0.004	3,710	0.03±0.002	0.05±0.002	0.005±0.001	5,178	0.02±0.005	0.06±0.006	0.003±0.002	5,095
PL	0.12±0.020	0.37±0.009	0.018±0.006	1,443,300	0.18±0.005	0.42±0.002	0.034±0.001	1,947,000	0.15±0.011	0.49±0.005	0.055±0.004	2,054,000
PG	0.18±0.027	0.46±0.010	0.029±0.008	1,888	0.19±0.005	0.42±0.002	0.033±0.001	2,602	0.20±0.011	0.48±0.005	0.062±0.004	2,746
PP	0.08±0.019	0.37±0.009	0.003±0.007	513	0.13±0.004	0.39±0.002	0.037±0.001	719	0.11±0.010	0.45±0.005	0.068±0.005	857
%G	0.32±0.029	0.76±0.008	0.027±0.007	0.222	0.47±0.005	0.70±0.002	0.027±0.001	0.221	0.51±0.013	0.70±0.004	0.028±0.003	0.209
%P	0.32±0.026	0.72±0.007	0.020±0.006	0.043	0.51±0.006	0.73±0.002	0.023±0.001	0.044	0.50±0.013	0.72±0.004	0.033±0.004	0.042

EPP = Edad al Primer Parto (d), IEP = Intervalo entre Partos (d), PL = Producción de Leche (kg), PG = Producción de Grasa (kg), PP = Producción de Proteína (kg), %G = Contenido de Grasa (%), %P = Contenido de Proteína (%).  $h^2$  = Heredabilidad; t = Repetibilidad;  $sh^2$  = Proporción de Varianza Semental-Hato.  $\sigma_p^2$  = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error.  $\pm$ Error Estándar.

**Cuadro 11. Correlaciones genéticas estimadas entre sistemas de parto estacional de primavera, biestacional y continuo.**

Características	$rg_{PB}$	$rg_{PC}$	$rg_{BC}$
Edad al Primer Parto (d)	0.89±0.09	0.37±0.37*	0.88±0.12
Intervalo entre Partos (d)	0.99±0.46	0.92±0.47	0.90±0.10
Producción de Leche (kg)	0.83±0.07*	0.95±0.08	1.00±0.00
Producción de Grasa (kg)	0.82±0.07*	0.85±0.09*	1.00±0.00
Producción de Proteína (kg)	0.78±0.10*	0.93±0.11	0.99±0.03
Contenido de Grasa (%G)	0.97±0.03	0.97±0.04	0.99±0.01
Contenido de Proteína (%P)	0.96±0.03	0.89±0.04*	0.99±0.01

\* rg significativamente menor a 1 ( $P < 0.05$ ).  $\pm$ Error Estándar.  
 $rg_{PB}$ , entre el sistema estacional de primavera y biestacional.  
 $rg_{PC}$ , entre el sistema estacional de primavera y continuo.  
 $rg_{BC}$ , entre el sistema biestacional y continuo.

Las correlaciones genéticas estimadas entre animales en hatos con partos estacionales en primavera y biestacional ( $rg_{PB}$ ), para producción de leche (0.83), grasa (0.82) y proteína (0.78) fueron estadísticamente menores a 1 ( $P < 0.05$ ). Las correlaciones genéticas estimadas entre hatos con partos estacionales en primavera y continuo ( $rg_{PC}$ ), para edad al primer parto (0.37), producción de grasa (0.85) y contenido de proteína (0.89) fueron estadísticamente menores a 1 ( $P < 0.05$ ). Sin embargo, ninguna de las correlaciones genéticas estimadas, fueron estadísticamente menores a 0.80 ( $P > 0.05$ ).

## Discusión

*Heredabilidades de las características de producción de leche y de reproducción en los sistemas de parto.*

En el sur de Chile, las heredabilidades estimadas para producción de leche, grasa y proteína en hatos con sistema de parto estacional de primavera (0.12, 0.18 y 0.08, respectivamente), biestacional (0.18, 0.19 y 0.13, respectivamente) y continuo (0.15, 0.20 y 0.11, respectivamente) (Cuadro 10),

fueron menores a los encontrados en hatos con sistema de parto estacional (una época de partos por año) (0.28, 0.22 y 0.23, respectivamente), dividido (dos épocas de parto por año) (0.25, 0.21 y 0.21, respectivamente) y distribuidos a lo largo de todo el año (0.29, 0.24 y 0.23, respectivamente) en Australia (Haile-Mariam *et al.*, 2008). Mientras que el intervalo entre partos de los diferentes sistemas, estacional (0.01), biestacional (0.03) y continuo (0.02) (Cuadro 10) fueron similares a los estimados en Australia (0.02, 0.03 y 0.03, respectivamente).

El mayor valor de la heredabilidad para edad al primer parto (0.16), se encontró en hatos de parto estacional de primavera que en hatos biestacionales (0.06) y continuos (0.02), donde el nivel de producción de leche y sus heredabilidades fueron los más bajos (Cuadros 9 y 10); esto coincide con lo estimado en Australia, donde la heredabilidad para la mayoría de las características de fertilidad, fue la más alta cuando el tamaño del hato es más pequeño y cuando los niveles de producción de leche del hato son menores (Haile-Mariam *et al.*, 2008). En otro estudio se encontró que las estimaciones de heredabilidad para fertilidad incrementan ligeramente a medida que los promedios declinan, como se observó para edad al primer parto en el sistema estacional de este estudio, cuyo promedio fue el menor de todos los sistemas (817 días) (Cuadro 9) y que el sistema de partos estacionales es más común en países con sistemas de pastoreo (Zwald *et al.*, 2003).

El retraso deliberado del apareamiento, que también puede resultar en una baja heredabilidad de las características de fertilidad, es probable que sea más común en los hatos con partos durante todo el año que en hatos de partos divididos, como se puede observar para edad al primer parto e intervalo entre partos de este estudio. En el caso de los hatos de partos estacionales, el intento de tener un período de parto más estricto puede implicar el uso frecuente de la sincronización de estros e inseminación artificial a tiempo fijo, lo que puede reducir el valor de las características de fertilidad, como sucede con el intervalo entre partos (Haile-Mariam *et al.*, 2008).

En hatos lecheros de EE. UU, se encontraron heredabilidades menores para la característica días al primer servicio, en vacas con tratamiento de sincronización (0.06) e inseminación a tiempo fijo (0.05) frente a las vacas de celo observado (0.09); además informaron que la sincronización redujo sustancialmente las varianzas residuales y de semental de las características días al primer servicio, días abiertos y tasa de preñez a los 120 días postparto (Goodling *et al.*, 2005).

El 70% de los hatos (501) del sur del sur de Chile tienen un sistema de partos biestacionales, el 17% (118) practican el sistema estacional de primavera (julio a noviembre) y el 13% (93) tienen partos a lo largo del año (Fig. 2). Mientras que la mayoría de los hatos de Australia mantienen un sistema de parto estacional que coincide con la primavera (Dairy Australia, 2017). De la misma manera, en Nueva Zelanda más del 96% de las vacas paren entre julio y octubre (primavera) cada año y un 2%, entre marzo y mayo (otoño), predominando los hatos con sistema de parto estacional (Dairy NZ, 2010).

*Correlaciones genéticas entre los sistemas de parto para las características de producción de leche y de reproducción.*

Las correlaciones genéticas encontradas para producción de leche, grasa, proteína y porcentajes de grasa y proteína entre los sistemas de parto estacional-biestacional (0.83, 0.82, 0.78, 0.97 y 0.96, respectivamente), estacional-continuo (0.95, 0.85, 0.93, 0.97 y 0.89, respectivamente) y biestacional-continuo (1.00, 10.00, 0.99, 0.99 y 0.99, respectivamente) fueron significativamente mayores ( $P > 0.05$ ) al valor límite (0.80) establecido por Robertson (1959) (Cuadro 11). Esta evaluación de interacción genotipo por el sistema de partos para las características de producción de leche, coincide con los estudios realizados por Haile-Mariam *et al.* (2008), debido a que las correlaciones genéticas estimadas entre los sistemas estacional-dividido ( $\geq 0.98$ ), estacional-anual ( $\geq 0.97$ ) y biestacional-anual ( $\geq 0.97$ ) fueron cercanos a 1; demostrando la ausencia de efectos de interacción genotipo por sistema de partos en Chile y Australia. De la misma manera, estos resultados fueron similares a los estimados en Canadá (0.88-0.94) (Boettcher *et al.*, 2003) y EE.

UU (0.88-0.91) (Kearney *et al.*, 2004a), al no encontrar evidencia de interacción genotipo por sistema de manejo de los hatos para las características de producción de leche.

Las correlaciones genéticas estimadas para edad al primer parto e intervalo entre partos entre los sistemas estacional-biestacional (0.89, 0.99), estacional-continuo (0.37, 0.92) y biestacional-continuo (0.88, 0.90) (Cuadro 11), fueron similares a los estimados en Australia para las características de fertilidad como, intervalo entre partos, intervalo parto primer servicio, tasa de no retorno al primer servicio y tasa de preñez entre los sistemas estacional-dividido (0.89, 0.77, 0.99 y 0.83, respectivamente), estacional-anual (0.96, 0.93, 0.99 y 0.99, respectivamente) y biestacional-anual (0.83, 0.99, 0.99 y 0.37, respectivamente) (Haile-Mariam *et al.*, 2008), concluyendo que estos resultados no proporcionan evidencia de interacción GxE para las características de fertilidad en los ambientes definidos.

En comparación con las características de producción, hipotéticamente se podría pensar, que las características de fertilidad están más influenciados por interacciones genotipo por sistema de partos, ya que el ambiente afectaría directamente en mayor grado a estas características. Para los ganaderos que practican partos estacionales, la fertilidad es más importante en comparación con los ganaderos que manejan un sistema de partos durante todo el año. Pero la interacción GxE en características con baja heredabilidad son difíciles de detectar estadísticamente, que en las características con alta heredabilidad (Haile-Mariam *et al.*, 2008).

## **Conclusiones**

1) En el sur de Chile, con un sistema de producción predominantemente de pastoreo con suplementación, se encontró una mayor proporción de hatos con sistema de partos biestacionales (otoño y primavera) (70%) y una menor proporción de hatos con sistema de partos estacional de primavera (17%) y distribuidos a lo largo de todo el año (13%).

2) Los hatos con partos estacionales de primavera presentaron los menores valores de heredabilidades para las características de producción de leche y los mayores valores para las características reproductivas, donde los niveles de producción de leche fueron bajos. Mientras que los hatos con partos biestacionales y continuos, presentaron los mayores valores de heredabilidades para las características de producción de leche, pero las heredabilidades para las características reproductivas fueron las más bajas, éstos a su vez tenían los mayores rendimientos de leche y mayores (“peores”) niveles reproductivos.

