



**UNIVERSIDAD MICHOACANA DE SAN
NICOLÁS DE HIDALGO**



**PROGRAMA INSTITUCIONAL DE DOCTORADO EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
Instituto de Investigaciones Agropecuarias y Forestales**

**“Estrategias de evaluación genética y genómica para el mejoramiento genético
de características de peso vivo en ganado Charolais de registro”**

Tesis

Para obtener el grado de
Doctora en Ciencias Biológicas

Opción:

Presenta:

M.C. Jessica Beatriz Herrera Ojeda

Asesor

Dr. José Herrera Camacho

Co-asesor:

Dr. Gaspar Manuel Parra Bracamonte

Sinodales:

Dr. Joel López Meza

Dr. Horacio Cano Camacho

Dr. Guillermo Salas Razo

Morelia, Michoacán, Junio del 2017

Contenido

RESUMEN.....	4
INTRODUCCIÓN	7
HIPÓTESIS	10
OBJETIVO GENERAL	10
OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	11
Capítulo I. Artículo aceptado en la revista Archivos de Zootecnia.....	12
“Información climática asociada a estaciones productivas para el ajuste de modelos estadísticos de sistemas bovinos bajo condiciones extensivas”.....	13
Capítulo II. Artículo listo para someterse a revisión en la revista Ciencia Pecuaria.....	29
“Uso de información climática en el ajuste de modelos estadísticos para los sistemas de producción extensiva de México”	30
Capítulo III. Artículo listo para someterse a revisión en la revista Journal of Applied	59
Animal Research.	59
“Bivariate analysis for the improvement of genetic evaluations with incomplete records in Charolais cattle”.....	60
Capítulo IV.....	73
“Construcción de un índice de selección para tres características de peso vivo en ganado charolais de registro”	74
Capítulo V.....	87
“Evaluación genómica parcial para Peso al nacimiento en Charolais de registro”.....	88
DISCUSIÓN GENERAL.....	96
CONCLUSIONES	97
REFERENCIAS COMPLEMENTARIAS	99

RESUMEN

En México la ganadería bovina debido a su importancia socioeconómica es una de las principales actividades pecuarias, contribuyendo con más del 23% del PIB. Durante las últimas décadas este rubro ha presentado cambios importantes, entre ellos un avance en la productividad. Esto en parte a los esfuerzos que diversas asociaciones de bovinos de registro han hecho con programas de mejora genética aplicadas a sus recursos genéticos. Dentro de estas asociaciones se encuentra la Charolais-Charbray Herdbook de México. Esta asociación promueve una de las principales razas más populares y diseminadas en territorio mexicano, la raza Charolais. Dicha raza es utilizada principalmente como raza terminal en las producciones comerciales, para aumentar la cantidad de kilos de carne por animal destetado. Esta raza fue una de las primeras que fueron sometidas a evaluaciones genéticas en México, proceso que permite obtener el valor genético de los animales para una o más características y así seleccionar como reproductores aquellos con mayor mérito genético. La metodología de modelos mixtos ha sido la principal herramienta estadística para la evaluación y la selección de animales domésticos durante más de 30 años. Dicha metodología permite obtener la mejor predicción lineal insesgada (o BLUP, Best Linear Unbiased Prediction, por sus siglas en inglés) de los Valores Genéticos (VG) utilizando información fenotípica y genealógica o de pedigrí de las poblaciones ganaderas. Los principales indicadores que han sido evaluados tanto en esta raza como a nivel nacional son los indicadores relacionados con el crecimiento animal: pesos al nacimiento (PN), pesos al destete (PD) y pesos al año (PA). Estos indicadores de peso vivo envuelven diversos procesos fisiológicos en los cuales múltiples genes están involucrados, debido a las características poligénicas que los definen es necesario incorporar dentro del modelo animal diversos factores, fijos (medioambientales) o aleatorios (genéticos), para con esto obtener una predicción de los VG más ajustada a las situaciones reales. Dentro de los efectos fijos se encuentran las épocas de nacimiento, factor que incluye diversas variables climatológicas, que generalmente influyen sobre la expresión fenotípica de un animal, estos factores son incluidos en la estimación de los VG para lograr obtener indicadores con una alta confiabilidad y exactitud. La época de nacimiento es un componente del modelo animal

que involucra diversos factores climáticos que varían según las características de cada sistema o región. Dicho factor no ha sido definido contemplando la totalidad de elementos climáticos que lo caracterizan, por lo cual bajo este tenor se propuso y evaluó la influencia de la clasificación de épocas de nacimiento mediante un índice climatológico y de qué manera su incorporación influye sobre el ajuste de modelos estadísticos utilizados para evaluación genética en ganado bovino bajo condiciones extensivas. Este análisis incluyó la clasificación en 4 períodos climáticos de las regiones estudiadas (árido, semiárido, subhúmedas y húmedas), de acuerdo a un índice de aridez (IA). Se encontró que utilizando el IA propuesto, la reclasificación de la épocas por fechas de nacimiento provocó un cambio en los parámetros genéticos obtenidos, lo que permitió explicar una parte importante de la varianza fenotípica, lo que puede ayudar a obtener una mejor precisión en los programas de mejora genética.

Como se había mencionado, en los programas de mejora genética bovina las características asociadas al crecimiento son evaluadas de manera individual, conocido como análisis univariado, sin embargo las correlaciones genéticas obtenidas bajo un análisis multivariado puede mejorar la exactitud de los VG, al igual que puede ayudar a sobrellevar los problemas derivados de las características particulares que poseen la estructura de las bases de datos de los sistemas ganaderos nacionales, ya que las covarianzas generadas al analizar dos o más indicadores al mismo tiempo provee un panorama más amplio de la relación que poseen estos indicadores. Por lo que se planteó la idea de analizar los VG obtenidos bajo un análisis univariado y contrastarlo con la información obtenida de estos indicadores por medio de un análisis multicarácter, se examinaron sus efectos y el cambio en la exactitud de las Diferencias esperadas de la progenie (DEP's). También se compararon los resultados de los análisis univariados vs divariados de los mejores animales (dentro del 10% de los mejores resultados). Se determinó que existe una correlación importante entre el Peso al año y los demás indicadores, pero correlaciones bajas para PN con los demás indicadores, esto resalta la importancia de registrar pesos pos-destete. Las bajas correlaciones para PN y los demás parámetros puede deberse a la selección genética negativa que se ha hecho sobre este, ya que se buscan menores pesos al nacimiento para evitar problemas al parto. En cuanto a la exactitud los análisis para PD y PA optimizaron los estimativos de exactitud y el

error estándar de predicción. Lo que demuestra que analizando varios caracteres a la vez se puede lograr un mejor ajuste en este tipo de modelos.

La información generada al utilizar análisis multivariados permite enfocar la selección de animales bajo otra estrategia, el índice de selección, herramienta que combina todos los rasgos importantes en uno solo. Tratando con esto de dar un peso equitativo en la selección a todos los caracteres involucrados en el índice, para mejorar las decisiones de selección en los hatos. Este es un recurso para el mejoramiento genético que en México no ha sido explotado en ganado de carne. Para la creación del índice se utilizaron como criterios y objetivos de selección el PN, PD y PA. Los pesos económicos para PN, PD y PA fueron: - 0.221, 0.550 y de 2, respectivamente. Este tipo de estrategia de selección podría facilitar al productor la forma en que se seleccionan los animales, sin embargo es vital definir el objetivo de selección de cualquier programa de mejoramiento genético, es decir la tendencia que se quiere seguir a nivel productivo. Esto puede marcar el éxito de la implementación de cualquier estrategia.

Después de obtener VG ajustados por los diversos análisis anteriormente propuestos, como última estrategia para enriquecer la predicción de las actuales mediciones se incluyó un análisis donde se estimaron los valores de cría con base a la tipificación de los animales con un panel de 77k SNP (Polimorfismos de un solo nucleótido). Se utilizó la información de los 100 primeros marcadores significativos ($P < 5 \times 10^{-5}$) y su efecto sobre el PN. De esta manera se derivaron los valores genómicos moleculares o valores de cría moleculares. El estudio arrojó una correlación que pudiera considerarse entre moderada y alta ($r: 0.56$), lo que puede indicar una buena habilidad predictiva de los marcadores para la generación de valores genómicos. Sin embargo es importante puntualizar que en este caso solamente se utilizaron 100 marcadores significativos, por lo cual es importante realizar este estudio utilizando una mayor cantidad de SNP's. Estos resultados podrían considerarse como el valor genético de un animal como futuro reproductor, combinando todas las fuentes de información disponibles en la actualidad para ganado de carne.

Palabras Clave: Mejoramiento genético, selección, raza Charolais.

INTRODUCCIÓN

La ganadería bovina en México es una de las actividades más relevantes dentro del área pecuaria, principalmente por el aporte a la economía nacional (SIAP, 2014). En los últimos años la derrama económica derivada de esa actividad asciende a más de 4 mil millones de dólares anuales, entre animales sacrificados para abasto interno, animales en pie y en canal para exportación y producción de cortes finales (AMEG, 2013).

La ganadería bovina productora de carne en México se encuentra conformada por una larga cadena que envuelve principalmente la producción de novillos para abasto, la cría de becerros para la exportación y la producción de pie de cría (venta de sementales), (Gamboa-Mena *et al.*, 2005). Dentro del eslabón conformado por los productores para pie de cría, se encuentra un grupo muy importante encargado de tomar decisiones cruciales sobre los estándares raciales de las diversas razas presentes en México, los productores de ganado de registro. Este grupo provee el material genético que es utilizado por los demás estratos y representa aproximadamente el 2% de la población nacional ganadera (CONARGEN, 2014). De manera tradicional el crecimiento animal ha sido el principal objetivo del mejoramiento genético de este tipo de sistemas, características de crecimiento como pesos al nacimiento, al destete y al año son indicadores que de cierta manera permiten evaluar la eficiencia de las unidades de producción encargadas de producir animales destinados para ser sementales o vientres (Jahuey-Martinez *et al.*, 2016)

En esta industria existen diversas estrategias para llegar a este objetivo por medio de la nutrición, reproducción y el mejoramiento genético. El mejoramiento genético animal consiste en aplicar principios biológicos, económicos y matemáticos, con el fin de conocer estrategias óptimas para aprovechar la variación genética existente y maximizar su mérito, este proceso involucra la evaluación genética y la difusión del material evaluado, con el interés fundamental de que los animales sobresalientes transmitan sus características a la siguiente generación (Martínez y Parra, 2005).

La eficiencia de un sistema se encuentra directamente relacionada con el fenotipo de los animales el cual es la combinación del medio ambiente y el genotipo del animal ($P=G+E$), (Van Vleck, 1993). En México a principio del siglo XX y en la actualidad, la metodología utilizada para identificar a los animales sobresalientes con una mayor precisión son las evaluaciones genéticas, análisis estadístico que involucra información fenotípica y de

parentesco (pedigrí), en las poblaciones ganaderas (Núñez-Domínguez, *et al.*, 2010). Básicamente con esta herramienta de selección se generan VG para los posibles reproductores, el cual refleja el potencial genético que permite a los productores identificar y seleccionar de entre toda la variabilidad a aquellos individuos con mayor mérito genético (Sifuentes y Parra, 2012). En ganado de carne se ha utilizado principalmente los modelos mixtos, denominado modelo animal, que permiten describir los factores que influyen en una característica en particular (Martínez *et al.*, 2012).

Con el uso de estas herramientas estadísticas es posible hacer predicciones eliminando factores ambientales particulares de cada unidad de estudio y obtener estimaciones precisas, siendo este uno de los aspectos fundamentales para utilizar modelos lineales. Mejorar el ajuste del mismo implica considerar simultáneamente diversos parámetros correspondientes a efectos que influyen los resultados finales (Montaldo y Barría, 1998). Dentro de estos se encuentran la conformación de los grupos contemporáneos, que son utilizados para disminuir sesgos debido a diferencias en el manejo y condiciones ambientales de los animales, formando parte de los efectos fijos (Ramírez-Valverde *et al.*, 2008). De acuerdo a la literatura se espera que al mejorar la estructura de los mismos aumente la exactitud de los VG o incremente el progreso genético, por lo que ignorar o especificar incorrectamente un efecto fijo puede generar predicciones sesgadas de los VG (Domínguez-Viveros *et al.*, 2009). Sin embargo son pocos los trabajos que exploran el impacto de la elaboración de grupos contemporáneos sobre la varianza genética.

La orientación de las evaluaciones genéticas realizadas en México, se ha dirigido principalmente a la selección de animales para una sola característica a la vez durante una o más generaciones hasta lograr el nivel deseado en dicho carácter y posteriormente se selecciona para otro carácter hasta llegar al nivel deseado, este criterio de selección se le conoce como selección consecutiva o en *tándem* (Cardelino y Rovira, 1987).

Este tipo de selección no toma en cuenta el efecto pleitrópico de los genes, es decir la influencia de los mismos genes para las diversas medidas de crecimiento que se evalúan, la principal causa de las correlaciones genéticas entre indicadores, conocidas también como asociaciones genéticas entre caracteres (Bolormaa, *et al.*, 2014). Cuando existe una gran asociación genética entre indicadores el mejoramiento en un indicador, por medio de la selección puede dar como resultado el mejoramiento en el otro carácter que no se está

seleccionando o de manera contraria el antagonismo genético entre estos puede influir sobre los pesos finales (Roman and Wilcox, 2000). Por lo que se ha demostrado que la selección simultánea de varias características mediante un índice de selección podría ser más eficiente que la selección de un solo indicador, ya que proporciona un peso adecuado a cada uno de los indicadores analizados en la evaluación y una mejor respuesta a la selección (MacNeil, Nugent y Snelling, 1997; Grossi *et al.*, 2009). Las características particulares de los sistemas ganaderos en México permitiría utilizar análisis multivariados para las características de crecimiento que se evalúan actualmente, ya que las correlaciones entre indicadores derivadas de este tipo de análisis permitiría disminuir el sesgo producto de la falta de objetivos de selección acorde a los sistemas, conformación de las bases de datos, eliminación selectiva de animales y el reporte selectivo de información, situación que puede provocar una disminución en la exactitud de los VG (Ramirez-Valverde *et al.*, 2007; Chin *et al.*, 2016). Chin *et al.*, 2016 y Segura-Correa *et al.*, 2016, derivaron índices de selección en animales nacionales de la raza pardo Suizo y Braunvieh respectivamente, incluyendo indicadores de crecimiento y reproductivos. Concluyen que los índices generados en dichos estudios pueden utilizarse como un criterio objetivo de selección de animales en crecimiento.