3) Se pudo observar que la heredabilidad para las características de reproducción fue mayor cuando los niveles de producción de leche son menores; sin embargo, pueden estar confundidos, debido a que factores externos, como la sincronización de los celos e inseminación a tiempo fijo pueden afectar los valores de heredabilidad de las características de fertilidad, principalmente en los sistemas de parto estacional.

4) Este estudio coincidió con la evaluación de GxE realizado en Australia, donde las correlaciones genéticas fueron cercanas a la unidad; indicando la ausencia de efectos de genotipo por el sistema de partos en Chile y Australia para las características productivas y reproductivas.

## **Interacciones genotipo por nivel de distintos descriptores ambientales de hato en el sur de Chile**

### **Resultados**

*Promedios y porcentaje de diferencias entre niveles de los descriptores ambientales continuos.*

En los niveles ambientales altos de los descriptores de hato, los mayores promedios de producción de leche, grasa y proteína se observaron en los descriptores producción de leche y producción de grasa más proteína por hato, y los menores promedios de estas características en el descriptor intervalo entre partos. El menor promedio de edad al primer parto de los niveles altos, se encontró en el descriptor edad al primer parto, mientras que el mayor promedio se observó en el descriptor intervalo entre partos. Los promedios de intervalo entre partos y porcentajes de grasa y proteína fueron similares entre los niveles ambientales altos de los diferentes descriptores (Cuadro 12). En los niveles ambientales bajos de los descriptores ambientales de hato, los menores promedios de edad al primer parto y porcentajes de grasa y proteína, se encontraron en el descriptor intervalo entre partos; sin embargo, bajo este mismo descriptor se encontraron los mayores promedios de producción de leche, grasa y proteína en relación a los demás niveles bajos (Cuadro 12).

Los mayores porcentajes de diferencias de promedios entre los niveles altos y bajos de los diferentes descriptores, se encontraron para producción de leche, grasa y proteína en los descriptores producción de leche (30%, 24%, 29%) y producción de grasa más proteína (29%, 26%, 29%). En los niveles altos y bajos del descriptor intervalo entre partos, los promedios de producción de leche, grasa y proteína (1%, 2%, 3%) fueron similares. El mayor porcentaje de diferencia entre niveles para la edad al primer parto se observó con el descriptor edad al primer parto (-10%). Los porcentajes de diferencia entre niveles para el intervalo entre partos y porcentajes de grasa y proteína fueron mínimos en todos los descriptores ambientales en estudio (Cuadro 12).

**Cuadro 12. Media por nivel y porcentaje de diferencias entre niveles de los descriptores ambientales continuos.**

Características	DEPP			DIEP			DPL			DPG+PP			DTH		
	Alto	Bajo	% Dif.	Alto	Bajo	% Dif.	Alto	Bajo	% Dif.	Alto	Bajo	% Dif.	Alto	Bajo	% Dif.
Edad al Primer Parto (d)	800	892	-10.3	837	855	-2.1	823	868	-5.2	820	871	-5.9	827	864	-4.3
Intervalo entre Partos (d)	404	407	-0.7	396	414	-4.3	405	405	0.0	405	406	-0.2	406	405	0.2
Producción de Leche (kg)	9,068	7,819	16.0	8,499	8,393	1.3	9,536	7,351	29.7	9,506	7,384	28.7	9,028	7,853	15.0
Producción de Grasa (kg)	319	278	14.7	302	296	2.0	331	267	24.0	333	264	26.1	317	280	13.2
Producción de Proteína (kg)	299	256	6.8	281	274	2.6	313	243	28.8	313	242	29.3	297	259	14.7
Contenido de Grasa (%)	3.57	3.60	-0.8	3.60	3.56	1.1	3.50	3.66	-4.4	3.55	3.62	-1.9	3.56	3.61	-1.4
Contenido de Proteína (%)	3.31	3.29	0.6	3.32	3.28	1.2	3.29	3.31	-0.6	3.31	3.29	0.6	3.29	3.30	-0.3

Nivel ambiental *alto* y *bajo*, determinados por el valor de la mediana (50%) de la distribución de los promedios por hato de cada descriptor ambiental continuo. El nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental.

DEPP, descriptor edad al primer parto; DIEP, descriptor intervalo entre partos, DPL, descriptor producción de leche; DPG+PP, descriptor producción de grasa más proteína y DTH, descriptor tamaño de hato-año. % *Dif.* Porcentaje en la que difieren los promedios del nivel alto con respecto al nivel bajo, tomando como base los promedios del nivel bajo.

En los niveles ambientales extremos altos de los descriptores ambientales, producción de leche y producción de grasa más proteína, se encontraron los mayores promedios de producción de leche, grasa y proteína, y los menores promedios de estas características en el nivel alto del descriptor intervalo entre partos; donde, además, los porcentajes de grasa y proteína fueron mayores en relación a los demás niveles extremos altos. Los menores promedios de edad al primer parto e intervalo entre partos de los niveles altos se encontraron en el descriptor edad al primer parto (Cuadro 13).

En el caso de los niveles ambientales extremos bajos de los diferentes descriptores de hato, los promedios de producción de leche, grasa y proteína e intervalo entre partos fueron mayores en el descriptor intervalo entre partos; aunque los contenidos de grasa y proteína fueron menores en relación a otros descriptores. La menor edad al primer parto de los niveles extremos bajos se encontró en el descriptor tamaño de hato-año (Cuadro 13).

Se observó que el descriptor producción de grasa más proteína provocó las mayores diferencias entre los deciles altos y bajos para producción de leche, grasa y proteína (81%, 75%, 81%). Se encontró una marcada diferencia en los promedios de edad al primer parto entre niveles clasificados por el descriptor edad al parto (-21%) y para el intervalo entre partos por el descriptor intervalo entre partos (-10%). En cuanto a los contenidos de grasa y proteína se encontraron ligeras diferencias entre los deciles altos y bajos de los descriptores producción de leche (-6%, -1%) y tamaño de hato-año (-7%, -1%) (Cuadro 13).

**Cuadro 13. Media por nivel y porcentaje de diferencias entre niveles extremos de los descriptores ambientales continuos.**

Características	DEPP			DIEP			DPL			DPG+PP			DTH		
	Alto	Bajo	% Dif.	Alto	Bajo	% Dif.	Alto	Bajo	% Dif.	Alto	Bajo	% Dif.	Alto	Bajo	% Dif.
Edad al Primer Parto (d)	765	966	-20.8	854	878	-2.7	803	898	-10.6	800	913	-12.4	796	876	-9.1
Intervalo entre Partos (d)	400	405	-1.2	382	426	-10.3	407	405	0.5	406	405	0.2	405	403	0.5
Producción de Leche (kg)	9,400	6,956	35.1	7,653	8,114	-5.7	10,925	5,958	83.4	10,881	6,027	80.5	9,691	7,096	36.6
Producción de Grasa (kg)	344	250	37.6	280	287	-2.4	382	222	72.1	385	220	75.0	328	257	27.6
Producción de Proteína (kg)	311	228	36.4	256	263	-2.7	360	198	81.8	359	198	81.3	317	233	36.1
Contenido de Grasa (%)	3.70	3.63	1.9	3.71	3.57	3.9	3.53	3.76	-6.1	3.57	3.68	-3.0	3.42	3.66	-6.6
Contenido de Proteína (%)	3.32	3.29	0.9	3.36	3.25	3.4	3.30	3.33	-0.9	3.31	3.30	0.3	3.27	3.30	-0.9

Nivel ambiental extremo *alto* y *bajo*, determinados por el valor del decil superior e inferior (10%) de la distribución de los promedios por hato de cada descriptor ambiental continuo. El nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental.

DEPP, descriptor edad al primer parto; DIEP, descriptor intervalo entre partos, DPL, descriptor producción de leche; DPG+PP, descriptor producción de grasa más proteína y DTH, descriptor tamaño de hato-año. % *Dif.* Porcentaje en la que difieren los promedios del nivel alto con respecto al nivel bajo, tomando como base los promedios del nivel bajo.

*Heredabilidades y correlaciones genéticas entre niveles de los descriptores ambientales continuos.*

Las correlaciones genéticas estimadas entre los niveles ambientales altos y bajos para producción de leche fueron estadísticamente menores a 1 ( $P < 0.05$ ), en los descriptores edad al primer parto (0.96), producción de leche (0.95) y producción de grasa más proteína (0.95). Las heredabilidades para producción de leche en los niveles ambientales altos de los descriptores estudiados se encontraron entre 0.18 y 0.21 y en los niveles bajos, entre 0.15 y 0.19 (Cuadro 14).

Las correlaciones genéticas entre niveles ambientales altos y bajos para producción de grasa fueron estadísticamente menores a la unidad ( $P < 0.05$ ), en los descriptores edad al primer parto (0.97), producción de leche (0.97), producción de grasa más proteína (0.95) y tamaño de hato-año (0.96). Las  $h^2$  estimadas para esta característica fueron ligeramente mayores en los niveles altos (0.19-0.22) que en los niveles bajos (0.16-0.19) (Cuadro 15).

Las correlaciones genéticas para producción de proteína entre los niveles ambientales, fueron significativamente menores a la unidad ( $P < 0.05$ ) en los descriptores edad al primer parto (0.95), producción de leche (0.94), producción de grasa más proteína (0.93) y tamaño de hato-año (0.96). Los estimados de heredabilidad para producción de proteína fueron similares entre los niveles altos (0.13-0.15) y bajos (0.11-0.14) (Cuadro 16).

Las correlaciones genéticas estimadas entre niveles ambientales para los contenidos de grasa y proteína, no fueron estadísticamente menores a 1 ( $P > 0.05$ ) en ninguno de los descriptores ambientales. Las heredabilidades para el contenido de grasa en los niveles altos, se encontraron entre 0.46 y 0.52 y en los niveles bajos, entre 0.41 y 0.48. Las  $h^2$  para el contenido de proteína difirieron ligeramente entre los niveles altos (0.50-0.56) y bajos (0.44-0.51) de los diferentes descriptores ambientales (Cuadros 17 y 18).

Las correlaciones genéticas entre niveles para edad al primer parto fueron estadísticamente menores a la unidad ( $P < 0.05$ ), en los descriptores edad al

primer parto (0.87), producción de leche (0.83), producción de grasa más proteína (0.84) y tamaño de hato-año (0.82) (Cuadro 18). Las  $h^2$  para esta característica fueron marcadamente mayores en los niveles bajos de los descriptores (0.10-0.22) que, en los niveles altos (0.04-0.05) (Cuadro 19).

La correlación genética entre niveles ambientales para intervalo entre partos fue significativamente menor a la unidad ( $P < 0.05$ ), solo en el descriptor producción de grasa más proteína (0.92). Los estimados de heredabilidades para esta característica fueron iguales (0.03) en los niveles de los descriptores (Cuadro 20).

Las correlaciones genéticas estimadas entre los deciles altos y bajos para producción de leche, fueron significativamente menores a la unidad ( $P < 0.05$ ) en los diferentes descriptores ambientales, variando entre 0.67 y 0.86; sin embargo, no fueron estadísticamente menores a 0.80 ( $P > 0.05$ ). Las heredabilidades estimadas para esta característica en el decil alto de los descriptores, variaron entre 0.17 y 0.27 y en el decil bajo, entre 0.11 y 0.19 (Cuadro 21).

Para la producción de grasa, las correlaciones genéticas encontradas entre los niveles ambientales extremos fueron estadísticamente menores a 1 ( $P < 0.05$ ) en los descriptores edad al primer parto (0.83), producción de leche (0.71) y producción de grasa más proteína (0.78), pero no fueron estadísticamente menores a 0.80 ( $P > 0.05$ ). Las heredabilidades estimadas para producción de grasa en los niveles extremos altos, se encontraron entre 0.14 y 0.26 y entre 0.10 y 0.18, en los niveles extremos bajos (Cuadro 22).

Las correlaciones genéticas entre deciles para producción de proteína fueron significativamente menores a la unidad ( $P < 0.05$ ), en los descriptores edad al primer parto (0.76), intervalo entre partos (0.84), producción de leche (0.72) y producción de grasa más proteína (0.70), pero no fueron significativamente menores a 0.80 ( $P > 0.05$ ). Las heredabilidades para esta característica fueron mayores en los niveles altos (0.13-0.18) de los descriptores ambientales que en los bajos (0.09-0.12) (Cuadro 23).

Las correlaciones genéticas estimadas para los porcentajes de grasa y proteína fueron significativamente menores a 1 ( $P < 0.05$ ), en todos los descriptores ambientales continuos, variando entre 0.89 y 0.94 y entre 0.89 y 0.96, respectivamente. Las heredabilidades para el porcentaje de grasa en los deciles superiores de los descriptores, se encontraron entre 0.38 y 0.57, y entre 0.32 y 0.45, en los deciles inferiores. Para el porcentaje de proteína, se estimaron entre 0.42 y 0.64, en los deciles superiores y entre, 0.40 y 0.46, en los deciles inferiores (Cuadros 24 y 25).

Las heredabilidades estimadas para la edad al primer parto, en los deciles inferiores (0.14-0.44) de los descriptores ambientales continuos fueron mayores a los estimados en los deciles superiores (0.02-0.05). Las heredabilidades encontradas para intervalo entre partos fueron similares entre los deciles superiores e inferiores, variando entre 0.03 y 0.05 y entre 0.02 y 0.03, respectivamente (Cuadros 26 y 27).

En cuanto a las correlaciones genéticas estimadas entre los deciles superiores e inferiores para la edad al primer parto, éstos fueron estadísticamente menores a la unidad ( $P < 0.05$ ) en todos los descriptores ambientales, variando entre -0.13 y 0.75. De éstos, solo la correlación genética estimada entre los niveles del descriptor producción de grasa más proteína fue estadísticamente menor a 0.80 ( $P < 0.05$ ) y la correlación genética estimada entre los niveles del descriptor producción de leche fue estadísticamente menor a 0.60 ( $P < 0.05$ ); que son los valores límites establecido por Robertson (1959) y Mulder *et al.* (2006), respectivamente, para indicar la presencia de importantes efectos de interacción GxE (Cuadro 26).

Las correlaciones genéticas estimadas entre deciles para el intervalo entre partos, fueron estadísticamente menores a la unidad ( $P < 0.05$ ), únicamente en los descriptores producción de leche (0.54) y producción de grasa más proteína (0.63), pero no fueron significativamente menores a 0.80 ni a 0.60 ( $P > 0.05$ ) (Cuadro 27).

**Cuadro 14. Parámetros genéticos para producción de leche en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental*								rg
	Alto				Bajo				
	$h^2$	t	$sh^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	t	$sh^2$	$\sigma_p^2$	
Edad al Primer Parto (días)	0.21±0.006	0.50±0.003	0.039±0.002	2,024,100	0.15±0.005	0.35±0.002	0.032±0.002	1,860,600	0.96±0.01*
Intervalo entre Partos (días)	0.19±0.006	0.45±0.003	0.037±0.002	1,834,400	0.17±0.005	0.41±0.002	0.035±0.002	2,041,400	0.99±0.01
Producción de Leche (kg)	0.20±0.006	0.49±0.002	0.034±0.002	2,367,700	0.15±0.005	0.35±0.003	0.036±0.002	1,522,700	0.95±0.01*
Producción de Grasa más proteína (kg)	0.20±0.006	0.48±0.002	0.034±0.002	2,360,500	0.15±0.005	0.35±0.003	0.036±0.002	1,530,600	0.95±0.02*
Tamaño de hato-año(n)	0.18±0.006	0.46±0.002	0.037±0.002	2,240,300	0.19±0.006	0.39±0.003	0.039±0.002	1,651,600	0.97±0.01

\* Determinados por el valor de la mediana (50%) de cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. \* rg significativamente menor a 1 ( $P < 0.05$ ).  $h^2$  = Heredabilidad; t = Repetibilidad;  $sh^2$  = Proporción de Varianza Semental-Hato.  $\sigma_p^2$  = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

**Cuadro 15. Parámetros genéticos para producción de grasa en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental <sup>+</sup>								rg
	Alto				Bajo				
	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	
Edad al Primer Parto (días)	0.21±0.006	0.48±0.002	0.040±0.002	2,824	0.17±0.005	0.36±0.002	0.032±0.002	2,374	0.97±0.01*
Intervalo entre Partos (días)	0.19±0.006	0.41±0.002	0.035±0.002	2,614	0.18±0.006	0.44±0.002	0.038±0.002	2,566	0.99±0.01
Producción de Leche (kg)	0.22±0.006	0.49±0.002	0.038±0.002	3,022	0.16±0.005	0.35±0.003	0.031±0.002	2,176	0.97±0.01*
Producción de Grasa más proteína (kg)	0.22±0.006	0.49±0.002	0.038±0.002	3,055	0.16±0.005	0.34±0.003	0.030±0.002	2,147	0.95±0.01*
Tamaño de hato-año(n)	0.20±0.006	0.46±0.002	0.044±0.002	2,921	0.19±0.006	0.38±0.003	0.031±0.002	2,288	0.96±0.01*

<sup>+</sup> Determinados por el valor de la mediana (50%) de cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. \* rg significativamente menor a 1 (P<0.05). h<sup>2</sup> = Heredabilidad; t = Repetibilidad; sh<sup>2</sup> = Proporción de Varianza Semental-Hato. σ<sub>p</sub><sup>2</sup> = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

**Cuadro 16. Parámetros genéticos para producción de proteína en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental*								rg
	Alto				Bajo				
	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	
Edad al Primer Parto (días)	0.15±0.006	0.46±0.003	0.045±0.002	1,898	0.11±0.005	0.33±0.002	0.035±0.002	1,759	0.95±0.02*
Intervalo entre Partos (días)	0.13±0.006	0.42±0.003	0.040±0.002	1,733	0.12±0.005	0.38±0.002	0.040±0.002	1,916	0.98±0.02
Producción de Leche (kg)	0.14±0.006	0.45±0.002	0.039±0.002	2,191	0.11±0.005	0.33±0.003	0.038±0.002	1,468	0.94±0.02*
Producción de Grasa más proteína (kg)	0.14±0.006	0.45±0.002	0.039±0.002	2,193	0.11±0.005	0.33±0.003	0.038±0.002	1,468	0.93±0.02*
Tamaño de hato-año(n)	0.13±0.005	0.42±0.002	0.042±0.002	2,091	0.14±0.006	0.36±0.003	0.041±0.002	1,570	0.96±0.02*

\* Determinados por el valor de la mediana (50%) de cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. \* rg significativamente menor a 1 (P<0.05). h<sup>2</sup> = Heredabilidad; t = Repetibilidad; sh<sup>2</sup> = Proporción de Varianza Semental-Hato. σ<sub>p</sub><sup>2</sup> = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

**Cuadro 17. Parámetros genéticos para contenido de grasa en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental <sup>+</sup>								rg
	Alto				Bajo				
	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	
Edad al Primer Parto (días)	0.50±0.007	0.71±0.002	0.028±0.002	0.234	0.45±0.007	0.68±0.002	0.026±0.002	0.207	0.99±0.005
Intervalo entre Partos (días)	0.46±0.007	0.70±0.002	0.034±0.002	0.227	0.48±0.007	0.70±0.002	0.022±0.001	0.213	0.99±0.004
Producción de Leche (kg)	0.52±0.006	0.71±0.002	0.026±0.001	0.230	0.41±0.007	0.68±0.002	0.027±0.002	0.210	1.00±0.004
Producción de Grasa más proteína (kg)	0.51±0.007	0.72±0.002	0.028±0.002	0.234	0.42±0.007	0.68±0.002	0.025±0.002	0.206	0.99±0.005
Tamaño de hato-año(n)	0.48±0.006	0.71±0.002	0.030±0.002	0.228	0.47±0.007	0.69±0.002	0.025±0.002	0.214	0.99±0.005

<sup>+</sup> Determinados por el valor de la mediana (50%) de cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. h<sup>2</sup> = Heredabilidad; t = Repetibilidad; sh<sup>2</sup> = Proporción de Varianza Semental-Hato. σ<sub>p</sub><sup>2</sup> = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

**Cuadro 18. Parámetros genéticos para contenido de proteína en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental <sup>+</sup>								rg
	Alto				Bajo				
	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	
Edad al Primer Parto (días)	0.55±0.007	0.74±0.002	0.022±0.001	0.043	0.46±0.007	0.72±0.002	0.025±0.002	0.044	0.99±0.004
Intervalo entre Partos (días)	0.50±0.007	0.73±0.002	0.028±0.002	0.043	0.51±0.007	0.72±0.002	0.020±0.001	0.044	0.99±0.004
Producción de Leche (kg)	0.56±0.006	0.73±0.002	0.017±0.001	0.043	0.44±0.007	0.73±0.002	0.030±0.002	0.043	0.98±0.005
Producción de Grasa más proteína (kg)	0.55±0.006	0.73±0.002	0.017±0.001	0.044	0.44±0.007	0.72±0.002	0.031±0.002	0.043	0.99±0.005
Tamaño de hato-año(n)	0.52±0.006	0.73±0.002	0.022±0.001	0.044	0.48±0.007	0.73±0.002	0.024±0.002	0.043	0.98±0.005