Actualmente el desarrollo de la genómica ha proporcionado nuevas metodologías de selección animal que complementarían las técnicas de mejoramiento genético tradicionales, proponiendo que tales herramientas incrementarían la eficiencia y el avance genético de los programas de mejoramiento en características de interés productivo (Pollack *et al.*, 2014). Posteriormente a la secuenciación del genoma bovino en el 2009, fueron descubiertos cientos de miles de marcadores de ADN en la forma de Polimorfismos de un solo nucleótido (SNP's por sus siglas en inglés), con lo que se incrementó de manera dramática la cantidad de información molecular disponible (Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium, 2009; Jonas and Koning, 2015).

La aplicación de la genómica en el mejoramiento genético ha logrado evolucionar la manera en que se toman decisiones en el proceso de selección, pasando de tomar decisiones basadas en el fenotipo a la predicción del mérito genético a través de información molecular (Bullock and Pollak, 2009). Existen diversas metodologías que incorporan la información molecular, sin embargo las que han cobrado más importancia para la ganadería

son aquellas que utilizan información de marcadores sobre todo el genoma: la selección genómica y los estudios de asociación de genoma completo, su importancia radica en que al ser empleados para estimar los VG se utilizan todos los efectos de los SNP's o bien se pueden utilizar los SNP's para asociarlos a características de interés. Fundamentalmente la selección genómica se basa en el uso del Desequilibrio de ligamiento (LD), ya que al utilizar una alta densidad de marcadores que cubren todo el genoma, todas las regiones genómicas o marcadores que influyen sobre una característica quedarán capturadas con al menos otro marcador cercano por el efecto del LD (Meuwissen, Hayes and Goddard, 2001; Meuwissen, Hayes and Goddard, 2015). Al capturar toda la varianza genética, es decir el efecto de todos los genes implicados en la variación de la característica, el objetivo de estas metodologías es incrementar la exactitud de los VG, por ejemplo para ganado Charolais Gunia *et al.*, 2014, encontraron mayores exactitudes para PD prediciendo valores genómicos de cría por medio de un modelo matemático conocido como GBLUP (Genomic Best Linear Unbiased Production, por sus siglas en inglés), con un panel de 50 k y 777 k SNP's, que cuando se utilizaba el modelo BLUP (0.45 vs 0.40, GBLUP y BLUP respectivamente).

Para lograr evaluaciones genéticas más eficientes es necesario evaluar la implementación de diversas estrategias que permitan evaluar la integración de diversas fuentes de información disponibles actualmente para evaluar el comportamiento productivo de los animales.

Por todo lo anterior el objetivo del siguiente trabajo es evaluar la exactitud de los VG generados bajo diversos criterios de selección, utilizando análisis univariados y divariados, índices de selección y el efecto de marcadores moleculares sobre los indicadores de crecimiento.

HIPÓTESIS

El uso de diferentes estrategias de evaluación genética y genómica puede mejorar el procedimiento de identificación de animales superiores para el mejoramiento genético de ganado Charolais de registro.

OBJETIVO GENERAL

Evaluar diferentes estrategias de evaluación genética y genómica en características de peso vivo de ganado Charolais de registro.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

1. Evaluar el efecto de la preclasificación de la época de nacimiento para mejorar la estructura de los grupos contemporáneos en evaluaciones genéticas sobre los parámetros y VG de caracteres de peso vivo.
2. Analizar el efecto del análisis bivariado sobre parámetros y VG en evaluaciones genéticas de peso vivo.
3. Construir índices de selección para caracteres de peso vivo y comparar la diferencia en la jerarquización de animales seleccionados con VGN de análisis univariados.
4. Construir un índice molecular con los efectos de 100 marcadores SNPs analizados desde un panel de 77 mil SNPs y comparar su jerarquización para peso al nacimiento.

Capítulo I. Artículo aceptado en la revista Archivos de Zootecnia.

“Información climática asociada a estaciones productivas para el ajuste de modelos estadísticos de sistemas bovinos bajo condiciones extensivas”.

“INFORMACIÓN CLIMÁTICA ASOCIADA A ESTACIONES PRODUCTIVAS PARA EL AJUSTE DE MODELOS ESTADÍSTICOS DE SISTEMAS BOVINOS BAJO CONDICIONES EXTENSIVAS”

“CLIMATIC INFORMATION ASSOCIATED TO SEASONAL INFORMATION FOR STATISTICAL MODEL FITTING IN BOVINE PRODUCTIVE SYSTEMS UNDER EXTENSIVE MANAGEMENT”

Herrera-Ojeda, J.B.¹; Parra-Bracamonte, G.M.^{2*}; Herrera-Camacho, J.¹; López-Villalobos, N.^{3,4}; Magaña-Monforte, J.G.⁵; Martínez-González, J.C.⁶; Lobit, P.¹; Vázquez-Armijo J.F.⁴.

¹Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo-Instituto de Investigaciones Agropecuarias y Forestales. Carretera Morelia-Zinapécuaro km 9.5. 58880. Morelia, Michoacán, México.

²Instituto Politécnico Nacional-Centro de Biotecnología Genómica. Boulevard del Maestro SN. Col. Narciso Mendoza. 88710. Reynosa, Tamaulipas, México.

³Institute of Veterinary, Animal and Biomedical Sciences. Massey University. 4442. Palmerston North. New Zealand.

⁴Centro Universitario UAEM Temascaltepec, Universidad Autónoma del Estado de México. Carretera Toluca- Tejupilco km. 67.5, Barrio de Santiago. 51300. Temascaltepec, Estado de México, México

⁵Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia-Campus de Ciencias Biológicas y Agropecuarias. Carretera Mérida-Xmatkuil. Universidad Autónoma de Yucatán. 97100. Yucatán, México.

⁶Universidad Autónoma de Tamaulipas Facultad de Ingeniería y Ciencias. Centro Universitario Victoria. 87000. Ciudad Victoria, Tamaulipas, México.

RESUMEN

-

El objeto de este estudio fue desarrollar una metodología para clasificar épocas de nacimiento (EN) y evaluar su impacto en indicadores productivos al compararlas con un método tradicional de clasificación. Con información meteorológica, se generó un índice de aridez para clasificar las EN. Las EN propuesta y tradicional se compararon, incluyéndolas como grupo contemporáneo (GC= hato, sexo, año y EN) a modelos de evaluación genética de caracteres de peso vivo. Fueron estimados los componentes de varianza y VG (DEP) con sus exactitudes. La clasificación propuesta explicó mayor variabilidad que la clasificación tradicional ($\geq 9.8\%$). Los parámetros genéticos mostraron cambios importantes, siendo los más evidentes en peso al destete. Los modelos fueron diferentes de acuerdo a la prueba de razón de verosimilitudes ($p < 0.01$). Se observó una mejora de estructura en los GC. Para los dos caracteres evaluados las correlaciones entre los VG de los animales fueron diferentes, lo que indica cambio en la jerarquización. Este método de clasificación de EN puede ayudar a mejorar el ajuste de modelos estadísticos en condiciones en las que exista la información climática necesaria para su implementación.

Palabras clave: Bovinos, Charolais, evaluación genética, índice de aridez, modelo, peso vivo.

SUMMARY

A study was designed to develop a birth season (BS) classification methodology and assess its impact on live weight traits when compared to a traditional BS classification method. Using meteorological information, and aridity index was computed. The proposed and traditional BS were compared by including them into contemporary groups (CG= herd, sex, year and BS) to adjust genetic evaluation models of studied traits. The variance components and breeding values with accuracies were estimated and compared. The proposed BS explained more phenotypic variation than traditional ($\geq 9.8\%$). Genetic parameters showed important changes, more evident for weaning weight. According to the likelihood ratio test the compared models were statistically different ($p < 0.01$). An improvement in CG structure was observed. Genetic correlations of breeding values showed important differences

suggesting hierarchy changes. This method of BS classification might improve the statistical model fitting when meteorological information could be available.

INTRODUCCIÓN

El efecto del clima en la producción animal se ha estudiado desde hace más de medio siglo, y se reconoce como un factor variable y complejo que condiciona e impacta el ambiente en el que los animales viven y se reproducen (Arias *et al.*, 2008; Berman, 2011). El clima afecta al ganado en maneras diferentes, modifica la calidad y/o cantidad de los alimentos disponibles, el requerimiento de agua y energía, la cantidad de energía consumida y su uso. Los animales enfrentan el clima adverso mediante modificaciones de sus mecanismos fisiológicos y de comportamiento, así mantienen su temperatura corporal en un intervalo normal. Como consecuencia es posible observar alteraciones en el consumo de alimento, en el comportamiento y la productividad, que se reflejan en cambios en algunos indicadores importantes del crecimiento, como los pesos al destete y las ganancias diarias de peso (Nardone *et al.*, 2006; Nienaber y Hahn, 2007). Estos efectos se observan sobre todo en condiciones extensivas de manejo.

Los modelos usados para análisis estadísticos de características productivas incluyen la época o el mes de nacimiento como uno de los principales factores que inciden sobre la expresión del potencial productivo de los animales (Martínez *et al.*, 2008; Chin *et al.*, 2012). Por ejemplo, dentro de las evaluaciones genéticas, para poder estimar parámetros y VG de cada animal con alta confiabilidad, los modelos mixtos incluyen la época de nacimiento como un efecto fijo para evitar sobreestimaciones de la varianza capturada en los VG estimados. Martínez *et al.* (1998) señalan que el mes o época de nacimiento (período estacional en el que ocurre el nacimiento), puede llegar a contribuir hasta con el 13% de la variación de los pesos al nacimiento (PN) y al destete (PD).

La época de nacimiento involucra diversos factores climáticos reconocidos por impactar la variabilidad de estos indicadores de producción (Nienaber y Hahn, 2007) y por lo general, los efectos ambientales que determinan la variación en las características de crecimiento son diferentes según la zona agroecológica, el sistema de explotación y la población que se estudia (Ramírez-Valverde *et al.*, 2008; Garrick, 2010). Al respecto, cuando se ha tratado de definir estos períodos climáticos, para el ajuste de modelos estadísticos en características

productivas, el criterio principal para la clasificación es la definición específica asociada a la presencia o ausencia de la precipitación pluvial, clasificando los climas simplemente en secos o lluviosos (Parra-Bracamonte *et al.*, 2007; Martínez-González *et al.*, 2010), aunque algunos autores han incluido también la temperatura (Medina-Zaldívar *et al.*, 2005; Martínez-González *et al.*, 2011), estaciones del año (Ríos-Utrera *et al.*, 2007) o criterios definidos por clústeres entre meses durante el año (Ríos-Utrera *et al.*, 2012).

Los diferentes criterios, contemplan generalmente ciertos componentes climáticos que podrían ser inexactos al explicar la variación que define un determinado período del año, ya que el clima está determinado por circunstancias atmosféricas globales, pero posee un comportamiento específico para cada zona o porción del espacio, es decir el factor decisivo es su unidad de lugar (Morillo, 1994). Hahn *et al.* (2003) definieron los principales elementos climáticos que afectan el desempeño del ganado bovino y corresponden a una compleja interacción de temperatura, humedad relativa, viento, precipitación y radiación solar. A la fecha, no existe una metodología que incluya a estos elementos como condicionantes de la variación del tiempo atmosférico en una época particular del año, y menos aún, relacionados con indicadores de crecimiento en bovinos. Por lo que se propone una metodología más eficiente y conveniente para clasificar y describir períodos climáticos en la zona de estudio. El propósito es aportar información que minimice las fuentes de variación que inciden sobre la expresión fenotípica de los indicadores productivos (por ejemplo, el peso vivo) y poder mejorar la estimación de los parámetros genéticos requeridos en la evaluación genética, así como también la estimación de los VG de cada animal.

El objetivo de este estudio fue desarrollar un método matemático para clasificar períodos climáticos en diferentes regiones de estudio, a través de un índice climatológico, y verificar su grado de influencia en el ajuste de modelos estadísticos de evaluación genética de características de peso vivo en bovinos bajo manejo extensivo.

MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio consideró la reclasificación y la validación de la información en modelos de ajuste estadístico para estimar la proporción de varianza que explicaría la nueva fuente de variación (el índice climatológico) en el ajuste de un modelo de evaluación genética. Siendo esta nueva fuente de variación la clasificación climática relativa a los períodos de

crecimiento en los grupos contemporáneos. Para definir estos períodos y su relación con el crecimiento, se contó con las bases de datos de tres hatos de ganaderías de registro de ganado Charolais, en Sonora (Ron B) y Nuevo León (San Juan y Cieneguitas), México, que contaban con información genealógica y con registros de producción colectados de 1999 al 2013. Utilizando la localización geográfica de cada hato se obtuvo la información meteorológica diaria de tres estaciones cercanas a las regiones de los hatos incluidos en el estudio. Las estaciones meteorológicas consideradas fueron Hermosillo (H1:29°05'44"N 110°57'03"O), Mamulique (H2: 26°98'25"N 10°18'49"O) y Salinas Victoria (H3: 25°58'00"). Las estaciones seleccionadas poseían alrededor de 30 años de registros por estación y se verificaron más del 80% de los datos.