<sup>+</sup> Determinados por el valor de la mediana (50%) de cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. h<sup>2</sup> = Heredabilidad; t = Repetibilidad; sh<sup>2</sup> = Proporción de Varianza Semental-Hato. σ<sub>p</sub><sup>2</sup> = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

**Cuadro 19. Parámetros genéticos para edad al primer parto en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental <sup>+</sup>						rg
	Alto			Bajo			
	$h^2$	$sh^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	$sh^2$	$\sigma_p^2$	
Edad al primer parto (d)	0.04±0.004	0.037±0.002	5,233	0.22±0.006	0.050±0.003	6,770	0.87±0.05*
Intervalo entre partos (d)	0.04±0.004	0.043±0.003	5,466	0.17±0.006	0.046±0.003	6,458	0.95±0.04
Producción de leche (kg)	0.04±0.004	0.028±0.002	5,522	0.15±0.006	0.063±0.003	6,352	0.83±0.05*
Producción de grasa más proteína (kg)	0.04±0.004	0.029±0.002	5,506	0.16±0.006	0.060±0.003	6,382	0.84±0.05*
Tamaño de hato-año(n)	0.05±0.005	0.037±0.002	5,706	0.10±0.006	0.055±0.003	6,080	0.82±0.06*

<sup>+</sup> Determinados por el valor de la mediana (50%) de cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. \* rg significativamente menor a 1 (P<0.05).  $h^2$  = Heredabilidad;  $sh^2$  = Proporción de Varianza Semental-Hato.  $\sigma_p^2$  = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

**Cuadro 20. Parámetros genéticos para intervalo entre partos en el nivel alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental*								rg
	Alto				Bajo				
	$h^2$	t	$sh^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	t	$sh^2$	$\sigma_p^2$	
Edad al Primer Parto (días)	0.03±0.003	0.06±0.003	0.004±0.008	5,064	0.03±0.003	0.05±0.003	0.005±0.001	5,179	0.96±0.04
Intervalo entre Partos (días)	0.03±0.003	0.01±0.003	0.004±0.001	4,811	0.03±0.003	0.10±0.003	0.005±0.001	5,434	0.99±0.03
Producción de Leche (kg)	0.03±0.003	0.06±0.003	0.003±0.008	5,219	0.03±0.003	0.05±0.003	0.006±0.001	5,016	0.94±0.04
Producción de Grasa más proteína (kg)	0.03±0.003	0.06±0.003	0.003±0.001	5,216	0.03±0.003	0.05±0.003	0.006±0.001	5,021	0.92±0.04*
Tamaño de hatos-año(n)	0.03±0.003	0.06±0.003	0.004±0.001	5,272	0.03±0.003	0.04±0.003	0.005±0.001	4,961	0.98±0.03

\* Determinados por el valor de la mediana (50%) de cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. \* rg significativamente menor a 1 (P<0.05).  $h^2$  = Heredabilidad; t = Repetibilidad;  $sh^2$  = Proporción de Varianza Semental-Hato.  $\sigma_p^2$  = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

**Cuadro 21. Parámetros genéticos para producción de leche en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental extremo <sup>†</sup>								rg
	Alto				Bajo				
	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	
Edad al Primer Parto (días)	0.24±0.013	0.52±0.005	0.030±0.004	2,010,600	0.14±0.012	0.33±0.006	0.035±0.004	1,423,100	0.83±0.07*
Intervalo entre Partos (días)	0.17±0.015	0.45±0.006	0.038±0.005	1,467,700	0.14±0.011	0.42±0.005	0.030±0.004	1,796,100	0.85±0.07*
Producción de Leche (kg)	0.26±0.015	0.57±0.006	0.045±0.005	2,933,400	0.12±0.011	0.19±0.006	0.028±0.004	1,256,500	0.70±0.09*
Producción de Grasa más proteína (kg)	0.27±0.015	0.57±0.006	0.046±0.005	2,920,400	0.11±0.011	0.19±0.006	0.030±0.004	1,221,200	0.67±0.09*
Tamaño de hatos-año(n)	0.18±0.012	0.48±0.005	0.036±0.004	2,550,800	0.19±0.015	0.27±0.006	0.047±0.005	1,458,900	0.86±0.06*

<sup>†</sup> Determinados por el valor del decil superior e inferior (10%) de cada descriptor ambiental, el nivel extremo alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. \* rg significativamente menor a 1 (P<0.05). h<sup>2</sup> = Heredabilidad; t = Repetibilidad; sh<sup>2</sup> = Proporción de Varianza Semental-Hato. σ<sub>p</sub><sup>2</sup> = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

**Cuadro 22. Parámetros genéticos para producción de grasa en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental extremo <sup>+</sup>								rg
	Alto				Bajo				
	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	
Edad al Primer Parto (días)	0.14±0.012	0.48±0.005	0.031±0.004	1,850	0.10±0.011	0.31±0.006	0.034±0.004	1,372	0.83±0.07*
Intervalo entre Partos (días)	0.18±0.015	0.47±0.006	0.039±0.005	2,075	0.18±0.012	0.43±0.005	0.021±0.003	2,399	0.91±0.06
Producción de Leche (kg)	0.26±0.015	0.55±0.006	0.049±0.005	3,971	0.11±0.011	0.18±0.005	0.027±0.004	2,013	0.71±0.08*
Producción de Grasa más proteína (kg)	0.25±0.015	0.55±0.006	0.060±0.005	3,999	0.11±0.010	0.17±0.005	0.028±0.003	1,979	0.78±0.07*
Tamaño de hato-año(n)	0.18±0.012	0.47±0.005	0.042±0.004	3,197	0.12±0.013	0.24±0.006	0.040±0.005	2,105	0.90±0.07

<sup>+</sup> Determinados por el valor del decil superior e inferior (10%) de cada descriptor ambiental, el nivel extremo alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. \* rg significativamente menor a 1 (P<0.05). h<sup>2</sup> = Heredabilidad; t = Repetibilidad; sh<sup>2</sup> = Proporción de Varianza Semental-Hato. σ<sub>p</sub><sup>2</sup> = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

**Cuadro 23. Parámetros genéticos para producción de proteína en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental extremo <sup>+</sup>								rg
	Alto				Bajo				
	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	
Edad al Primer Parto (días)	0.14±0.012	0.48±0.005	0.031±0.004	1,850	0.10±0.011	0.31±0.006	0.034±0.004	1,372	0.76±0.09*
Intervalo entre Partos (días)	0.13±0.014	0.44±0.006	0.039±0.005	1,432	0.11±0.011	0.40±0.005	0.033±0.004	1,696	0.84±0.09*
Producción de Leche (kg)	0.18±0.014	0.54±0.006	0.051±0.005	2,656	0.09±0.011	0.18±0.006	0.033±0.004	1,242	0.72±0.10*
Producción de Grasa más proteína (kg)	0.18±0.014	0.53±0.006	0.055±0.005	2,643	0.09±0.010	0.18±0.006	0.034±0.004	1,209	0.70±0.10*
Tamaño de hato-año(n)	0.13±0.011	0.44±0.005	0.047±0.005	2,352	0.12±0.013	0.25±0.006	0.047±0.005	1,385	0.90±0.07

<sup>+</sup> Determinados por el valor del decil superior e inferior (10%) de cada descriptor ambiental, el nivel extremo alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. \* rg significativamente menor a 1 (P<0.05). h<sup>2</sup> = Heredabilidad; t = Repetibilidad; sh<sup>2</sup> = Proporción de Varianza Semental-Hato. σ<sub>p</sub><sup>2</sup> = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

**Cuadro 24. Parámetros genéticos para contenido de grasa en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental extremo <sup>+</sup>								rg
	Alto				Bajo				
	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	
Edad al Primer Parto (días)	0.50±0.015	0.70±0.005	0.034±0.004	0.245	0.41±0.016	0.66±0.005	0.022±0.004	0.184	0.92±0.03*
Intervalo entre Partos (días)	0.38±0.018	0.70±0.006	0.046±0.005	0.211	0.45±0.015	0.71±0.004	0.015±0.003	0.201	0.89±0.03*
Producción de Leche (kg)	0.57±0.014	0.71±0.005	0.028±0.004	0.252	0.33±0.017	0.64±0.005	0.027±0.005	0.200	0.90±0.04*
Producción de Grasa más proteína (kg)	0.57±0.014	0.71±0.005	0.037±0.004	0.254	0.32±0.016	0.62±0.005	0.026±0.004	0.184	0.93±0.03*
Tamaño de hatos-año(n)	0.42±0.013	0.68±0.005	0.023±0.004	0.231	0.39±0.019	0.64±0.006	0.030±0.005	0.205	0.94±0.03*

<sup>+</sup> Determinados por el valor del decil superior e inferior (10%) de cada descriptor ambiental, el nivel extremo alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. \* rg significativamente menor a 1 (P<0.05). h<sup>2</sup> = Heredabilidad; t = Repetibilidad; sh<sup>2</sup> = Proporción de Varianza Semental-Hato. σ<sub>p</sub><sup>2</sup> = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

**Cuadro 25. Parámetros genéticos para contenido de proteína en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental extremo <sup>+</sup>								rg
	Alto				Bajo				
	$h^2$	t	$sh^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	t	$sh^2$	$\sigma_p^2$	
Edad al Primer Parto (días)	0.59±0.014	0.73±0.005	0.028±0.004	0.043	0.40±0.016	0.69±0.005	0.027±0.004	0.041	0.96±0.02*
Intervalo entre Partos (días)	0.42±0.018	0.72±0.005	0.040±0.005	0.043	0.46±0.015	0.72±0.004	0.016±0.003	0.042	0.95±0.03*
Producción de Leche (kg)	0.63±0.013	0.72±0.004	0.011±0.003	0.046	0.40±0.019	0.74±0.005	0.023±0.005	0.041	0.89±0.03*
Producción de Grasa más proteína (kg)	0.64±0.013	0.72±0.004	0.013±0.003	0.046	0.41±0.018	0.73±0.005	0.026±0.005	0.039	0.93±0.03*
Tamaño de hato-año(n)	0.53±0.013	0.72±0.004	0.018±0.003	0.042	0.40±0.019	0.71±0.006	0.034±0.005	0.043	0.93±0.03*