La información climatológica utilizada se obtuvo por medio del Extractor Rápido de Información Diaria (ERIC III versión 3.2.), que facilita la obtención de información de la base de datos CLICOM (clima computarizado) del banco de datos histórico de la Comisión Nacional del Agua (CONAGUA, 2016). La información disponible consistió en datos históricos (de 30 años, 1985 a 2015) de información meteorológica diaria de la precipitación pluvial (PP), temperaturas medias (TM), mínimas y máximas, radiación solar (RS), humedad (H), velocidad del viento (VV). La clasificación propuesta se logró a través de la elaboración de un índice de aridez (IA), utilizando la precipitación pluvial y el índice de evapotranspiración (ET0).

La ET0 es la pérdida del agua a través de la superficie del suelo y de las hojas, variando de acuerdo a las condiciones medioambientales de la región de estudio (Allen et al., 2006). Existen diversos métodos para calcularlo, dichas ecuaciones utilizan datos climatológicos de radiación diaria, temperatura, H y VV; sin embargo, la disponibilidad de toda esta información no siempre es fácil o confiable debido a posibles fallas en la medición de dichas variables en las estaciones meteorológicas, por lo que se prefirió utilizar un método que pudiera calcular el ET0 con limitada información climatológica, la ecuación Hargraves (1994) recalibrada por Lobit *et al.* (2016), que puede calcular el ET0 utilizando solamente información de RS y Temperatura. Con la información de las variables climáticas y elementos del medio se realizó la determinación del ET0 de acuerdo a Lobit et al., (2016):

$$ET0 = 2.45 \times 0.1555 \times Ra \times \sqrt{T_{Max} + T_{Min}} \times \left(9.967 \times 10^{-2} + 4.280 \times 10^{-3} \frac{T_{Max} + T_{Min}}{2} \right)$$

Donde: ET_0 = Índice de evapotranspiración, R_a = Radiación solar extraterrestre, T_{Max} = Temperatura máxima, T_{Min} = Temperatura mínima.

Posteriormente, fueron estimados los IA en cada una de las estaciones, por medio de la metodología propuesta en el Diario Oficial de la Federación (1 de junio de 1995), para desarrollar criterio clasificatorio de la aridez a partir de la relación entre la precipitación pluvial diaria (PP) y la ET_0 , lo que permite clasificar regiones en áridas, semiáridas, subhúmedas y húmedas (UNEP, 1992), considerando los niveles de 0.0 a 0.20 para clasificar un mes árido (A), 0.21 a 0.50 como semiárido (SA), 0.51 a 0.65 como subhúmedo (SH) y >0.65 como húmedo (H; Cuadro 1). De esta manera la dinámica de IA fue considerada para cada hato particular de acuerdo a las estimaciones calculadas (Figura 1).

Las ecuaciones para elaborar el ET_0 fueron elaboradas con diversos procedimientos contenidos en el software R (RDCT, 2008).

Validación del efecto de la clasificación propuesta

Una vez establecidos los períodos climáticos por localización geográfica, utilizando el criterio de IA, se compararon dos modelos de ajuste para analizar las variables dependientes. Como comparación se consideró la clasificación utilizada por Ríos-Utrera *et al.* (2012), quienes clasificaron las épocas de nacimiento en 1) enero-marzo, 2) abril a junio, 3) julio-septiembre y, 4) octubre-diciembre. En un análisis de parámetros genéticos con ganado Charolais, de tal manera que el primer modelo se definió de acuerdo a esta clasificación para representar el método tradicional (MT); y el segundo modelo consideró la propuesta con el criterio de IA (MN). Se examinó la correlación entre las dos clasificaciones comparadas mediante el coeficiente de correlación de Spearman, utilizando el paquete estadístico SAS (SAS Institute, Inc., 1996).

En el primer análisis entre MT y MN, se calculó el estimador de la época de nacimiento (EN) incluida como efecto aleatorio y el efecto del estimador (β_E %), sobre el peso al nacimiento (PN) y peso al destete (PD) usando un modelo mixto que consideró los efectos fijos de la época y el hato de nacimiento, el sexo del animal y los efectos lineal y cuadrático de la edad de la vaca como covariables, más el efecto aleatorio del semental y el año de nacimiento. Estos análisis se realizaron utilizando el PROC MIXED del paquete estadístico SAS (SAS Institute, Inc., 1996).

Posteriormente, se ajustaron los mismo modelos (MT y MN) en el paquete de evaluaciones genéticas MTDFREML (Boldman *et al.*, 1995), el modelo más completo para PD fue matricial $Y = X\beta + Zd + Wm + e$, donde Y es el vector de observaciones para PD, X , Z y W son matrices conocidas de incidencia que relacionan las observaciones con sus respectivos vectores de efectos fijos y aleatorios; β es el vector de efectos fijos (grupo contemporáneo y la covariable de edad de la vaca); d es el vector de efectos genéticos aditivos directos; m es el vector de efectos genéticos aditivos maternos y e es el vector de efectos aleatorios residuales. El modelo para PN solamente incluyó el efecto genético directo. En ambos modelos el grupo contemporáneo estuvo integrado por animales del mismo hato, sexo año y época de nacimiento. La época de nacimiento se diferenciaba por la reclasificación entre modelos.

El criterio de convergencia de los modelos se fijó en 1×10^{-19} y se realizaron tres reinicios en el análisis hasta que el cambio en el logaritmo fue menor a 1×10^{-4} , para asegurar el mínimo global. Para este análisis la comparación se basó en la prueba de razón de verosimilitudes, que determina la diferencia entre los logaritmos de las funciones de verosimilitud (Log L), comparando el resultado con un valor de Chi-cuadrada, con un grado de libertad, al nivel 1% de probabilidad. La prueba de acuerdo a Lynch y Walsh (1998) puede presentarse como $\lambda = -2(\text{Log L MN} - \text{Log L MT})$. Donde Log L = logaritmo de verosimilitud, con las reglas de decisión: Si $\lambda \geq x^2$, el modelo MN se acepta significativamente como diferente al modelo MT y si $\lambda \leq x^2$, el modelo MT y el MN no son significativamente diferentes.

Una aproximación adicional para determinar el efecto de la clasificación propuesta fue ajustar nuevamente los modelos de evaluación genética, fijando los componentes de la varianza genética y conservando libre la varianza residual, de tal manera que la única diferencia posible fuera para los estimadores del grupo contemporáneo (GC). De cada modelo se estimaron las diferencias esperadas en la progenie (DEP) y sus exactitudes, estimando sus medias y desviaciones típicas. Posteriormente, fue extraído el 10% superior de los valores de DEP y sus exactitudes de acuerdo a una jerarquización basada en el modelo MT para cada característica, y considerando para PN los valores inferiores y para el PD los valores superiores. Se estimó la correlación de Spearman entre estos valores predichos en cada modelo por característica para determinar cambios en la categorización

de los animales superiores, usando el procedimiento CORR del paquete estadístico SAS (SAS Institute Inc., 1996).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Clasificación de las épocas

En la Figura 1, se observan las curvas de IA estimado para las tres localidades de los hatos incluidas en el estudio. Esta tendencia indica que las condiciones climáticas son similares desde junio hasta noviembre para H2 y H3, estos meses se ubican entre subhúmedos y húmedos, por estar localizados en una región relativamente cercana (menos de 200 km de distancia) pero muy diferentes a H1 en el cuál se observó que el único mes subhúmedo es agosto.

En países como México donde los sistemas de producción de ganado de carne se basan en áreas de pastoreo y agostaderos, es común que los animales se encuentren expuestos a las diversas intensidades de los efectos medioambientales, debido a diferencias en la variedad y calidad del forraje, topografía y a las variables climáticas. Las variables del clima, (radiación solar, humedad relativa, precipitación, temperatura ambiental, velocidad del viento), en conjunto ejercen una acción directa en la industria ganadera, afectando el grado de bienestar fisiológico de los animales y un efecto indirecto a través de la producción y calidad de los alimentos, esto influye en la eficiencia de los sistemas de producción tropical de bovinos de carne (Córdova *et al.*, 2005; Arias *et al.*, 2008).

Los cambios en el clima afectan a uno de los componentes más importantes dentro de los sistemas extensivos, la disponibilidad de biomasa. Las deficiencias cualitativas y cuantitativas del forraje disponible se reflejan en bajas tasas de crecimiento de los animales en desarrollo (Denoguean *et al.*, 2012). De igual manera las condiciones ambientales pueden generar estados de estrés calórico, sobre todo en sistemas de producción de clima tropical donde el ganado se cría en extensas praderas y la probabilidad de que presenten estrés calórico es alto, lo que conduce al animal a un reajuste en su fisiología y actividad física para regular su temperatura corporal, reduciendo como consecuencia su desempeño productivo (Nienaber y Hahn, 2007; Arias *et al.*, 2008). Santana *et al.*, (2015), demostraron que temperaturas y porcentajes altos de humedad desde el nacimiento hasta el destete afectan negativamente el peso al destete (PD) de bovinos criados en condiciones tropicales.

Para poder capturar las variables del clima que pueden afectar tanto al animal como a la oferta de alimento en los sistemas de pastoreo extensivo, el índice de aridez, permiten evaluar el agua que se pierde tanto por evaporación como por la transpiración del cultivo y al mismo tiempo incluyendo variables que en ganado tropical se traducen en cambios de temperatura corporal, tasa de respiración y la sudoración, así como el consumo de alimento y agua. Por lo tanto el uso de este criterio considera de manera más efectiva las condiciones a las que los animales o cultivos se someten en condiciones reales, lo que ayudaría a remover o estimar la variación que explica fenotípicamente los caracteres que se expresan bajo condiciones extensivas.

Efecto de la clasificación propuesta en modelos de evaluación genética

Las dos características de peso vivo evaluadas (Cuadro 2) fueron similares a los que obtuvieron Ríos-Utrera *et al.* (2012) en ganado Charolais mexicano (39.0 y 227.0 kg para PN y PD, respectivamente).

En el presente estudio, se logró el ajuste de dos modelos para cada característica de peso vivo evaluada. El estimador de EN (Cuadro 3) permite sugerir que la clasificación propuesta (MN) explica sustancialmente mayor variabilidad que la clasificación tradicional (MT), en las dos características de peso vivo evaluadas. En este sentido, el IA es capaz de aislar y explicar aproximadamente el 10% de la variabilidad de la característica. No es frecuente encontrar estudios que evalúen la importancia del componente ambiental en el ajuste de modelos de evaluación genética. La mayoría da por hecho que la inclusión de los factores que son importantes como fuentes de variación puede basarse en criterios que se usan de manera general (por ejemplo, la conformación de grupos contemporáneos) y cuando no exista un problema con la estructura de los datos o con la elección de los niveles que conforma el vector de los efectos fijos (por ejemplo, el sexo; Wilson *et al.*, 2010), lo que a la postre conformará el BLUE (Mejor Estimador Lineal no Sesgado; por sus siglas en inglés) (Mrode, 2014). Sin embargo, para el caso de los factores que explican una proporción importante de la variación y poseen un grado de complejidad en su clasificación, es necesario considerar su preclasificación de acuerdo a un criterio más objetivo para seleccionar su inclusión ya sea individualmente o en bloques como los grupos contemporáneos.

La reclasificación de la EN utilizada en MN, mostró que existe una $r=0.07$ ($p<0.01$) con la EN utilizada en el MT. Esto demuestra que existe un cambio significativo en la clasificación y ordenamiento de las épocas asignadas a cada individuo en el análisis de acuerdo a sus fechas de nacimiento.

Los cambios en la varianza genética aditiva para PN en los componentes de la varianza fueron bajos (Cuadro 4), pero la heredabilidad directa en MN comparada con MT sí incrementó de manera discreta. Los cambios más evidentes se encontraron en el análisis del PD. En este análisis el modelo MN mostró menores valores en sus componentes de la varianza, sobre todo en la varianza genética directa y la covarianza entre la varianza genética directa y materna, lo que se reflejó en parámetros genéticos más bajos (Cuadro 4). En ambas comparaciones (PN y PD) los modelos fueron significativamente diferentes de acuerdo a la prueba de razón de verosimilitudes ($p<0.01$).

Estos resultados demuestran que la reclasificación de la EN, probablemente tenga mayores efectos en el ajuste de modelos más complejos que incluyan además del efecto genético directo, el efecto materno debido a las conexiones genéticas que puedan establecerse entre los grupos contemporáneos. Un aspecto importante entre los datos analizados de cada modelo, es que MN mostró una reducción en el número de los grupos contemporáneos lo que pudiera sugerir grupos de comparación más grandes y mejor clasificados. Este aspecto es fundamental en las evaluaciones genéticas, ya que la predicción de VG depende principalmente de la correcta estimación de los componentes de varianza; así como de la correcta definición de los efectos medioambientales. Una mejor definición de los efectos fijos responsables de la variación fenotípica puede ayudar a disminuir sesgos causados por diferencias en las condiciones ambientales (grupos contemporáneos) de los animales (Domínguez-Viveros *et al.*, 2009; Pascoa *et al.*, 2013).

Los grupos contemporáneos en las evaluaciones genéticas han sido una estrategia fundamental para lograr reducir la variabilidad causada por diferentes efectos ambientales. Dentro de tal estrategia resulta clave la búsqueda de una mejor definición de los grupos contemporáneos en cuya clasificación se incluyan factores que permitan predicciones más reales del mérito genético en indicadores de interés económico. Esto es esencial en el proceso de selección para ganado de carne, ya que de esto depende en parte el progreso genético de la población (Oliveira-Júnior *et al.*, 2014; Pedrosa *et al.*, 2014).

El análisis específico de los promedios de los valores predichos en las DEP y sus exactitudes (Cuadro 5) no sugiere cambios sustantivos en la distribución poblacional de los predictores genéticos o de sus valores de confiabilidad. Los promedios y sus desviaciones típicas son similares entre modelos para las dos características de peso vivo estudiadas. Sin embargo, al analizar el 10% de los animales superiores clasificados con base en las DEP, la estimación de los coeficientes de correlación de Spearman, mostró que el efecto en los valores predichos que clasifican a los individuos incluidos en la evaluación genética puede ser importante (Cuadro 6). Los menores valores de correlación se observaron entre las DEP directas de PN y PD. La reducción de la categorización de las DEP también fue notoria en los predictores maternos. De manera similar se observó una reducción en la relación entre las exactitudes de las DEP, más evidente entre los modelos de evaluación genética de PN ($r= 0.80$).

Como anteriormente se ha puntualizado, los cambios identificados entre los modelos estudiados podrían explicarse por el cambio en la estructura de los grupos contemporáneos ocasionada por la reclasificación de la época de nacimiento. Algunas de las aproximaciones utilizadas en las publicaciones disponibles nacionalmente no proveen evidencia substancial sobre sus criterios de clasificación. Las épocas de nacimiento entre los diversos estudios realizados en México se definen constantemente considerando dos variables climatológicas: la distribución del patrón de precipitación y la temperatura mensual de acuerdo a un promedio histórico.

Saavedra *et al.* (2013), para evaluar la magnitud de interacción entre genotipos de ganado Pardo Suizo y el clima, clasificaron grupos contemporáneos con épocas de nacimiento definidas por la presencia de lluvias a través de los años estudiados y temperaturas mensuales (secas: junio-octubre y lluvias: noviembre-mayo); aunque para evaluar la interacción genotipo-ambiente en este estudio se definieron clústeres con zonas climatológicas para México (trópico seco: oeste y sureste ;trópico húmedo: este y templado: norte y centro), estas no se tomaron en cuenta para una mejor clasificación de las épocas de nacimiento. De igual manera, Ramírez-Valverde *et al.* (2008), al explorar el efecto de los GC de acuerdo a la cantidad de registros que tuvieran (3, 7 o 10 registros) y su inclusión como un efecto fijo o aleatorio, establecieron grupos contemporáneos de acuerdo a la

distribución de las lluvias y la temperatura registrada por la estación meteorológica más cercana a cada unidad de estudio.

Por su parte Medina-Zaldívar *et al.* (2005), utilizaron la presencia de la precipitación y las temperaturas, mensuales para establecer épocas (secas, lluvias y nortes) para cinco estados del sureste y del norte de México (Campeche, Tabasco, Chiapas, Tamaulipas y Yucatán), justificando que estos estados comparten un clima similar (caliente subhúmedo con lluvias en verano). Sin embargo, de acuerdo a los resultados de este estudio, cuando se utilizan otras variables climatológicas, los estados del norte del país mostraron comportamiento diferente a los del sureste del país.

Algunos autores tratando de definir el modelo estadístico más apropiado para la evaluación genética de indicadores de crecimiento en ganado mexicano, escogieron utilizar como único criterio para las épocas de nacimiento la presencia de lluvia, sin especificar la fuente de información utilizada para categorizar esta variable (Estrada-León *et al.*, 2008; Domínguez-Viveros *et al.*, 2009; Domínguez-Viveros *et al.*, 2011). Las condiciones particulares de la clasificación de grupos contemporáneos reportados en la literatura no incluyen dentro de la estructura de los datos, elementos climatológicos importantes que en este estudio han demostrado acercar los modelos estadísticos a una situación más real para los datos.

Finalmente, la mejor clasificación de las épocas con base en criterios objetivos como el IA, mejorará los modelos al explicar significativamente la variación fenotípica de la característica o características evaluadas tanto en estudios retrospectivos como las evaluaciones genéticas, como en el planteamiento de estudios experimentales que incluyan condiciones extensivas de manejo animal o vegetal. Estudios con diferentes poblaciones y en regiones diversas confirmarán la utilidad de este criterio.

El uso de la simulación estocástica como perspectiva futura de análisis ayudará a confirmar los resultados obtenidos en el presente estudio. La implementación de un análisis comparativo que tome como referencia VG verdaderos en caracteres de peso vivo en contraste con las EN integrados en grupos contemporáneos, ayudaría a entender mejor el sesgo en los estimadores de los VG y sus exactitudes como resultado de la mejora en la estructura de los datos y a estimar la magnitud de las posibles sobre- o sub- estimaciones en los animales incluidos en las evaluaciones genéticas (Lopez-Villalobos *et al.*, 2015).

En conclusión, el índice de aridez definido como criterio de clasificación de meses y épocas de nacimiento para incluir los factores ambientales que inciden sobre el desempeño productivo de los animales en condiciones extensivas, probó ser un estimador útil que aporta información. La época de nacimiento definida a partir de este índice explicó una proporción substancial de la variación fenotípica. El análisis entre los modelos de evaluación genética incluyendo el contraste de grupos contemporáneos en el índice de aridez mostró que su implementación produce cambios específicos en los parámetros y los VG, esta información puede hacer más precisos los programas de mejora genética al analizar modelos complejos. Con base en los resultados, el uso del índice de aridez puede extenderse a diferentes esquemas de aplicación agropecuaria en los cuales animales o cultivos estén sometidos a condiciones extensivas cuando se tenga disponibilidad de la información climatológica que permita esta clasificación.

Cuadro 1. Categorías del índice de aridez (IA) utilizadas para la reclasificación de los períodos climáticos.

Escala de IA	Categorías	Clave
0.00 a 0.20	Áridos	A
0.21 a 0.50	Semiáridos	SA
0.51 a 0.65	Subhúmedos secos	SH
> 0.65	Húmedos	H

Cuadro 2. Estadísticos descriptivos para peso al nacimiento (PN) y peso al destete ajustado a 205 días (PD) de bovinos Charolais de registro (kg).

Característica	n	Media	SD	Máximo	Mínimo
PN	855	40.49	0.22	62.0	20.0
PD	802	226.88	1.41	377.7	103.7

Cuadro 3. Estimadores de la varianza en el componente de dos épocas de nacimiento y su efecto (β_E), y criterios de selección en dos modelos evaluados en caracteres de peso vivo de ganado Charolais.

	PN		PD	
	MT	MN	MT	MN
Estimador	0.39	3.93	1.40	135.91
β_E %	1.1	9.8	0.10	9.9

MT: Modelo de época tradicional, MN: Modelo con la época de acuerdo al IA (Cuadro 1), β_E %: Tamaño de efecto del factor época.

Cuadro 4. Componentes de la varianza y parámetros genéticos a partir del ajuste de dos modelos para caracteres de peso vivo en ganado Charolais.

Componentes y parámetros	PN		PD	
	MT	MN	MT	MN
σ_d^2	8.39	10.50	183.642	55.22

σ_m^2	-	-	278.417	252.603
σ_{dm}	-	-	-145.912	-66.834
σ_e^2	22.94	21.27	555.290	567.638
σ_p^2	31.33	31.77	871.438	808.632
h^2	0.27±0.08	0.33±0.07	0.21± 0.13	0.07± 0.01
m^2	-	-	0.32± 0.11	0.31± 0.10
r_{dm}	-	-	-0.65±0.21	-0.57±0.43
e^2	0.73±0.08	0.67±0.08	0.64± 0.11	0.70± 0.08
-2 Log L	3361.921 ^a	3473.764 ^b	5318.333 ^a	5484.107 ^b

^{a,b} Literales diferentes entre modelos en cada característica son significativamente diferentes $p < 0.001$. σ_d^2 = Varianza genética directa, σ_m^2 = Varianza genética materna, σ_{dm} = Covarianza genética directa y materna, σ_e^2 = Varianza ambiental, σ_p^2 = Varianza fenotípica, h^2 = heredabilidad directa, m^2 = heredabilidad materna, r_{dm} = correlación directa-materna, e^2 = proporción de varianza ambiental relativa a la varianza fenotípica. Log L = Logaritmo de verosimilitud.

Cuadro 5. Medias y desviaciones típicas de las diferencias esperadas en la progenie y exactitudes en dos modelos evaluados en caracteres de peso vivo de ganado Charolais.

Valor predicho	PN		PD	
	MT	MN	MT	MN
DEP D	-0.25±3.78	-33±3.85	0.19±2.90	0.12±2.92
EX D	0.74±0.18	0.76±0.18	0.23±0.14	0.24±0.15
DEP M	-	-	0.03±5.73	-0.10±5.94
EX M	-	-	0.35±0.13	0.37±0.13

MT: Modelo de época tradicional, MN: Modelo con la época de acuerdo al IA (Cuadro 1), DEP D: Diferencias esperadas de las progenies directas, EX D: Exactitudes de la DEP D. DEP M: Diferencias esperadas de las progenies maternas, EX M: Exactitud de la DEP M.

Cuadro 6. Coeficientes de correlación de Spearman entre las Diferencias Esperadas de la Progenie y sus exactitudes de caracteres de peso vivo de ganado Charolais, estimados con dos modelos que difieren en la clasificación de época dentro del grupo contemporáneo.

Característica	Correlación de Spearman	
	DEP	Exactitud
PN directo	0.66	0.80
PD directo	0.62	0.92
PD materno	0.68	0.97

MT: Modelo de época tradicional, MN: Modelo con la época de acuerdo al IA (Cuadro 1),

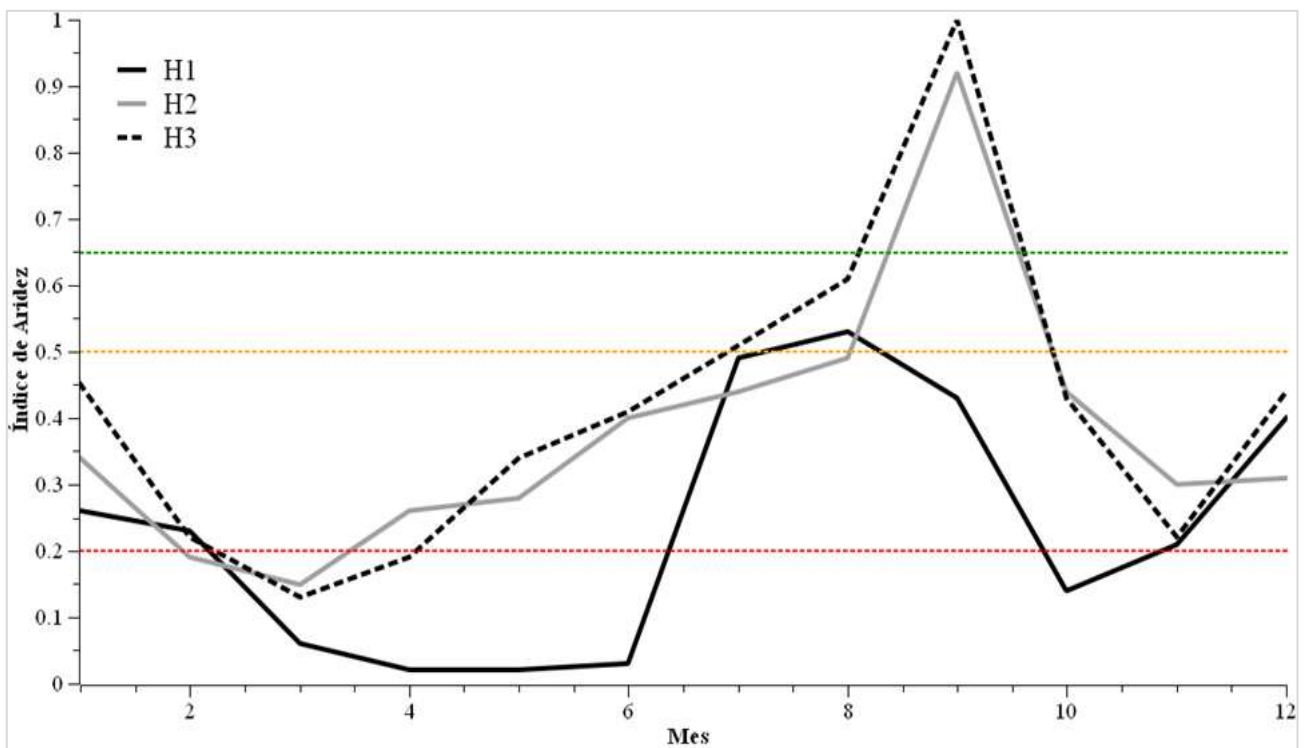


Figura 1. Tendencias anuales de índice de aridez en tres localidades estudiadas. Líneas punteadas (roja, naranja y verde): límite de clasificación de época de acuerdo al Cuadro 1. (H1: Hermosillo, H2: Mamulique, H3: Salinas Victoria, México).

Capítulo II. Artículo listo para someterse a revisión en la revista Ciencia Pecuaria.

“Uso de información climática en el ajuste de modelos estadísticos para los sistemas de producción extensiva de México”

“Uso de información climática en el ajuste de modelos estadísticos para los sistemas de producción extensiva de México”

“Use of climatological information for statistical model fitting of extensive production systems in Mexico”

Herrera-Ojeda, J.B.¹; Parra-Bracamonte, G.M.^{2*} López-Villalobos, N.^{3,4}; Martínez-González, J.C.⁵; Magaña-Monforte, J.G.⁶; Lobit, P.¹; Vázquez-Armijo J.F.⁴; Herrera-Camacho, J.¹; Jahuey-Martínez F.J.²

¹Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo-Instituto de Investigaciones Agropecuarias y Forestales. Carretera Morelia-Zinapécuaro km 9.5. 58880. Morelia, Michoacán, México.

²Instituto Politécnico Nacional-Centro de Biotecnología Genómica. Boulevard del Maestro SN. Col. Narciso Mendoza. 88710. Reynosa, Tamaulipas, México.

³Institute of Veterinary, Animal and Biomedical Sciences. Massey University. 4442. Palmerston North. New Zealand.

⁴Centro Universitario UAEM Temascaltepec, Universidad Autónoma del Estado de México. Carretera Toluca- Tejupilco km. 67.5, Barrio de Santiago. 51300. Temascaltepec, Estado de México, México

⁵Universidad Autónoma de Tamaulipas Facultad de Ingeniería y Ciencias. Centro Universitario Victoria. 87000. Ciudad Victoria, Tamaulipas, México.

⁶Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia-Campus de Ciencias Biológicas y Agropecuarias. Carretera Mérida-Xmatkuil. Universidad Autónoma de Yucatán. 97100. Yucatán, México.