<sup>+</sup> Determinados por el valor del decil superior e inferior (10%) de cada descriptor ambiental, el nivel extremo alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. \* rg significativamente menor a 1 (P<0.05).  $h^2$  = Heredabilidad; t = Repetibilidad;  $sh^2$  = Proporción de Varianza Semental-Hato.  $\sigma_p^2$  = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

**Cuadro 26. Parámetros genéticos para edad al primer parto en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental extremo <sup>+</sup>						rg
	Alto			Bajo			
	h <sup>2</sup>	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	h <sup>2</sup>	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	
Edad al Primer Parto (días)	0.05±0.011	0.026±0.005	3,150	0.44±0.010	0.030±0.006	7,533	0.75±0.14*
Intervalo entre Partos (días)	0.05±0.011	0.082±0.007	5,354	0.33±0.013	0.070±0.007	6,845	0.74±0.18*
Producción de Leche (kg)	0.05±0.010	0.039±0.005	4,724	0.34±0.013	0.078±0.009	6,856	-0.13±0.20***
Producción de Grasa más proteína (kg)	0.05±0.009	0.038±0.005	4,664	0.40±0.012	0.055±0.008	6,730	0.36±0.19**
Tamaño de hato-año(n)	0.02±0.008	0.021±0.004	4,828	0.14±0.014	0.098±0.009	5,878	0.47±0.26*

<sup>+</sup> Determinados por el valor del decil superior e inferior (10%) de cada descriptor ambiental, el nivel extremo alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. \*, \*\*, \*\*\* rg significativamente menor a 1, 0.80 y 0.60 (P<0.05), respectivamente. h<sup>2</sup> = Heredabilidad; sh<sup>2</sup> = Proporción de Varianza Semental-Hato. σ<sub>p</sub><sup>2</sup> = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

**Cuadro 27. Parámetros genéticos para intervalo entre partos en el nivel extremo alto y bajo de cada descriptor ambiental.**

Descriptor ambiental	Nivel ambiental extremo <sup>+</sup>								rg
	Alto				Bajo				
	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	h <sup>2</sup>	t	sh <sup>2</sup>	σ <sub>p</sub> <sup>2</sup>	
Edad al Primer Parto (días)	0.05±0.007	0.09±0.006	0.002±0.002	4,740	0.02±0.006	0.01±0.006	0.012±0.003	4,866	0.87±0.22
Intervalo entre Partos (días)	0.03±0.006	0.12±0.005	0.005±0.002	3,726	0.03±0.008	0.18±0.007	0.009±0.003	5,636	1.00±0.00
Producción de Leche (kg)	0.04±0.006	0.06±0.006	0.002±0.002	4,992	0.03±0.009	0.06±0.007	0.015±0.004	4,901	0.54±0.21*
Producción de Grasa más proteína (kg)	0.04±0.006	0.06±0.006	0.003±0.002	4,966	0.03±0.008	0.06±0.007	0.015±0.004	4,885	0.63±0.20*
Tamaño de hato-año(n)	0.04±0.006	0.08±0.006	0.003±0.017	5,694	0.02±0.007	0.01±0.007	0.010±0.004	4,908	1.00±0.00

<sup>+</sup> Determinados por el valor del decil superior e inferior (10%) de cada descriptor ambiental, el nivel extremo alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental. \* rg significativamente menor a 1 (P<0.05). h<sup>2</sup> = Heredabilidad; t = Repetibilidad; sh<sup>2</sup> = Proporción de Varianza Semental-Hato. σ<sub>p</sub><sup>2</sup> = Varianza Fenotípica = animal + semental-hato + ambiente permanente + error. ±Error Estándar.

## Discusión

### *Heredabilidades de las características productivas y reproductivas por nivel de los descriptores ambientales continuos.*

Las heredabilidades estimadas en los niveles altos de los diferentes descriptores ambientales, para producción de leche y grasa y contenido de proteína (0.18-0.21, 0.19-0.22 y 0.50-0.56, respectivamente) fueron ligeramente mayores a los estimados en los niveles ambientales bajos (0.15-0.19, 0.16-0.19 y 0.44-0.51, respectivamente) (Cuadros 14, 15 y 18). A diferencia de las heredabilidades para edad al primer parto, que fueron menores en los niveles altos (0.04-0.05) de los descriptores ambientales que en los niveles bajos (0.10-0.22) (Cuadro 19). Las heredabilidades para producción de proteína (0.13-0.15; 0.11-0.14), contenido de grasa (0.46-0.52; 0.44-0.51) e intervalo entre partos (0.03; 0.03) fueron similares entre los niveles ambientales altos y bajos de los diferentes descriptores (Cuadros 16, 17 y 19).

Esta heterogeneidad de varianzas puede ser consecuencia de las diferencias ambientales de los hatos, que podrían modificar la expresión genética de la producción de leche y grasa, contenido de proteína y edad al primer parto en los bovinos Holstein del sur de Chile; principalmente, cuando se toma a los descriptores producción de leche por hato como indicador de la calidad e intensidad del sistema de manejo de los hatos, a la producción de grasa más proteína como una posible medida del sistema de alimentación de los hatos, el tamaño de hato-año como un indicador indirecto de las instalaciones y manejo de las vacas en los hatos y a los descriptores edad al primer parto e intervalo entre partos por hato como indicadores del manejo reproductivo y sistema de partos de los hatos (Zwald *et al.*, 2001).

En dos ambientes de producción en Nueva Zelanda, clasificados por el descriptor producción de grasa más proteína por HAE, como un criterio del nivel de consumo; las heredabilidades estimadas para producción de leche, grasa y proteína en el nivel ambiental alto (0.36, 0.28 y 0.29, respectivamente)

y bajo (0.35, 0.29 y 0.27, respectivamente) (Bryant *et al.*, 2007) fueron mayores a los estimados en el nivel alto (0.20, 0.22 y 0.14, respectivamente) y bajo (0.15, 0.16 y 0.11, respectivamente) del mismo descriptor de este estudio. De la misma forma, al clasificar los hatos por el descriptor tamaño de hato, como un reflejo del estrés impuesto por competencia, las heredabilidades para producción de leche, grasa y proteína en hatos grandes (0.34, 0.32 y 0.29, respectivamente) y pequeños (0.38, 0.27 y 0.28, respectivamente) (Bryant *et al.*, 2007) fueron mayores a los estimados para las mismas características en hatos grandes (0.18, 0.20 y 0.13, respectivamente) y pequeños (0.19, 0.19 y 0.14, respectivamente) de este estudio. Se puede observar que la nutrición y el ambiente de producción, medido por el rendimiento de grasa más proteína por hato y tamaño de hato del sur de Chile son ligeramente similares a Nueva Zelanda.

Las heredabilidades estimadas en la población Blanca y Negra del sur de Chile con datos de esta misma cooperativa, para producción de leche, grasa y proteína y porcentajes de grasa y proteína en hatos de alto nivel en producción de leche (0.21, 0.22, 0.17, 0.56 y 0.58, respectivamente) (Montaldo *et al.*, 2015), fueron similares a los encontrados en el ambiente alto en producción de leche de este estudio (0.20, 0.22, 0.14, 0.52 y 0.56, respectivamente). Sin embargo, las heredabilidades estimadas para las mismas características, en hatos de bajo nivel en producción (0.20, 0.21, 0.15, 0.56 y 0.54, respectivamente) (Montaldo *et al.*, 2015) fueron ligeramente mayores a los del ambiente bajo en producción de este estudio (0.15, 0.16, 0.11, 0.41 y 0.44, respectivamente). En bovinos Holstein de EE. UU, las heredabilidades encontradas para estas características en ambientes de alto (0.30, 0.27, 0.27, 0.56 y 0.56, respectivamente) y bajo nivel (0.22, 0.23, 0.20, 0.51 y 0.58, respectivamente) en producción de leche (Castillo-Juárez *et al.*, 2002) fueron mayores a los estimados en ambientes de alto y bajo nivel en producción de leche de este estudio.

En bovinos Holstein de México, las heredabilidades obtenidas para edad al primer parto en el nivel ambiental alto (0.11) y bajo (0.08) en producción de

grasa más proteína (Pelcastre-Cruz, 2011) fueron diferentes a los estimados en el nivel alto (0.04) y bajo (0.16) en producción de grasa más proteína de este estudio. Las heredabilidades de intervalo entre partos en hatos de alto (0.04) y bajo (0.04) nivel en producción de grasa más proteína de México (Pelcastre-Cruz, 2011), fueron similares a los estimados en hatos de alto (0.03) y bajo (0.03) nivel del sur de Chile.

Las heredabilidades estimadas en los deciles superiores de los diferentes descriptores ambientales para producción de leche, grasa y proteína y porcentaje de proteína (0.17-0.27, 0.14-0.26, 0.13-0.18 y 0.42-0.64, respectivamente), fueron ligeramente mayores a los estimados en los deciles inferiores (0.11-0.19, 0.10-0.18, 0.09-0.12 y 0.40-0.46, respectivamente) (Cuadros 21, 22, 23 y 25). Indicando que existe mayor variación genética aditiva para las características de producción de leche en ambientes de alto nivel de los diferentes descriptores. Mientras que, las heredabilidades para edad al primer parto en los deciles superiores fueron menores (0.02-0.05) que los deciles inferiores (0.14-0.44), sugiriendo que existe mayor varianza genética para esta característica en los ambientes de bajo nivel de los diferentes descriptores (Cuadro 26). Las heredabilidades del porcentaje de grasa (0.38-0.57; 0.32-0.45) e intervalo entre partos (0.03-0.05; 0.02-0.03) fueron similares entre los deciles superiores e inferiores de los descriptores ambientales continuos (Cuadros 24 y 27).

Las heredabilidades encontradas en Nueva Zelanda para producción de leche, grasa y proteína, en ambientes extremos alto (0.34, 0.27 y 0.25, respectivamente) y bajo (0.28, 0.23 y 0.25, respectivamente) del descriptor producción de grasa más proteína por HAE y en ambientes extremos alto (0.36, 0.29 y 0.31, respectivamente) y bajo (0.39, 0.33 y 0.32, respectivamente) del descriptor índice de calor térmico en verano (HLI), como una medida del grado de estrés térmico prolongado (Bryant *et al.*, 2007), fueron mayores a los encontrados en este estudio (Cuadros 21, 22 y 23). En otro estudio, se encontraron heredabilidades para intervalo entre partos en ambientes extremos altos y bajos de los descriptores producción de leche por

hato (0.03; 0.03) y tamaño de hato (0.03; 0.04) (Haile-Mariam *et al.*, 2008) similares a los estimados en los deciles superiores e inferiores de los descriptores producción de leche (0.04; 0.03) y tamaño de hato-año (0.04; 0.02) de este estudio.