Resumen

El objetivo de este estudio fue validar los efectos de una metodología de clasificación de épocas climáticas que tradicionalmente son utilizadas para clasificar épocas de nacimiento (EN) en estudios y experimentos estadísticos. Esta metodología se basa en un índice de aridez (IA) para clasificar las EN utilizando información meteorológica histórica. Utilizando una base de datos con un pedigrí de 7,460 animales se ajustaron dos modelos para peso al nacimiento y peso al destete de ganado Charolais. Los modelos incluyeron el efecto fijo de grupo contemporáneo (GC= hato, sexo, año y EN) y edad de la madre. Los mismos modelos fueron comparados con utilizando una clasificación tradicional de estaciones del año para clasificar las EN. Al estimar los componentes de varianza y VG (DEP) con sus exactitudes, los modelos fueron diferentes de acuerdo a la prueba de razón de verosimilitudes ($p < 0.01$). Se observó una mejora en la conformación de los GC reduciendo en 25% para la EN basada en el IA y por ende con GC con mayor número de individuos. El principal efecto observado en los modelos analizados fue el cambio substancial en la jerarquización de las DEP para ambas características. Este método de clasificación de EN puede ayudar a mejorar el ajuste de modelos estadísticos en los sistemas productivos pecuarios e condiciones extensivas.

Palabras clave: Bovinos, Charolais, evaluación genética, índice de aridez, modelos, peso vivo.

Abstract

The objective of the present manuscript was to validate the effects of climatic season classification traditionally used as birth season (BS) in statistical assessments. This methodology is based on an aridity index (AI) to classify BS using meteorological historic information. Using a 7,460 pedigree animals dataset were fitted two statistical models for birth and weaning weights of Charolais cattle. Genetic models included the fixed effect of contemporary groups (CG= herd, sex, year and BS) and dam age as a covariate. Same models were compared with respective models with a traditional season classification for

BS. Variance component and expected progeny differences (EPD) with accuracies were predicted, and models were statistically different accordingly to the likelihood ratio test ($p < 0.01$). An improvement and reduction in CG structure (25%) were observed for those models including IA based BS. The main effect in assessed models were the ranking changes in EPD from both traits. This classification method of BS can improve the model fitting in animal production based in extensive systems.

Palabras clave: Aridity index, Cattle, Charolais, Genetic evaluation, live weight.

Introducción

El clima puede afectar el desempeño del ganado en diferentes maneras, modifica la calidad y/o cantidad de los alimentos disponibles, el requerimiento de agua y energía, la cantidad de energía consumida y su uso. El efecto del clima en la producción animal se reconoce como un factor altamente variable y complejo que condiciona e impacta el ambiente en el que los animales viven, se desempeñan y se reproducen (Arias *et al.*, 2008; Berman, 2011). Los animales enfrentan los efectos del clima mediante diferentes mecanismos de modificación de las constantes fisiológicas y de comportamiento, de esta manera mantienen su temperatura corporal en un intervalo normal. Como consecuencia es posible observar alteraciones en el consumo de alimento, en el comportamiento y la productividad, que se reflejan en cambios en algunos indicadores importantes del crecimiento, como los pesos al destete y las ganancias diarias de peso (Nardone *et al.*, 2006; Nienaber y Hahn, 2007). Estos efectos sobre todo son más perceptibles para los sistemas productivos basados en condiciones extensivas de manejo.

Es común al usar modelos estadísticos, que uno de los principales factores a considerar sea las épocas climáticas. Los diferentes criterios, contemplan generalmente ciertos componentes climáticos que podrían ser inexactos al explicar las variaciones que definen un determinado período del año, ya que el clima está determinado por circunstancias atmosféricas globales, pero posee un comportamiento específico para cada zona o región, es decir el factor decisivo es su unidad de lugar (Morillo, 1994). Hahn *et al.* (2003) definieron los principales elementos climáticos que afectan el desempeño del ganado

bovino y corresponden a una compleja interacción de temperatura, humedad relativa, viento, precipitación y radiación solar. A la fecha, no existe una metodología que incluya a estos elementos como condicionantes de la variación del tiempo atmosférico en una época particular del año, y menos aún, relacionados con indicadores de crecimiento en bovinos. Por lo que se propone una metodología más eficiente y conveniente para clasificar y describir períodos climáticos en la zona de estudio. El propósito es aportar información que minimice las fuentes de variación que inciden sobre la expresión fenotípica de los indicadores productivos (por ejemplo, el peso vivo) y poder mejorar la estimación de los parámetros genéticos requeridos en la evaluación genética, así como también la estimación de los VG de cada animal.

Los modelos usados para análisis estadísticos de características productivas incluyen la época o el mes de nacimiento como uno de los principales factores que inciden sobre la expresión del potencial productivo de los animales (Martínez *et al.*, 2008; Chin *et al.*, 2012). En las evaluaciones genéticas, para poder estimar parámetros y VG de cada animal con alta confiabilidad, los modelos incluyen la época de nacimiento como un efecto fijo dentro de las ecuaciones de los modelos mixtos, lo que a la postre será considerado como el mejor estimador lineal insesgado (Mrode, 2014). Martínez *et al.* (1998) señalan que el mes o época de nacimiento (período estacional en el que ocurre el nacimiento), puede llegar a contribuir hasta con el 13% de la variación de los pesos al nacimiento (PN) y al destete (PD). La época de nacimiento involucra diversos factores climáticos reconocidos por impactar la variabilidad de estos indicadores de producción (Nienaber y Hahn, 2007) y por lo general, los efectos ambientales que determinan la variación en las características de crecimiento son diferentes según la zona agroecológica, el sistema de explotación y la población que se estudia (Ramírez-Valverde *et al.*, 2008; Garrick, 2010). Al respecto, cuando se ha tratado de definir estos períodos climáticos, para el ajuste de modelos estadísticos en características productivas, el criterio principal para la clasificación es la definición específica asociada a la presencia o ausencia de la precipitación pluvial, clasificando los climas simplemente en secos o lluviosos (Parra-Bracamonte *et al.*, 2007; Martínez-González *et al.*, 2010), aunque algunos autores han incluido también la temperatura (Medina-Zaldívar *et al.*, 2005; Martínez-González *et al.*, 2011), estaciones del

año (Ríos-Utrera *et al.*, 2007) o criterios definidos por clústeres entre meses durante el año (Ríos-Utrera *et al.*, 2012).

El objetivo de este estudio fue validar los efectos de un método matemático para clasificar períodos climáticos en diferentes regiones de estudio, sobre parámetros y predicciones genéticas en el ajuste de modelos estadísticos de evaluación genética y proveer una estimación de épocas para diferentes municipios de México como referencia en estudios experimentales bajo condiciones extensivas.

Materiales y métodos

El estudio la validación de la información climatológica al utilizar un índice de aridez (IA) para clasificar épocas de nacimiento (EN) en modelos de ajuste estadístico de evaluación genética. La información climatológica utilizada se obtuvo por medio del Extractor Rápido de Información Diaria (ERIC III versión 3.2.), que facilita la obtención de información de la base de datos CLICOM (clima computarizado) del banco de datos histórico de la Comisión Nacional del Agua (CONAGUA, 2016). La información utilizada fue de datos históricos de 30 años (1985 a 2015) de información meteorológica diaria de la precipitación pluvial (PP), temperaturas medias (TM), mínimas y máximas, radiación solar (RS), humedad (H), velocidad del viento (VV). La clasificación propuesta se logró a través de la elaboración del IA, utilizando la precipitación pluvial y el índice de evapotranspiración (ET0). Previamente el método ha sido descrito por Herrera-Ojeda et al. (en prensa) como:

$$ET0 = 2.45 \times 0.1555 \times Ra \times \sqrt{T_{Max} + T_{Min}} \times \left(9.967 \times 10^{-2} + 4.280 \times 10^{-3} \frac{T_{Max} + T_{Min}}{2} \right)$$

Donde: ET0= Índice de evapotranspiración, Ra= Radiación solar extraterrestre, T_{Max}= Temperatura máxima, T_{Min}= Temperatura mínima. Posteriormente, fueron estimados los IA en cada una de las estaciones, por medio de la metodología propuesta en el Diario Oficial de la Federación (1 de junio de 1995), para desarrollar criterio clasificatorio de la aridez a partir de la relación entre la precipitación pluvial diaria (PP) y la ET0, lo que permite clasificar regiones en áridas, semiáridas, subhúmedas y húmedas (UNEP, 1992), considerando los niveles de 0.0 a 0.20 para clasificar un mes árido (A), 0.21 a 0.50 como semiárido (SA), 0.51 a 0.65 como subhúmedo (SH) y >0.65 como húmedo (H; Cuadro 1).

De esta manera la dinámica de IA fue considerada para cada hato particular de acuerdo a las estimaciones calculadas (Figura 1). Las ecuaciones para elaborar el ET0 fueron estimadas en el software R (RDCT, 2008).

Validación del efecto de la clasificación propuesta

Se utilizaron las bases de datos de tres hatos de ganaderías de registro de ganado Charolais, en Sonora y Nuevo León, México, que contaban con información genealógica y con registros de producción y un pedigrí de 7460 animales. Utilizando la localización geográfica de cada hato se obtuvo la información meteorológica diaria de tres estaciones cercanas a las regiones de los hatos incluidos en el estudio. Las estaciones meteorológicas consideradas fueron Hermosillo (H1:29°05'44"N 110°57'03"O), Mamulique (H2: 26°98'25"N 10°18'49"O) y Salinas Victoria (H3: 25°58'00"). Las estaciones seleccionadas poseían alrededor de 30 años de registros por estación y se verificaron más del 80% de los datos.

Una vez establecidos los períodos climáticos por localización geográfica, utilizando el criterio de IA, se compararon dos modelos de ajuste para analizar las variables dependientes. Como comparación se consideró la clasificación utilizada por Ríos-Utrera *et al.* (2012), quienes clasificaron las épocas de nacimiento en 1) enero-marzo, 2) abril a junio, 3) julio-septiembre y, 4) octubre-diciembre. En un análisis de parámetros genéticos con ganado Charolais, de tal manera que el primer modelo se definió de acuerdo a esta clasificación para representar el método tradicional (MTR); y el segundo modelo consideró la propuesta con el criterio de IA (MIA). Se examinó la correlación entre las dos clasificaciones comparadas mediante el coeficiente de correlación de Spearman, utilizando el paquete estadístico SAS (SAS Institute, Inc., 1996).

En el primer análisis entre MTR y MIA, se calculó el estimador de la época de nacimiento (EN) incluida como efecto aleatorio y el efecto del estimador (β_E %), sobre el peso al nacimiento (PN) y peso al destete (PD) usando un modelo mixto que consideró los efectos fijos de la época y el hato de nacimiento, el sexo del animal y los efectos lineal y cuadrático de la edad de la vaca como covariables, más el efecto aleatorio del semental y el año de nacimiento. Estos análisis se realizaron utilizando el PROC MIXED del paquete estadístico SAS (SAS Institute, Inc., 1996).

Posteriormente, se ajustaron los mismo modelos (MTR y MIA) en el paquete de evaluaciones genéticas MTRDFREML (Boldman *et al.*, 1995), el modelo para PN y PD fue, en forma matricial $Y = X\beta + Zd + Wm + e$, donde: Y es el vector de observaciones para PD, X , Z y W son matrices conocidas de incidencia que relacionan las observaciones con sus respectivos vectores de efectos fijos y aleatorios; β es el vector de efectos fijos antes descritos; d es el vector de efectos genéticos aditivos directos; m es el vector de efectos genéticos aditivos maternos y e es el vector de efectos aleatorios residuales. En ambos modelos el grupo contemporáneo estuvo integrado por animales del mismo hato, sexo año y época de nacimiento. La época de nacimiento se diferenciaba por la reclasificación entre modelos.

El criterio de convergencia de los modelos se fijó en 1×10^{-19} y se realizaron tres reinicios en el análisis hasta que el cambio en el logaritmo fue menor a 1×10^{-4} , para asegurar el mínimo global. Para este análisis la comparación se basó en la prueba de razón de verosimilitudes, que determina la diferencia entre los logaritmos de las funciones de verosimilitud (Log L), comparando el resultado con un valor de Chi-cuadrada, con un grado de libertad, al nivel 1% de probabilidad. La prueba de acuerdo a Lynch y Walsh (1998) puede presentarse como $\lambda = -2(\text{Log L MIA} - \text{Log L MTR})$. Donde Log L = logaritmo de verosimilitud, con las reglas de decisión: Si $\lambda \geq x^2$, el modelo MIA se acepta significativamente como diferente al modelo MTR y si $\lambda \leq x^2$, el modelo MTR y el MIA no son significativamente diferentes.

De cada modelo se estimaron las diferencias esperadas en la progenie (DEP) y sus exactitudes, estimando sus medias y desviaciones típicas. Posteriormente, fue extraído el 10% superior de los valores de DEP y sus exactitudes de acuerdo a una jerarquización basada en el modelo MTR para cada característica, y considerando para PN los valores inferiores y para el PD los valores superiores. Se estimó la correlación de rango de Spearman entre estos valores predichos en cada modelo por característica para determinar cambios en la categorización de los animales superiores, usando el procedimiento CORR del paquete estadístico SAS v 9.2 (SAS Institute Inc. Cary NC, USA).

Resultados y discusión

Recientemente, Herrera-Ojeda et al (En prensa), propusieron un método para reclasificar épocas climáticas basadas en un índice de aridez y estimaron el efecto de este cambio en el análisis de modelos mixtos de evaluación genética con una pequeña población de ganado Charolais. En el presente trabajo, se valida el método propuesto con una población mucho mayor conformando un pedigrí y grupos contemporáneos más numerosos.

En el presente estudio las dos características de peso vivo (Cuadro 2) fueron similares a los que obtuvieron previamente Herrera-Ojeda et al., (En Prensa) y Ríos-Utrera *et al.* (2012) en ganado Charolais mexicano (39.0 y 227.0 kg para PN y PD, respectivamente).