Para las características de fertilidad, la disminución de la heredabilidad con un aumento en el tamaño del hato puede estar relacionada con la dificultad que pueden presentar los hatos grandes en los sistemas de pastoreo para detectar correctamente los estros (García y Fulkerson, 2005) y registrar las fechas de apareamiento. También es más probable que los hatos grandes usen la sincronización de estros e inseminación artificial a tiempo fijo en comparación con los hatos pequeños. Si esto es cierto, los registros de hatos grandes serán menos confiables (no reflejaban la capacidad de una vaca para mostrar calor después del parto) que los de los hatos pequeños, y esto podría resultar en diferentes heredabilidades. La disminución en la heredabilidad de las características de fertilidad (de EPP) con un aumento en la producción de leche por hato (Cuadros 12 y 19), también puede sugerir que los ganaderos con hatos de baja producción están dispuestos a aparear las vacas que muestran celo natural. Por otro lado, los ganaderos que manejan hatos de alta producción pueden considerar aprovechar el nivel de producción de leche antes de decidir inseminar a una vaca (Haile-Mariam *et al.*, 2008).

Estas diferencias entre niveles ambientales altos y bajos del sur de Chile, pueden asociarse a las diferencias en el manejo nutricional, reproductivo y de salud de los hatos lecheros, que está en relación con el tamaño de los hatos. En este estudio, el nivel ambiental alto, clasificado por el descriptor tamaño de hato-año, agrupó 90 hatos con 262 vacas promedio y el nivel bajo, concentró un mayor número de hatos (622 hatos), con menor promedio de animales por hato (49 vacas) (Cuadro 3). Generalmente los hatos grandes tienden a tener un mejor manejo de las praderas con mezclas forrajeras mejoradas, un mayor nivel tecnológico, mayor capacidad de inversión y una genética animal superior que los hatos pequeños, siendo éstos, factores que condicionan el nivel de producción de leche de los hatos (König *et al.*, 2005;

Calus, 2005; Carrillo *et al.*, 2011). Sin embargo, los promedios fenotípicos de las características reproductivas fueron los más deseables en hatos de baja producción y con menor número de animales promedio (Cuadros 3, 12 y 13), lo que resulta en una mejor gestión de la fertilidad en este último. Esto coincide con Calus (2005), que encontró un menor promedio de intervalo entre partos y recuento de células somáticas en bovinos Holstein en hatos pequeños de los Países Bajos; siendo el tamaño de hato, un indicador de fertilidad y salud en general que resulta en un mayor margen bruto.

#### *Correlaciones genéticas entre niveles de los descriptores ambientales continuos.*

Las correlaciones genéticas estimadas para producción de leche ( $\geq 0.95$ ), grasa ( $\geq 0.95$ ) y proteína ( $\geq 0.93$ ) y contenidos de grasa ( $\geq 0.99$ ) y proteína ( $\geq 0.98$ ) entre los niveles ambientales altos y bajos (percentil 50) de los diferentes descriptores ambientales del sur de Chile (Cuadros 14, 15, 16, 17 y 18) fueron similares a los encontrados en bovinos Holstein de EE. UU ( $\geq 0.97$ ) (Castillo-Juárez *et al.*, 2002) y en bovinos Blanco y Negro del sur de Chile ( $\geq 0.96$ ) (Montaldo *et al.*, 2015), entre hatos de ambiente alto y bajo en producción de leche, y no fueron estadísticamente menores a la unidad ( $P > 0.05$ ). De la misma manera, en bovinos Holstein de Nueva Zelanda las correlaciones genéticas encontradas para características de producción de leche entre ambientes altos y bajos de los descriptores producción de grasa más proteína ( $\geq 0.98$ ), índice de calor térmico en verano ( $\geq 0.96$ ), tamaño de hato ( $\geq 0.95$ ) y altitud de los hatos sobre el nivel del mar ( $\geq 0.94$ ), fueron cercanas a la unidad (Bryant *et al.*, 2007).

En bovinos Holstein del este y oeste de Alemania, regiones que se caracterizaban por tener hatos grandes ( $\geq 150$  vacas) y pequeños ( $\leq 60$  vacas), respectivamente, se encontró una correlación genética para producción de proteína (0.88) (König *et al.*, 2005) ligeramente menor a este estudio. Se observó una cierta diferencia entre los hatos según tamaño en Alemania, no

obstante, debido al elevado valor de la correlación genética, esto no proporcionó una razón sólida para utilizar distintos sistemas de evaluación.

Sin embargo, en bovinos Holstein de México, las correlaciones genéticas estimadas para producción de leche ( $\geq 0.87$ ), grasa ( $\geq 0.63$ ) y proteína ( $\geq 0.79$ ), porcentajes de grasa ( $\geq 0.88$ ) y proteína ( $\geq 0.94$ ), edad al primer parto ( $\geq -0.12$ ) e intervalo entre partos ( $\geq 0.73$ ) entre niveles altos y bajos clasificados por diferentes descriptores ambientales de hato (Pelcastre-Cruz, 2011), fueron menores a las encontradas en este estudio. Donde, las correlaciones genéticas más bajas, fueron explicadas por los descriptores tamaño promedio de hato, producción de grasa más proteína, precipitación pluvial anual y producción de leche. En dicho estudio, solamente se confirmó la existencia de efectos importantes de GxE para edad al primer parto.

En este estudio las correlaciones genéticas estimadas para edad al primer parto ( $\geq 0.82$ ) e intervalo entre partos ( $\geq 0.92$ ) entre hatos de alto y bajo nivel de los diferentes descriptores ambientales (Cuadros 19 y 20), fueron mayores a 0.80 ( $P > 0.05$ ) (Robertson, 1959). En bovinos Holstein de los Países Bajos, se encontraron valores de  $r_g$  entre 0.84 y 0.90 para las características de fertilidad, entre niveles ambientales extremos, clasificado por el número de animales por hato, y no fue considerado como una GxE importante (Calus, 2006).

Al evaluar las interacciones GxE entre los niveles ambientales extremos altos y bajos de los diferentes descriptores ambientales, las correlaciones genéticas estimadas para producción de leche (0.67-0.86), grasa (0.71-0.91) y proteína (0.70-0.90), porcentajes de grasa (0.89-0.94) y proteína (0.89-0.96) e intervalo entre partos (0.54-1.00) (Cuadros 21, 22, 23, 24, 25 y 27), fueron menores a los encontrados entre niveles ambientales altos y bajos (clasificados por el percentil 50) de este estudio. Estos estimados fueron significativamente menores a 1 ( $P < 0.05$ ), por lo que se consideró como evidencia de efectos moderados de interacción GxE para estas características, en los ambientes extremos del sur de Chile. Sin embargo, al tratarse de interacciones entre una fracción pequeña de hatos, en la práctica no resultan importantes desde el

punto de la evaluación genética del conjunto de la población. Una razón para explicar estos efectos, podría ser que exista una interacción genotipo por manejo dentro de los hatos, por ejemplo, como resultado de la alimentación de acuerdo con el potencial genético de los animales, que es mayor en los hatos grandes por tener todas las herramientas de manejo disponibles, como la alimentación con TMR, que no es factible en un hato pequeño (König *et al.*, 2005). Lo anterior, concuerda con Zwald *et al.* (2003), que estimaron una  $r_g$  de 0.78, entre ambientes de diferencias extremas (Q1-Q5) en tamaño del hato para el número de animales de primera lactancia por hato-año, como un indicador del tipo de manejo de los hatos y una  $r_g$  de 0.85 entre ambientes de diferencias extremas (Q1-Q5) en el pico de producción de leche, para la producción de leche, en la que concluyeron que no hubo presencia de efectos de GxE importantes.

Las correlaciones genéticas estimadas para edad al primer parto entre los ambientes extremos de los diferentes descriptores ambientales (-0.13-0.75) (Cuadro 26), mostró evidencia de efectos moderados a fuertes de interacción GxE, principalmente cuando los niveles ambientales fueron clasificados por el descriptor producción de leche (-0.13) y producción de grasa más proteína (0.36) por hato. Estos estimados fueron menores a la correlación genética encontrada por Zwald *et al.* (2003) para edad al primer parto, que estimaron una  $r_g$  de 0.92, entre hatos con un promedio de 25 y 32 meses de edad al primer parto, lo que significó una GxE relativamente pequeña.

En bovinos de Nueva Zelanda, las correlaciones genéticas estimadas para producción de leche, grasa y proteína, entre ambientes extremos de los descriptores producción de grasa más proteína por HAE (0.92, 0.93 y 0.87, respectivamente) e índice térmico en verano (0.92, 0.91 y 0.87, respectivamente) y en bovinos de Australia, para intervalo entre partos, intervalo parto primer servicio y tasa de no retorno al primer servicio entre niveles ambientales extremos alto y bajo de los descriptores producción de leche por hato (0.98, 0.47 y 0.79, respectivamente) y tamaño de hato (0.58, 0.55 y 0.71, respectivamente), fueron similares a los descritos en este estudio;

por lo que los ambientes de producción de Australia y Nueva Zelanda presentan semejanzas a los niveles ambientales extremos del sur de Chile.

Las correlaciones genéticas desfavorables entre la fertilidad y las características de producción de leche han sido ampliamente documentadas, como entre los días abiertos y producción de proteína, que varió en un rango de 0.40-0.60 (Kolmodin *et al.*, 2002). Adicionalmente, Calus *et al.* (2005) demostraron que la importancia relativa de las características de fertilidad para las características de producción estaba influenciada por los ambientes de producción en los Países Bajos. Kolmodin *et al.* (2002), encontraron que la correlación genética desfavorable entre fertilidad y producción se puede contrarrestar en cierta medida al proporcionar a la vaca un buen ambiente de producción. Calus *et al.* (2005) mencionan que el reordenamiento de los animales individuales dentro de una población y los cambios en la varianza genética a lo largo de los ambientes, sugieren que los valores genéticos específicos de determinado ambiente deben estimarse para su uso en índices de selección.

## **Conclusiones**

1) Las heredabilidades estimadas en los niveles ambientales altos de los descriptores ambientales continuos para producción de leche y grasa, contenido de proteína y edad al primer parto difirieron de los estimados en los niveles bajos, siendo un reflejo de las diferencias en la calidad e intensidad del sistema de manejo, alimentación e infraestructura de los hatos en el sur de Chile. Las heredabilidades para producción de proteína, contenido de grasa e intervalo entre partos fueron similares entre los niveles ambientales altos y bajos de los diferentes descriptores.