No es frecuente encontrar estudios que evalúen la importancia específica del componente ambiental en el ajuste de modelos de evaluación genética. La mayoría da por hecho que la inclusión de los factores que son importantes como fuentes de variación puede basarse en criterios que se usan de manera general (por ejemplo, la conformación de grupos contemporáneos) y cuando no exista un problema con la estructura de los datos o con la elección de los niveles que conforma el vector de los efectos fijos (por ejemplo, el sexo; Wilson *et al.*, 2010), lo que consecuentemente conformará el BLUE (Mejor Estimador Lineal no Sesgado; por sus siglas en inglés) (Mrode, 2014). Para el caso de factores que explican una proporción substancial de la variación fenotípica y poseen complejidad para su conformación, es necesario considerar su preclasificación de acuerdo a un criterio más objetivo para seleccionar su inclusión ya sea individualmente o en bloques como los grupos contemporáneos, sobre todo en el caso de evaluaciones genéticas que incluyen diferentes hatos, fincas y sitios de manejo con diferencias agroclimáticas marcadas. Herrera-Ojeda et al., (En prensa) estimo que para las épocas de nacimiento que conforman los grupos contemporáneos en evaluaciones genéticas una clasificación provista por el IA explica sustancialmente mayor variabilidad que una clasificación tradicional, por lo que la IA es capaz de aislar y explicar en algunos casos aproximadamente el 10% de la variabilidad de la característica, lo que indica un mejoramiento en la estructura de los factores analizados y el número de observaciones que contiene.

Los cambios observados en la varianza genética aditiva para PN en los componentes de la varianza fueron bajos (Cuadro 4), pero la heredabilidad directa en MIA comparada con

MTR sí incrementó de manera discreta. Los cambios más evidentes se encontraron en el análisis del PD. En este análisis el modelo MIA mostró menores valores en sus componentes de la varianza, sobre todo en la varianza genética directa y la covarianza entre la varianza genética directa y materna, lo que se reflejó en parámetros genéticos más bajos (Cuadro 4). En ambas comparaciones (PN y PD) los modelos fueron significativamente diferentes de acuerdo a la prueba de razón de verosimilitudes ($p < 0.01$).

Estos resultados demuestran que la reclasificación de la EN, probablemente tenga mayores efectos en el ajuste de modelos más complejos que incluyan además del efecto genético directo, el efecto materno debido a las conexiones genéticas que puedan establecerse entre los grupos contemporáneos. Un aspecto importante entre los datos analizados de cada modelo, es que MIA mostró una reducción muy importante ($>25\%$) en el número de los grupos contemporáneos en la base de datos analizada lo que pudiera sugerir grupos de comparación más grandes y mejor clasificados. Se ha sugerido que este aspecto es fundamental en las evaluaciones genéticas, ya que la predicción de VG depende principalmente de la correcta estimación de los componentes de varianza; así como de la correcta definición de los efectos medioambientales. Una mejor definición de los efectos fijos responsables de la variación fenotípica puede ayudar a disminuir sesgos causados por diferencias en las condiciones ambientales de los animales (Domínguez-Viveros *et al.*, 2009; Pascoa *et al.*, 2013).

Los grupos contemporáneos en las evaluaciones genéticas han sido una estrategia fundamental para lograr reducir la variabilidad causada por diferentes efectos ambientales. Dentro de tal estrategia resulta clave la búsqueda de una mejor definición de los grupos contemporáneos en cuya clasificación se incluyan factores que permitan predicciones más reales del mérito genético en indicadores de interés económico. Esto es esencial en el proceso de selección para ganado de carne, ya que de esto depende en parte el progreso genético de la población (Oliveira-Júnior *et al.*, 2014; Pedrosa *et al.*, 2014).

El análisis específico de los promedios de los valores predichos en las DEP y sus exactitudes (Cuadro 5) no sugiere cambios sustantivos en la distribución poblacional de los predictores genéticos o de sus valores de confiabilidad. Los promedios y sus desviaciones

típicas son similares entre modelos para las dos características de peso vivo estudiadas. Sin embargo, al analizar el 10% de los animales superiores clasificados con base en las DEP, la estimación de los coeficientes de correlación de rango de Spearman, mostró que el efecto en los valores predichos que clasifican a los individuos incluidos en la evaluación genética es importante (Cuadro 6). Los menores valores de correlación se observaron entre las DEP directas de PN y PD. La reducción de la categorización de las DEP también fue notoria en los predictores maternos (Cuadro 6).

Como anteriormente se ha puntualizado, los cambios identificados entre los modelos estudiados podrían explicarse por el cambio en la estructura de los grupos contemporáneos ocasionada por la reclasificación de la época de nacimiento. Algunas de las aproximaciones utilizadas en las publicaciones disponibles nacionalmente no proveen evidencia substancial sobre sus criterios de clasificación. Las épocas de nacimiento entre los diversos estudios realizados en México se definen constantemente considerando dos variables climatológicas: la distribución del patrón de precipitación y la temperatura mensual de acuerdo a un promedio histórico. En este sentido, Saavedra *et al.* (2013), para evaluar la magnitud de interacción entre genotipos de ganado Pardo Suizo y el clima, clasificaron grupos contemporáneos con épocas de nacimiento definidas por la presencia de lluvias a través de los años estudiados y temperaturas mensuales (secas: junio-octubre y lluvias: noviembre-mayo); aunque para evaluar la interacción genotipo-ambiente en este estudio se definieron clústeres con zonas climatológicas para México (trópico seco: oeste y sureste ;trópico húmedo: este y templado: norte y centro), estas no se tomaron en cuenta para una mejor clasificación de las épocas de nacimiento. De igual manera, Ramírez-Valverde *et al.* (2008), al explorar el efecto de los GC de acuerdo a la cantidad de registros que tuvieran (3, 7 o 10 registros) y su inclusión como un efecto fijo o aleatorio, establecieron grupos contemporáneos de acuerdo a la distribución de las lluvias y la temperatura registrada por la estación meteorológica más cercana a cada unidad de estudio.

Por su parte Medina-Zaldívar *et al.* (2005), utilizaron la presencia de la precipitación y las temperaturas, mensuales para establecer épocas (secas, lluvias y nortes) para cinco estados del sureste y del norte de México (Campeche, Tabasco, Chiapas, Tamaulipas y Yucatán),

justificando que estos estados comparten un clima similar (caliente subhúmedo con lluvias en verano). Sin embargo, de acuerdo a los resultados de este estudio, cuando se utilizan otras variables climatológicas, los estados del norte del país mostraron comportamiento diferente a los del sureste del país.

Algunos autores tratando de definir el modelo estadístico más apropiado para la evaluación genética de indicadores de crecimiento en ganado mexicano, escogieron utilizar como único criterio para las épocas de nacimiento la presencia de lluvia, sin especificar la fuente de información utilizada para categorizar esta variable (Estrada-León *et al.*, 2008; Domínguez-Viveros *et al.*, 2009; Domínguez-Viveros *et al.*, 2011). Las condiciones particulares de la clasificación de grupos contemporáneos reportados en la literatura no incluyen dentro de la estructura de los datos, elementos climatológicos importantes que en este estudio han demostrado acercar los modelos estadísticos a una situación más real para los datos.

Clasificación de épocas climáticas

En la Figura 1, se observan las curvas de IA estimadas para las tres localidades de los hatos incluidas en el estudio. Las tendencias observadas en el gráfico indican que las condiciones climáticas son similares desde junio hasta noviembre para H2 y H3, estos meses se ubican entre subhúmedos y húmedos, por estar localizados en una región relativamente cercana (menos de 200 km de distancia) pero muy diferentes a H1 en el cuál se observó que el único mes subhúmedo es agosto.

Complementariamente, la estimación de índices de aridez para 106 municipios en diferentes estados se presenta en el Cuadro 7. Estas podrían ser utilizados como referencia para clasificación en estudios que incluyan experimentos o datos de campo en sistemas productivos bajo condiciones extensivas.

En países como México donde los sistemas de producción de ganado de carne se basan en áreas de pastoreo y agostaderos, es común que los animales se encuentren expuestos a las diversas intensidades de los efectos medioambientales, debido a diferencias en la variedad y calidad del forraje, topografía y a las variables climáticas. Las variables del clima,

(radiación solar, humedad relativa, precipitación, temperatura ambiental, velocidad del viento), en conjunto ejercen una acción directa en la industria ganadera, afectando el grado de bienestar fisiológico de los animales y un efecto indirecto a través de la producción y calidad de los alimentos, esto influye en la eficiencia de los sistemas de producción tropical de bovinos de carne (Córdova *et al.*, 2005; Arias *et al.*, 2008).

Para poder capturar las variables del clima que pueden afectar tanto al animal como a la oferta de alimento en los sistemas de pastoreo extensivo, el índice de aridez, permiten evaluar el agua que se pierde tanto por evaporación como por la transpiración del cultivo y al mismo tiempo incluyendo variables que en ganado tropical se traducen en cambios de temperatura corporal, tasa de respiración y la sudoración, así como el consumo de alimento y agua. Por lo tanto el uso de este criterio considera de manera más efectiva las condiciones a las que los animales o cultivos se someten en condiciones reales, lo que ayudaría a remover o estimar la variación que explica fenotípicamente los caracteres que se expresan bajo condiciones extensivas. Bajo estas premisas, las épocas climáticas estimadas con la metodología propuesta serían equivalentes a pesar de la región geográfica dado que los componentes climáticos considerados en su clasificación serían comparables, lo que por ejemplo, podría significar que en algunas regiones existieran solamente dos épocas climáticas, cuando en otras podrían existir las cuatro, independientemente del mes (Cuadro 7).

Conclusiones e implicaciones

El índice de aridez definido como criterio de clasificación de meses y épocas de nacimiento para incluir los factores ambientales que inciden sobre el desempeño productivo de los animales en condiciones extensivas, probó ser un estimador útil que aporta información. El análisis entre los modelos de evaluación genética incluyendo el contraste de grupos contemporáneos en el índice de aridez mostró que su implementación no produce cambios específicos en los parámetros pero sí en la jerarquización de los VG. Esta información puede hacer más precisos los programas de mejora genética al analizar modelos complejos. Con base en los resultados, el uso del índice de aridez puede extenderse a diferentes

esquemas de aplicación agropecuaria en los cuales animales o cultivos estén sometidos a condiciones extensivas cuando se tenga disponibilidad de la información climatológica que permita esta clasificación.

Una mejor clasificación de las épocas con base en criterios objetivos como el IA, podría mejorar los modelos estadísticos al explicar significativamente la variación fenotípica de la característica o características evaluadas tanto en estudios retrospectivos como las evaluaciones genéticas, como en el planteamiento de estudios experimentales que incluyan condiciones extensivas de manejo animal o vegetal. Estudios con diferentes poblaciones y en regiones diversas confirmarán la utilidad de este criterio.

La implementación de un análisis comparativo que tome como referencia VG verdaderos en caracteres de peso vivo en contraste con las EN integrados en grupos contemporáneos, ayudaría a entender mejor el sesgo en los estimadores de los VG y sus exactitudes como resultado de la mejora en la estructura de los datos y a estimar la magnitud de las posibles sobre- o sub- estimaciones en los animales incluidos en las evaluaciones genéticas; esto podría ser implementado mediante el uso de estrategias de simulación estocástica de análisis que ayude a confirmar los resultados obtenidos en el presente estudio en diferentes especies animales (Lopez-Villalobos *et al.*, 2015).

Referencias

- Allen, R.G.; Pereira, L.; Raes D. y Smith, M. 2006. En: Evapotranspiración del cultivo. Guías para la determinación de los requerimientos de agua de los cultivos (Ed.) FAO. 277 pp
- Arias, R.A.; Mader T.L. y Escobar, P.C. 2008. Factores climáticos que afectan el desempeño productivo del ganado bovino de carne y leche. *Arch Med Vet*, 40:7-22.
- Berman, A. 2011. Are adaptations present to support dairy cattle productivity in warm climates?. *J Dairy Sci*, 94: 2147-2158.
- Chin, R.C.; Magaña, J.G.; Segura, J.C. y Núñez, R. (2012). Factores ambientales y proporción racial que influyen en el peso al nacimiento, al destete y edad al primer parto en bovinos Suizo Pardo en México. *Trop Sub-trop Agroeco*, 15: 55-60.
- CONAGUA. (2016). Banco de datos histórico. Comisión Nacional del Agua. <http://sMIA.cna.gob.mx/informacion-climatologica-ver-estado?estado=son>
- Córdova, R.A.; Rodríguez, G.; Córdova, M.; Córdova, C. y Pérez, J. 2005. Ganancia diaria y peso al destete en terneros de cruces de *Bos taurus* y *Bos indicus* en trópico húmedo. *Revista MVZ-Córdoba*, 10: 589-592.
- Denoguean, B.F.; Moreno S.; Ibarra, F.A. y Moreno, C.Y. 2012. La precipitación pluvial y la producción bovina en Sonora. *Sexta época*, 31: 146-148.
- Domínguez Viveros, J., Rodríguez, F.A.; Ortega, J.A. y Flores, A. 2009. Selección de modelos, parámetros genéticos y tendencias genéticas en las evaluaciones genéticas nacionales de bovinos Brangus y Salers. *Agrociencia*, 43: 107-117.
- Domínguez Viveros, J.; Rodríguez F.A.; Núñez, R.; Ortega, J.A.; Ramírez, R.; Santellano, E. y Espinosa, J.L. 2011. Ajuste de modelos de regresión aleatoria en evaluaciones genéticas de bovinos tropicarne. *Agrociencia*, 45:325-337.
- Estrada León, R.J.; Magaña, J.G., y Segura J.C. 2008. Comparación de modelos en la evaluación genética de caracteres de crecimiento del ganado Brahman en el sureste de México. *Arch Latinoam Prod Anim*, 16: 224-233.
- Garrick, D.J. 2010. An animal breeding approach to the estimation of genetic and environmental trends from field populations. *J Anim Sci*, 88: E3-E10.
- Hahn, G.L., Mader, T.I. and Eigenberg, R.A. 2003. Perspective on development of thermal indices for animal studies and management. In: N. Lacetera, U. Bernabucci, H.H.

- Khalifa, and B. Ronchi (Ed.). Interactions between Climate and Animal Production. Wageningen Academic Publishers. Netherland, 31044-31056 pp.
- Hargraves, G.H. 1994. Defining and using reference evapotranspiration. *J Irrigation Drainage Eng*, 120: 1132–1139.
- Herrera-Ojeda, J.B.; Parra-Bracamonte, G.M.; Herrera-Camacho, J.; López-Villalobos, N.; Magaña-Monforte, J.G.; Martínez-González, J.C.; Lobit, P.; Vázquez-Armijo J.F. En prensa. Información climática asociada a estaciones productivas para el ajuste de modelos estadísticos de sistemas bovinos bajo condiciones extensivas. *Archivos de Zootecnia*.
- Johnson, H.D. 1987. Bioclimates and livestock. In: Johnson HD (Ed.) *World Animal Science B5 Bioclimatology and the adaptation of Livestock*. pp: 3-16. Elsevier Science Publishers B.V. Amsterdam.
- Lopez Villalobos, N.; Bryant, J.R.; Harris, B.L. and Garrick, D.J. 2015. Testing an approach to account for daughter misidentification in the estimation of breeding values. *Proc. Assoc AdvMTR Bree Genet*, 21: 241-244.
- Lynch, M. and Walsh B. 1998. *Genetics and analysis of quantitative traits (Vol. 1)*. (Ed) Sinauer. Sunderland. 980 pp.
- Magaña, J.G. and Segura, J.C. 1997. Heritability and factors affecting growth traits and age at first calving of Zebu Beef heifers in South-eastern Mexico. *Trop Anim Health Prod*, 29: 185-92.
- Magaña, J.G.; Delgado, R. y Segura J.C. 2002. Factores ambientales y genéticos que influyen en el intervalo entre partos y peso al nacimiento del ganado Cebú en el Sureste de México. *Rev. Cub. Cienc Agr*, 36: 317-322.
- Martínez, G.G.; Petrocinio, J. y Herrera P.D. 1998. Factores que afectan el peso al destete en un rebaño de bovinos de carne. *Rev Fac Agron*, 15: 2-7.
- Martínez, J.C.M.; Martínez, A.A.; Hernández, J.; Parra, G.M. y Castillo, S.P. 2008. Características pre-destete de bovinos Simmental (*Bos taurus*) y sus cruces con Brahman (*Bos indicus*) en el trópico mexicano. *Rev. Colomb Cienc Pecu*, 21: 365-371.

- Martínez González, J.C.M.; García, F.J.; Parra, G.M.; Castillo, F.J. and Cienfuegos, E.G. 2010. Genetic parameters for growth traits in Mexican Nelore cattle. *Trop Anim Health Prod*, 42: 887-892.
- Medina Zaldívar, J.M.; Osorio, M.M. y Segura, J.C. 2005. Influencias ambientales y parámetros genéticos de crecimiento en ganado Nelore en México. *Revista Científica FCV-Luz*, 3:325-241.
- Morillo, D.E. 1994. Efectos de la época seca sobre la producción forrajera y bovina. *Rev. Fac Agron*, 15: 2-7.
- Mrode, R.A. 2014. *Linear models for the prediction of animal breeding values*. (Ed.) Cabi. United Kingdom. 360 pp.
- Nardone, A., Ronchi, B.; Lacetera, N and Bernabucci, U. 2006. Climatic effects on productive traits in livestock. *Veterinary Research Communications*, 30: 75-81.
- Nienaber, J.A. and Hahn, G.I. 2007. Livestock production system management responses to thermal challenges. *Int J Biometeorol*, 52: 149-157.
- Oliveira Junior, G.A.; Pereira, J.; Ramírez-Díaz, J.; Sterman, J.B. and Santana, M.L. 2014. Inclusion of weaning management group as a random effect in the genetic evaluation of postweaning traits in Nelore. *Trop Anim. Health Prod*, 46:1031-1036.
- Parra Bracamonte, G.M.; Martínez, J.C.; García, F.J.; González, A.M.; Briones, F. y Cienfuegos, E.G. 2007. Tendencias genéticas y fenotípicas de características en el ganado Brahaman de registro de México. *Rev Cient*, 17: 262-267.
- Pascoa, L., A.; Elzo, A., Ferreira, D.L., Bezerra, L.A. and Barbosa, R. 2013. Effect of several structures of (co) variances and genetic parameters for weaning weight in Nelore cattle. *Ciênc Anim Bras*, 14: 151-158.
- Ramírez Valverde, R.; Nuñez R.; Ruíz, A.; García, G. y Magaña, F. 2008. Comparación de definiciones de grupos contemporáneos en la evaluación genética de bovinos suizo europeo. *Téc Pecu Méx*, 46: 359-370.
- R Development Core Team. 2008. *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna Austria. <http://www.R-project.org>.

- Ríos, A.; Velázquez, G.M.; Tsuruta, S.; Bertrand, J.K.; Murillo, V.E.V y Bermúdez, M.M. 2007. Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento de ganado Charolais mexicano. *Téc Pecu Méx*, 45: 121-130.
- Ríos-Utrera, A., Martínez, G.; Vega, V.G. y Montaña, M. 2012. Efectos genéticos para características de crecimiento de bovinos Charolais y Charbray mexicanos estimados con modelos alternativos. *Rev Mex Cienc Pecu*, 3: 275-290.
- Santana M.L., Bigniardi, A.B.; Eler, J.P. and Ferraz, J.B. 2015. Genetic variation of the weaning weight of beef cattle as a function of accumulated heat stress. *J Anim Breed Genet*, 133:1-13
- UNEP. United Nations Environment Programme. 1992. Biodiversity Country Studies: Executive Summary. New York: UNEP
- Wilson, A.J.; Reale, D.; Clements, M.N.; Morrissey, M.M.; Postma, E.; Walling, C.A., Kruuk; L.E. and Nussey, D.H.. 2010. An ecologist's guide to the animal model. *J Anim Ecol*, 79: 13-26.

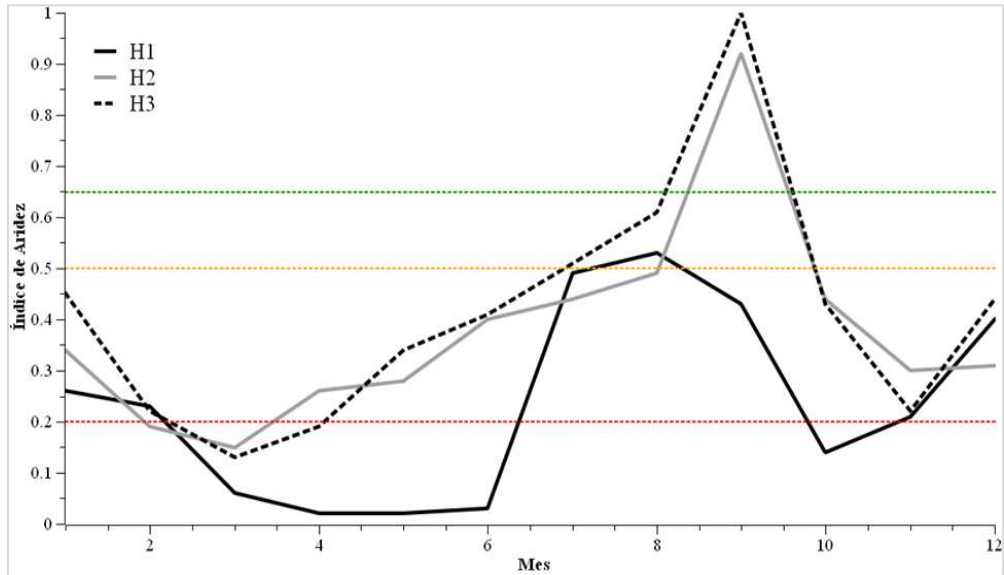


Figura 1. Tendencias anuales de índice de aridez en tres localidades estudiadas. Líneas punteadas (roja, naranja y verde): límite de clasificación de época de acuerdo al Cuadro 1. (H1: Hermosillo, H2: Mamulique, H3: Salinas Victoria, México) (Herrera-Ojeda et al., En prensa)

Cuadro 1. Categorías del índice de aridez (IA) utilizadas para la reclasificación de las épocas climáticas.

Escala de IA	Categorías	Clave
0.00 a 0.20	Áridos	A
0.21 a 0.50	Semiáridos	SA
0.51 a 0.65	Subhúmedos secos	SH
> 0.65	Húmedos	H

Cuadro 2. Estadísticos descriptivos para peso al nacimiento (PN) y peso al destete ajustado a 205 días (PD) de bovinos Charolais de registro (kg).

Característica	n	Media	SD	CV	Máximo	Mínimo
PN	6398	40.51	7.36	18.18	66.00	15.00
PD	5901	228.52	41.76	18.28	396.60	101.50

Cuadro 4. Componentes de la varianza y parámetros genéticos a partir del ajuste de dos modelos para caracteres de peso vivo en ganado Charolais.

Componentes y parámetros	PN		PD	
	MTR	MIA	MTR	MIA
σ_d^2	13.276	15.103	265.989	341.904
σ_m^2	11.864	12.571	234.165	269.442
σ_{dm}	-7.912	-8.810	-67.543	-109.800
σ_e^2	21.219	21.292	595.888	652.066
σ_p^2	38.448	40.156	1028.888	1153.613
-2 Log L	28091.6333	28537.0584	44068.0588	45238.2424
h^2	0.35 ± 0.05	0.38 ± 0.05	0.26 ± 0.04	0.30 ± 0.04
m^2	0.31 ± 0.03	0.31 ± 0.03	0.24 ± 0.03	0.23 ± 0.03
r_{dm}	-0.63 ± 0.05	-0.64 ± 0.05	-0.27 ± 0.10	-0.36 ± 0.09
e^2	0.55 ± 0.03	0.53 ± 0.03	0.58 ± 0.03	0.57 ± 0.03

a,b Literales diferentes entre modelos en cada característica son significativamente diferentes $p < 0.001$. σ_d^2 = Varianza genética directa, σ_m^2 = Varianza genética materna, σ_{dm} = Covarianza genética directa y materna, σ_e^2 = Varianza ambiental, σ_p^2 = Varianza fenotípica, h^2 = heredabilidad directa, m^2 = heredabilidad materna, r_{dm} = correlación directa-materna, e^2 = proporción de varianza ambiental relativa a la varianza fenotípica. Log L = Logaritmo de verosimilitud.

Cuadro 5. Medias y desviaciones típicas de las diferencias esperadas en la progenie y exactitudes en dos modelos evaluados en caracteres de peso vivo de ganado Charolais.

Valor predicho	PN		PD	
	MTR	MIA	MTR	MIA
DEP D	-0.160 ± 1.920	-0.144 ± 2.132	2.151 ± 9.068	2.247 ± 10.302
EX D	0.529 ± 0.168	0.546 ± 0.175	0.519 ± 0.140	0.535 ± 0.154
DEP M	0.408 ± 1.864	0.391 ± 1.935	1.302 ± 7.445	1.197 ± 7.585
EX M	0.535 ± 0.104	0.541 ± 0.102	0.495 ± 0.118	0.492 ± 0.114

MTR: Modelo de época tradicional, MIA: Modelo con la época de acuerdo al IA (Cuadro 1), DEP D: Diferencias esperadas de las progenes directas, EX D: Exactitudes de la DEP D. DEP M: Diferencias esperadas de las progenes maternas, EX M: Exactitud de la DEP M.

Cuadro 6. Coeficientes de correlación de rango de Spearman entre las (DEP's) y sus exactitudes de caracteres de peso vivo de ganado Charolais, estimados con dos modelos que difieren en la clasificación de época de nacimiento.

Característica	Correlación de Spearman	
	DEP	Exactitud
PN D	0.646	0.96
PN M	0.895	0.99
PD D	0.736	0.97
PD M	0.954	0.99

¶MTR: Modelo de época tradicional, MIA: Modelo con la época de acuerdo al IA (Cuadro 1),

Cuadro 7. Clasificación de épocas climáticas en diferentes municipios de México usando el índice de aridez.