2) Las heredabilidades estimadas para las características de producción de leche en los niveles altos y bajos de los descriptores ambientales de hato en el sur de Chile, fueron similares a los estimados en los niveles ambientales en producción de la población Blanca y Negra de la misma región y menores a los estimados en los ambientes de producción en Nueva Zelanda y EE. UU.

3) Las heredabilidades estimadas para producción de leche, grasa y proteína, porcentaje de proteína y edad al primer parto fueron diferentes entre los deciles superiores e inferiores de los descriptores ambientales; encontrándose generalmente, una mayor varianza aditiva para estas características en los deciles superiores que en los deciles inferiores, donde las heredabilidades fueron mayores, con excepción de la edad al primer parto. Las heredabilidades para porcentaje de grasa e intervalo entre partos fueron similares entre los deciles de los diferentes descriptores continuos.

4) Las heredabilidades estimadas para las características de producción de leche de los deciles superiores e inferiores de los descriptores fueron menores a los estimados en los ambientes extremos en producción de Nueva Zelanda y las heredabilidades de las características de reproducción fueron similares a los encontrados en los ambientes extremos en producción de Australia.

5) Las correlaciones genéticas entre los niveles ambientales altos y bajos de los descriptores ambientales para las características de producción de leche fueron  $\geq 0.93$  y  $\geq 0.82$  para las características de reproducción, pese a que algunas de estas correlaciones genéticas fueron estadísticamente menores a 1 ( $P < 0.05$ ), no se consideró como evidencia de GxE, que pueda causar un reordenamiento sustancial de los reproductores entre ambientes. Estos estimados fueron similares a los encontrados para las características de producción de leche entre los niveles ambientales de producción en EE. UU, Nueva Zelanda, México, Alemania y en un estudio previo de la población Blanca y Negra del sur de Chile y ligeramente mayores a los encontrados para las características reproductivas entre los niveles ambientales de producción en México.

6) Las correlaciones genéticas estimadas entre los deciles superiores e inferiores de los descriptores ambientales, para producción de leche, grasa y proteína ( $\geq 0.67$ ), porcentajes de grasa y proteína ( $\geq 0.89$ ) e intervalo entre partos ( $\geq 0.54$ ) fueron estadísticamente menores a 1 ( $P < 0.05$ ); pero éstos no fueron significativamente menores a 0.80 ( $P > 0.05$ ). Las correlaciones genéticas entre los deciles para edad al primer parto ( $\geq -0.13$ ) fueron

significativamente menores a la unidad ( $P < 0.05$ ); además, los estimados más bajos que se encontraron entre los deciles del descriptor producción de leche y producción de grasa más proteína fueron significativamente menores a 0.60 y 0.80 ( $P < 0.05$ ), respectivamente. Sin embargo, la presencia de efectos de GxE para la edad al primer parto, tiene una importancia biológica más que práctica para el diseño de programas de selección, porque lo importante es lo que ocurre para la mayor parte de la población, por lo tanto, esto no justifica el desarrollo de programas de mejoramiento genético específicos por ambiente.

7) Las correlaciones genéticas estimadas entre los deciles superiores e inferiores para las características de producción de leche y de reproducción fueron similares a los descritos entre los niveles ambientales extremos de Australia y Nueva Zelanda, por lo que los factores que determinan las diferencias entre niveles ambientales extremos del sur de Chile, Australia y Nueva Zelanda podrían presentar semejanzas.

## Bibliografía

- Bahamonde-Flores, R. E. Agricultural Science degree of doctor thesis: Bovine Breeds and Crossbreeds from Metropolitan Region and X Lakes Region. Thesis. Universidad Austral de Chile, 2006. Available in: <http://cybertesis.uach.cl/tesis/uach/2006/fab151d/doc/fab151d.pdf>.
- Barría, N., Santibañez F., Stolzenbach G. and Jara A. 2001. Effect of the “Holsteinization” on Production traits in a Population of dual-purpose cows in Region X (Chile). Proc. 17th Latin Am. Assoc. Anim. Prod., La Habana, Cuba DP8:942–945.
- Becker, W. A. 1984. Manual of Quantitative Genetics. Publishery by Academic Enterprises. USA.
- Boettcher, P. J., Fatehi J. and Schutz M. M. 2003. Genotype x Environment Interactions in Conventional versus Pasture-Based Dairies in Canada. *J. Dairy Sci.* 86:383–404.
- Bryant, J. R., López-Villalobos N., Pryce J. E., Holmes C. W., Johnson D. L. and Garrick D. J. 2007. Environmental Sensitivity in New Zealand Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 90:1538–1547.
- Calus, M. P. L., Windig J. J. and Veerkamp R. F. 2005. Associations among Descriptors of Herd Management and Phenotypic and Genetic levels of Health and Fertility. *J. Dairy Sci.* 88:2178-2189.
- Calus, M. P. L. 2006. Estimation of Genotype x Environment Interaction for Yield, Health and Fertility in Dairy Cattle. *Ph.D. thesis, Animal Breeding and Genetics Group, Animal Sciences*. Wageningen University.
- Castillo-Juárez, H., Oltenacu P. A., Blake R. W., Mcculloch C. E. and Cienfuegos-Rivas E. G. 2000. Effect of Herd Environment on the Genetic and Phenotypic Relationships Among Milk Yield, Conception

- Rate and Somatic Cell Score in Holstein Cattle. *J. Dairy Sci.* 83(4):807–814.
- Castillo-Juárez, H., Oltenacu P. A. and Cienfuegos-Rivas E. G. 2002. Genetic and Phenotypic Relationships among Milk Production and Composition traits in Primiparous Holstein Cows in two Different Herd Environments. *Livest. Prod. Sci.* 78: 223-231.
- Carrillo, L. B., Moreira L. V. y González V. J. 2011. Caracterización y Tipificación de Sistemas Productivos de leche en la zona Centro-Sur de Chile: un Análisis Multivariable. *Idesia (Arica)*. 29(1):71-81.
- Cerón-Muñoz, M. F., Tonhati H., Costa C. N., Maldonado-Estrada J. and Rojas-Sarmiento D. 2004. Genotype x Environment Interaction for Age at First Calving in Brazilian and Colombian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 87:2455-2458.
- Cienfuegos-Rivas, E. G., Oltenacu P. A., Blake R. W., Schwager S. J, Castillo-Juárez H. and Ruiz F. J. 1999. Interaction Between Milk Yield of Holstein Cows in Mexico and the United States. *J. Dairy Sci.* 82(10):2218–2223.
- Cole, J. B. and Null D. J. 2010. Age at first calving in Holstein Cattle in the United States. *J. Dairy Sci.* 93(E Suppl 1): 594 (abstr W28).
- Cole, J. B. and VanRaden P. M. 2018. Symposium review: Possibilities in an Age of Genomics: The future of Selection Indices. *J. Dairy Sci.* 101: 3686-3701.
- CORFO, 1950. Corporación de Fomento de la Producción: Regiones naturales de Chile. Disponible en: <https://www.corfo.cl/sites/cpp/home>
- Dairy NZ. 2010. The InCalf book for New Zealand dairy farmers. New Zealand.
- Dairy Australia. 2017. InCalf book for dairy farmers. 2<sup>nd</sup> edición. Australia.

- de Vries, A. 1989. A Method to Incorporate Competitive position in the Breeding goal. *Animal Production*. 48:221–227.
- Dickerson, G. E. 1966. Genotype-Environment Interaction. Definition and Estimation. Canadian Geneticists Workshop A. R. I. Ottawa. Winnipeg, Man.
- Di Castri, F. y Hajek E. R. 1976. Bioclimatología de Chile. Vicerrectoría académica, Universidad Católica de Chile, Santiago.
- Elzo, M. A., Jara A. and Barria N. 2004. Genetic Parameters and Trends in the Chilean Multibreed Dairy Cattle Population. *J. Dairy Sci.* 87:1506-1518.
- Falconer, D. S. and Mackay T. F. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4<sup>th</sup> ed. Longman Group Ltd.
- FAO, 2016. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura: FAOSTAT: Datos de Producción e Insumos. Accedido 02 de febrero, 2019. Disponible en: <http://www.fao.org/faostat/es/#data>
- García-Ruíz, A., Cole J. B., VanRaden P. M., Wiggans G. R., Ruíz-López F. J. and Van Tassell C. P. 2016. Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. *pnas.org*. 33(113): 4928-4004.
- García, S. C. and Fulkerson W. J. 2005. Opportunities for future Australian Dairy Systems: A review. *Aust. J. Exp. Agric.* 45:1041– 1055.
- Gogel, B. J., Gilmour A. R., Cullis B. R. and Thompson R. 2015. ASReml Update: What's new in Release 4.1. VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES, U.K. Available in: <https://asreml.kb.vsnl.co.uk/wp-content/uploads/sites/3/2018/02/Whats-New-in-ASReml-4.1-.pdf>
- Goodling, R. C. Jr., Shook G. E., Weigel K. A. and Zwald N. R. 2005. The Effect of Synchronization on Genetic Parameters of Reproductive Traits in Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 88:2217–2225.

- Haile-Mariam, M., Morton J. and Goddard M.E. 2003. Estimates of genetic parameters for fertility traits of Australian Holstein-Friesian cattle. *Animal Science*.76 (1): 35-42.
- Haile-Mariam, M., Carrick M. J. and Goddard M. E. 2008. Genotype by Environment Interaction for Fertility, Survival and Milk Production Traits in Australian Dairy Cattle. *J. Dairy Sci.* 91:4840-4853.
- Hammami, H., Rekik B. and Gengler N. 2009. Genotype by Environment Interaction in Dairy Cattle. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.* 13(1):155-164.
- INE, 2015. Instituto Nacional de Estadística: Encuesta Ganado Bovino 2015. Accedido 04 de febrero, 2019. Disponible en: [http://historico.ine.cl/canales/chile\\_estadistico/estadisticas\\_agropecuarias/estadisticas\\_pecuarias/pecuarias.php](http://historico.ine.cl/canales/chile_estadistico/estadisticas_agropecuarias/estadisticas_pecuarias/pecuarias.php)
- Isik, F., Holland J. and Malteca C. 2017. Genetic Data Analysis for Plant and Animal Breeding (eBook). Springer International Publishing. Page. 60. DOI 10.1007/978-3-319-55177-7
- James, J. W. 1961. Selection in two Environments. *Heredity*. 16: 145–152.
- Jakobsen, J. H., Durr J. W., Jorjani H., Forabosco F., Loberg A. and Philipsson J. 2009. Genotype by environment interactions in International Genetic Evaluations of Dairy Bulls. *Proc. Assoc. Advmt. Anim. Breed. Genet.* 18:133-142.
- Jamrozik, J., Fatehi J. and Schaeffer L. R. 2005. Models for fertility traits with random herd-year effect: estimates of genetic parameters for Holsteins. Dairy Cattle Breeding and Genetics Committee Meeting, University of Guelph, ON, Canada.
- Kadarmideen, H. N., Thompson R., Coffey M. P. and Kossaibati M. A. 2003. Genetic Parameters and Evaluations from Single- and Multiple-trait

- Analysis of Dairy Cow Fertility and Milk Production. *Livest. Prod. Sci.* 81:183-195.
- Khaw, H. L., Bovenhuis H., Ponzoni R. W., Rezk M. A., Charo-Karisa H. and Komen H. 2009. Genetic Analysis of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) Selection line Reared in two Input Environments. *Aquaculture.* 294:37-42.
- Kearney, J. F., Schutz M. M., Boettcher P. J. and Weigel K. A. 2004a. Genotype x Environment Interaction for Grazing versus Confinement. I. Production traits. *J. Dairy Sci.* 87:501–509.
- Kearney, J.F., Schutz M.M. and Boettcher P.J. 2004b. Genotype by Environment Interaction for Grazing versus Confinement. II. Health and Reproduction traits. *J. Dairy Sci.* 87:510–516.
- König, S., Dietl G., Raeder I. and Swalve H. H. 2005. Genetic Relationships for Dairy Performance Between Large-Scale and Small-Scale Farm Conditions. *J. Dairy Sci.* 88: 4087-4096.
- Kolmodin, R., Strandberg E., Madsen P., Jensen J. and Jorjani H. 2002. Genotype by Environment Interaction in Nordic Dairy Cattle studied Using Reaction Norms. *Acta Agric. Scand. Sect. Anim. Sci.* 52(1):11–24.
- Lizana, C., Trejo, C. and Montaldo H. H. 2016. Factors for Standardizing Lactation Yields to 305-ME basis in Chile. COOPRINSEM, *Cooperativa de Servicios Agrícolas.*
- Mäntysaari, P., Ojala M. and Mäntysaari E. A. 2002. Measures of Before and After Breeding daily gains of Dairy Replacement Heifers and their Relationship with First Lactation Milk Production Traits. *Livest. Prod. Sci.* 75:313–322.

- Meuwissen, T. H. E., de Jong G. and Engel B. 1996. Joint Estimation of Breeding Values and Heterogeneous Variances of Large Data files. *J. Dairy Sci.* 79:310-316.
- Miglior, F., Muir B. L and van Doormaal B. J. 2005. Selection Indices in Holstein Cattle of Various Countries. *J. Dairy Sci.* 88:1255-1263.
- Miglior, F., Sewalem A., Jamrozik J., Bohmanova J., Lefebvre D. M., Moore R. K. 2007. Genetic Analysis of Milk Urea Nitrogen and Lactose and Their Relationships with Other Production Traits in Canadian Holstein Cattle. *J. Dairy Sci.* 90: 2468-2479.
- Miglior, F., Fleming A., Malchiodi F., Brito L. F., Martin P. and Baes C. F. 2017. A 100-Year Review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 100:10251-10271.
- Montaldo, H. H. 2001. Genotype by Environment Interactions in Livestock Breeding Programs: A Review. *Interciencia.* 26:229-235.
- Montaldo, H. H., Núñez-Soto, S.G., Ruíz-López, F. J. and Castillo-Juárez, H. 2009. Selection Response for Milk Production in Conventional Production Systems in Mexico, using Genetic Evaluations of Holstein Sires from Canada and the United States. *J. Dairy Sci.* 92:5270-5275.
- Montaldo, H. H., Castillo-Juárez H., Valencia-Posadas M., Cienfuegos-Rivas E. G. and Ruiz-López F. J. 2010. Genetic and Environmental Parameters for Milk production, Udder health and Fertility in Mexican Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 93:2168-2175.
- Montaldo, H. H., Castillo-Juárez H., Lizana C., Trejo C., Cienfuegos-Rivas E. G. and Pelcastre-Cruz A. 2015. Genotype-Environment Interaction between Chile and North America and between Chilean Herd Environmental categories for Milk Yield Traits in Black and White Cattle. *Anim. Sci. Pap. Rep.* 33(1):23-33.

- Montaldo, H. H., Pelcastre-Cruz, A., Castillo-Juárez H., Ruiz-López F. J. and Miglior F. 2017a. Genotype x Environment Interaction for Fertility and Milk Yield Traits in Canadian, Mexican and US Holstein Cattle. *Span. J. Agric. Res.* 15(2): e0402, 9 pages.
- Montaldo, H. H., Trejo C. and Lizana C. 2017b. Genetic Parameters for Milk yield and Reproduction Traits in the Chilean Dairy Overo Colorado Cattle Breed. *Cie. Inv. Agr.* 44(1):24-34.
- Mrode, R. A. and Thompson R. 2005. Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values. 2<sup>nd</sup> ed. CABI Publishing, UK.
- Mulder, H. A., Veerkamp R. F., Ducro B. J., Van Arendonk J. A. M. and Bijma P. 2006. Optimization of Dairy Cattle Breeding Programs for Different Environments with Genotype by Environment Interaction. *J. Dairy Sci.* 89:1740-1752.
- Mulder, H. A. 2007. Methods to Optimize Livestock Breeding Programs with Genotype by Environment Interaction and Genetic Heterogeneity of Environmental Variance. PhD thesis: Wageningen University (The Netherlands).
- Mujica, F. 2005. Diversidad, Conservación y Utilización de los Recursos Genéticos Animales en Chile. Osorno. Chile. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Boletín INIA N° 137. 124p.
- Nauta, W. J., Veerkamp R. F., Brascamp E. W. and Bovenhuis H. 2006. Genotype by Environment Interaction for Milk Production Traits between Organic and Conventional Dairy Cattle Production in the Netherlands. *J. Dairy Sci.* 89: 2729-2737.
- Nilforooshan, M. A., Jakobsen J., Fikse W. F., Berglund B. and Jorjani H. 2009. MT-MACE for Female Fertility and Milk Yield. *Interbull Bulletin* 40, 17-20.

- ODEPA. 2018. Boletín de la leche: producción, recepción, precios y comercio exterior. Ministerio de Agricultura, Chile. Págs. 1-30. Accedido 29 de diciembre, 2018. Disponible en: <https://www.odepa.gob.cl/contenidos-rubro/boletin-de-la-leche-produccion-recepcion-precios-y-comercio-exterior-octubre-de-2018>
- Pelcastre-Cruz, A. 2011. Estimación de efectos de Interacción Genotipo-Ambiente para características de Producción y Fertilidad en ganado Holstein en México (tesis de maestría). Universidad Nacional Autónoma de México, México.
- Robertson, A. 1959. The Sampling Variance of the Genetic Correlation Coefficient. *Biometrics*, 15:469–485.
- Ruíz-Sánchez, R., Blake R. W., Castro-Gámez H. M. A., Sánchez F., Montaldo H. H. and Castillo-Juárez H. 2007. Changes in the Association between Milk Yield and Age at First Calving in Holstein cows with Herd Environment level for Milk Yield. *J. Dairy Sci.* 90:4830-4834.
- SAS Institute Inc. 2016. Using JMP® 13. Cary, NC, USA: SAS Institute Inc. Available in: <https://support.sas.com/documentation/onlinedoc/jmp/13/UsingJMP.pdf>
- Sae-Lim, P., Kause A., Mulder H. A., Martin K. E., Barfoot A. J., Parsons J. E., Davidson J., Rexroad III C. E., van Arendonk J. A. and Komen H. 2013. Genotype-by-Environment Interaction of Growth Traits in Rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*): A Continental Scale Study. *J. Anim. Sci.* 91:5572–5581.
- Sae-Lim, P., Gjerde B., Nielsen H. M., Mulder H. and Kause Antti. 2015. A review of Genotype-by-Environment Interaction and Micro-Environmental Sensitivity in Aquaculture Species. *Rev. Aquacult.* 7:1-25.

- Smith, R. R., Moreira L. V. y Lastrille L. L. 2002. Caracterización de sistemas productivos lecheros en la X región de Chile mediante Análisis Multivariable. *Agric. Téc.* 62(3):375-395.
- Togashi, K., Lin C. Y., Yoshizawa T., Okamura Y., Moribe K., Nishiura A. and Yamamoto N. 2002. Partition of Sire Effects for International Sire Evaluation in the presence of Genotype-Environment Interaction. *Livest. Prod. Sci.* 73:225-235.
- Togashi, K., Lin C. Y. and Moribe K. 2001. Construction of Optimum Index to maximize Overall Performance across Countries in the presence of Genotype-Environment Interaction. *J. Dairy Sci.* 84:1872-1883.
- VanRaden, P. M., Sanders A. H., Tooker M. E., Miller R. H., Norman H. D., Kuhn M. T. and Wiggans G. R. 2004. Development of a National Genetic Evaluation for Cow fertility. *J. Dairy Sci.* 87: 2285-2292.
- Vera, R. 2006. Country pasture: Forage resource profiles. Chile. Fao.org. Available: <http://www.fao.org/ag/agp/agpc/doc/counprof/chile/cile.htm>
- Wall, E., Brotherstone S., Woolliams J. A., Banos G. and Coffey M. P. 2003. Genetic Evaluation of Fertility using Direct and Correlated Traits. *J. Dairy Sci.* 86:4093-4102.
- Weigel, K. A., Rekaya R., Zwald N. R. and Fikse W. F. 2001. International Genetic Evaluation of Dairy Sires Using a Multiple-Trait Model with Individual Animal Performance Records. *J. Dairy Sci.* 84:2789-2795.
- Wiggans, G. R. and Dickinson F.N. 1986. Standardization of NCDHIP Dairy Cattle Lactation Records. *AGRIS, Agricultural Science and Technology.*
- Wiggans, G. R. and VanRaden P. M. 1991. Method and Effect of Adjustment for Heterogeneous Variance. *J. Dairy Sci.* 74:4350-4357.

Zwald, N. R., Weigel K. A., Fikse W. F. and Rekaya R. 2001. Characterization of Dairy Production Systems in Countries that Participate in the International Bull Evaluation Service. *J. Dairy Sci.* 84:2530-2534.

Zwald, N. R., Weigel K. A., Fikse W. F. and Rekaya R. 2003. Identification of Factors That Cause Genotype by Environment Interaction Between Herds of Holstein Cattle in Seventeen Countries. *J. Dairy Sci.* 86:1009-1018.