<i>Estado</i>	<i>Municipio</i>	<i>1</i>	<i>2</i>	<i>3</i>	<i>4</i>	<i>5</i>	<i>6</i>	<i>7</i>	<i>8</i>	<i>9</i>	<i>10</i>	<i>11</i>	<i>12</i>
Aguascalientes	Aguascalientes	SA	A	A	A	A	SH	H	SH	H	SA	A	A

Aguascalientes	Calvillo	SA	A	A	A	A	SH	H	H	H	SA	A	A
Aguascalientes	Rincón de Romos	SA	A	A	A	A	SA	H	SH	SH	SA	A	A
Aguascalientes	Jesús María	SA	A	A	A	A	SH	H	H	SH	SA	A	A
Baja California	Mexicali	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	SA
Baja California	Ensenada	SH	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A
Baja California	Tijuana	H	SH	SH	A	A	A	A	A	A	A	SH	H
BC Sur	La Paz	SA	A	A	A	A	A	A	SA	SA	A	A	SA
BC Sur	Mulege	A	A	A	A	A	A	A	A	SA	A	A	A
Campeche	Campeche	SA	A	A	A	SA	H	H	H	H	H	SH	SA
Campeche	Escárcega	SH	SA	A	A	SH	H	H	H	H	H	H	SH
Campeche	Calkiní	SA	SA	A	SA	SA	H	H	H	H	H	H	SH
Campeche	Champotón	SA	SA	A	A	SA	H	H	H	H	H	H	SH
Chiapas	Tapachula	SH	SH	A	SH	H	H	H	H	H	H	H	A
Chiapas	Tuxtla Gutiérrez	A	A	A	A	SA	H	H	H	H	H	A	A
Chiapas	Palenque	H	H	SA	SA	H	H	H	H	H	H	H	H
Chiapas	Comitán	A	A	A	SA	H	H	H	H	H	H	SA	A
Chihuahua	Buenaventura	A	A	A	A	A	SA	H	H	H	SA	A	A
Chihuahua	Delicias	A	A	A	A	A	A	SA	SA	SA	A	A	A
Chihuahua	Ahumada	A	A	A	A	A	A	SA	SA	SA	SA	A	SA
Chihuahua	Cuauhtémoc	A	A	A	SA	A	SA	H	H	H	SA	A	A
Coahuila	Torreón	A	A	A	A	A	A	SA	SA	SA	A	A	A
Coahuila	Sabinas	A	A	A	SA	SA	SA	A	SA	SH	SH	SA	SA
Coahuila	Matamoros	A	A	A	A	A	A	A	SA	A	A	A	A
Coahuila	Saltillo	SA	A	A	A	A	SA	SA	SA	SH	SA	A	A
Colima	Cuauhtémoc	SA	A	A	A	A	H	H	H	H	H	SA	A
Colima	Tecomán	SA	A	A	A	A	H	H	H	H	H	SA	A
Durango	Mezquite	SA	A	A	A	A	SA	H	H	SH	SH	A	SA
Durango	Gómez Palacio	A	A	A	A	A	SA	A	SA	SA	A	A	A
Durango	Tamazula	SA	A	A	A	A	SA	H	H	H	SH	SA	SH
Durango	Tlahualilo	A	A	A	A	A	SA	SA	SA	SA	A	A	A

Durango	Cuencamé	A	A	A	A	A	SA	SA	SH	SH	SA	A	A
Edo. de México	Temascaltepec	A	A	A	A	SA	H	H	H	H	H	SA	A
Edo. de México	Toluca	A	A	A	SA	SH	H	H	H	H	SH	A	A
Guanajuato	Celaya	A	A	A	A	A	H	H	H	H	SA	A	A
Guanajuato	León	A	A	A	A	A	H	H	H	H	SA	A	A
Guanajuato	SL de La Paz	A	A	A	A	SA	SH	SH	SA	H	SA	A	A
Guanajuato	Abasolo	A	A	A	A	A	H	H	H	H	SA	A	A
Guerrero	Chilpancingo	A	A	A	A	SA	H	H	H	H	H	A	A
Guerrero	Cuajinicuilapa	A	A	A	A	SA	H	H	H	H	H	A	A
Guerrero	Iguala	A	A	A	A	SA	H	H	H	H	H	A	A
Hidalgo	Huejutla	H	SH	SA	SA	SH	H	H	H	H	H	H	H
Hidalgo	Zacualtipán	SH	SA	SA	SA	SA	H	H	H	H	H	H	SH
Hidalgo	Pachuca	A	A	A	A	SA	SH	SH	SA	SH	SA	A	A
Hidalgo	Actopan	A	A	A	A	SA	SA	SA	SA	SH	SA	A	A
Jalisco	Tonalá	A	A	A	A	H	H	H	H	H	SA	A	A
Jalisco	Arandas	A	A	A	A	SA	H	H	H	H	SA	SA	A
Jalisco	Lagos de Moreno	A	A	A	A	A	H	H	H	H	SA	A	SA
Jalisco	Ameca	SA	A	A	A	A	H	H	H	H	SA	A	A
Jalisco	Tepatitlán	A	A	A	A	SA	H	H	H	H	SA	A	A
Jalisco	Cd. Guzmán	SA	A	A	A	A	H	H	H	H	SA	A	A
Michoacán	Arteaga	SA	A	A	A	A	H	H	H	H	H	SA	A
Michoacán	Apatzingán	A	A	A	A	A	H	H	H	H	SH	A	A
Michoacán	La Huacana	A	A	A	A	A	H	H	H	H	H	A	A
Michoacán	Sahuayo	SA	A	A	A	A	H	H	H	H	SA	A	A
Morelos	Cuautla	A	A	A	A	SA	H	H	H	H	SH	A	A
Morelos	Tepalcingo	A	A	A	A	SA	H	H	H	H	SH	A	A
Nayarit	Santiago Ixcuintla	SA	A	A	A	A	H	H	H	H	H	SA	SA
Nayarit	La Yesca	A	A	A	A	A	H	H	H	H	SA	A	A
Nayarit	Compostela	A	A	A	A	A	H	H	H	H	SH	A	SA
Nayarit	Tepic	SA	SA	A	A	A	H	H	H	H	H	SA	SH

Nuevo León	Galeana	A	A	A	A	SA	SA	SA	SA	H	SA	A	A
Nuevo León	Villaldama	SA	A	A	A	SA	SA	SA	SA	SA	SA	SA	SA
Nuevo León	Monterrey	SA	SA	SA	SA	SH	SH	SA	SH	H	H	SA	SA
Nuevo León	Apodaca	SA	SA	A	SA	SA	SA	SA	SA	H	SH	SA	SA
Oaxaca	Tuxtepec	H	SA	SA	SA	SH	H	H	H	H	H	H	SH
Oaxaca	S Pedro Mixtepec	A	A	A	A	SA	H	H	H	H	SH	A	A
Oaxaca	Pinotepa Nacional	A	A	A	A	A	H	H	H	H	H	A	A
Oaxaca	Juchitán	A	A	A	A	SA	H	H	H	H	H	SA	A
Puebla	Tehuacán	A	A	A	A	SA	H	SH	SH	H	SA	A	A
Puebla	Tlacotepec	A	A	A	SA	SH	H	SA	SA	H	SA	A	A
Puebla	Tecamachalco	A	A	A	SA	SH	H	SH	SH	H	SA	A	A
Q. Roo	Chetumal	H	SA	SA	SA	H	H	H	H	H	H	H	H
Q. Roo	Felipe Carrillo P.	H	SH	SA	SA	H	H	H	H	H	H	H	H
Q. Roo	Bacalar	SH	SH	SA	SA	SA	H	H	H	H	H	H	H
Querétaro	San Juan del Río	A	A	A	A	SA	H	H	H	H	SH	A	A
Querétaro	Ezequiel Montes	A	A	A	A	SH	SA	H	SA	SA	SA	A	A
Querétaro	Querétaro	A	SA	A	A	SA	SH	H	SH	H	SA	A	A
Sinaloa	Guasave	SA	A	A	A	A	A	SH	H	H	SA	SA	SA
Sinaloa	Culiacán	SA	A	A	A	A	A	H	H	H	SA	SA	SA
Sinaloa	Mocorito	SA	A	A	A	A	A	H	H	H	SA	SA	SA
Sinaloa	Mazatlán	A	A	A	A	A	SA	H	H	H	A	A	A
San Luis Potosí	San Luis Potosí	A	A	A	A	SA	SA	SH	SA	SH	SA	A	A
San Luis Potosí	Villa de Arriaga	A	A	A	A	SA	SA	SH	SA	SH	SA	A	A
San Luis Potosí	Matehuala	SA	A	A	SA	SA	SH	SH	SH	H	SA	A	SA
San Luis Potosí	Ciudad del Maíz	A	A	A	A	SA	SA	H	SH	H	SH	SA	SA
Sonora	Agua Prieta	SA	SA	A	A	A	A	SH	SH	SA	SA	SA	SH
Sonora	Ures	SA	SA	A	A	A	A	SH	SH	SH	A	A	SH
Sonora	Rosario	A	A	A	A	A	SA	H	H	H	A	A	A
Sonora	Álamos	SA	SA	A	A	A	A	H	H	H	SA	SA	SA
Sonora	Navojoa	SA	A	A	A	A	A	SH	H	H	SA	A	SA

Tabasco	Villahermosa	H	H	SA	SA	SH	H	H	H	H	H	H	H
Tabasco	Balancán	H	SH	SA	SA	H	H	H	H	H	H	H	H
Tabasco	Jonuta	H	H	SA	SA	SH	H	H	H	H	H	H	H
Tabasco	Jalpa de Méndez	H	H	SA	SA	SA	H	H	H	H	H	H	H
Tamaulipas	Aldama	SA	A	A	A	SA	H	H	H	H	H	SA	SA
Tamaulipas	Tampico	SA	SH	A	A	SA	H	H	H	H	H	A	SA
Tamaulipas	Victoria	SA	SA	A	SA	SH	H	SA	H	H	H	SA	A
Tamaulipas	Nuevo Laredo	SA	SA	A	SA	SA	SA	A	SA	SH	H	SA	SA
Veracruz	Acayucan	SH	SA	A	A	SA	H	H	H	H	H	H	H
Veracruz	Veracruz	SA	SA	H	A	SA	H	H	H	H	SH	H	SA
Veracruz	Minatitlan	H	H	SA	SA	H	H	H	H	H	H	H	H
Veracruz	Ozuluama	H	SA	A	SA	SA	H	H	H	H	H	H	H
Yucatán	Mérida	SH	SA	SA	SA	SH	H	H	H	H	H	H	SH
Yucatán	Tizimín	SH	SA	SA	SA	H	H	H	H	H	H	SH	H
Yucatán	Bucztotz	SH	SA	SA	A	SH	H	H	H	H	H	SH	SH
Yucatán	Oxkutzcab	SA	SA	SA	SA	SH	H	H	H	H	H	SH	H

1-12: Meses del año, A= Árido, SA= Semiárido, SH=Subhúmedo y H= Húmedo

**Capítulo III. Artículo listo para someterse a revisión en la revista Journal of Applied
Animal Research.**

Bivariate analysis for the improvement of genetic evaluations with incomplete records in Charolais cattle.

“Bivariate analysis for the improvement of genetic evaluations with incomplete records in Charolais cattle”.

Herrera-Ojeda Jessica Beatriz¹, Lopez-Villalobos N.^{2,3}, Magaña-Monforte J.G.⁴, Martínez-González J.C.⁵, Herrera-Camacho J.¹, Parra-Bracamonte G.M.^{6*}

¹ Instituto de Investigaciones Agropecuarias y Forestales, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. Morelia, Michoacán, México. 58030.

² Animal and Biomedical Sciences, Massey University. Palmerston North, New Zealand.

³ Centro Universitario UAEM Temascaltepec, Universidad Autónoma del Estado de México. Carretera Toluca- Tejupilco km. 67.5, Barrio de Santiago. Temascaltepec, Estado de México, México. 51300.

⁴ Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Campus de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad Autónoma de Yucatán. Mérida, Yucatán, México. 97100.

⁵ Universidad Autónoma de Tamaulipas, Facultad de Ingeniería y Ciencias. Centro Universitario Adolfo López Mateos. Ciudad Victoria, Tamaulipas, México. 87149.

⁶ Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional. Reynosa, Tamaulipas, México. 88710.

Corresponding author: gparra@ipn.mx. Centro de Biotecnología Genómica–Instituto Politécnico Nacional. Boulevard del Maestro SN. Esq. Elías Piña, Col. Narciso Mendoza. Reynosa, Tamaulipas, México. C.P. 88710.

Abstract

One of the most common issues in genetic evaluations of beef production system is the selection and trade (or culling) of young animals, producing incomplete records influence the data collected. To estimate the degree of change when there are incomplete records, accuracies, expected progeny differences (EPD) and standard errors of prediction (SEP) were compared amongst univariate and bivariate models for birth (BW), weaning (WW) and yearling (YW) weights. With exception to BW, bivariate for WW and YW improve estimates of accuracies and SEP. Joint analysis of BW and WW increased 38% the accuracies and reduced SEP estimators ($p < 0.001$). YW and WW bivariate analysis let to the significantly improvement of accuracies in all traits, and to a substantial reduction of SEP for YW ($p < 0.001$). The results support the use of bivariate genetic analysis when incomplete dataset for older live-weight traits are only available.

Introduction

Genetic improvement of beef cattle often includes several traits of economic importance that are, but not necessarily, phenotypically and genetically related among them (Kinghorn et al. 2015). The live weight traits (i.e. birth, weaning and yearling weights) as indicators for growth performance are commonly the most important traits considered in the breeding objectives for beef cattle (Phocas & Lalöe 2004; Brumatti *et al.* 2011).

A multiple trait animal evaluation is the methodology to evaluate animals for several traits using the phenotypic and genetic correlations between the traits and the genetic relationship between the animals included in pedigree file. This methodology improves the accuracy of the genetic evaluation and consequently the selection response (Schaeffer 1999, Mrode 2014). This type of analysis also could help with the particular characteristics of Mexican beef cattle systems, since data structure could present a challenge for the analysis and interpretation of results (Parra-Bracamonte et al. 2016).

One of the most common issues in local registered beef production system is the selection and trade (or culling) of young animals, hence incomplete records are processed in genetic evaluations. This has been suggested as one of selection forces that influence the data collected from commercial livestock that in consequence may change the null expectation

of the Mendelian sampling effects which is a basic assumption for the properties of individual animal models (Schaeffer et al. 1998). This selection (culling) bias can be addressed in part, by multivariate genetic models that may account for selection (Meyer 1991; Mrode 2014).

In Mexico, most of the breeding programs for beef cattle are using BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) methodology for the genetic evaluations of the animals using a single trait animal model. Expected progeny differences (EPD) for live weight traits are published in sire catalogues and summaries published and used for the selection of sires.

Charolais cattle are one of the most popular and widespread breeds of cattle in the world (FAO, 2007); in Mexico was one of the first breeds subjected to genetic evaluations for traits, such as live weight, scrotal circumference and ultrasound carcass traits by the Charolais Herd Book of Mexico (Parra-Bracamonte et al., 2016).

The objective of the present paper was to estimate (co)variance components and genetic parameters of live weight traits and examine the effect and selection bias when using bivariate analysis in registered Charolais beef cattle.

Material and methods

Data from registered Charolais cattle animals were analysed. Data corresponded to animals born from 1967 to 2016 in three herds located in Nuevo León and Sonora, Mexico, under extensive management. Live weight traits considered in this study were birth weight (BW, kg), weaning weight adjusted to 205 d (WW, kg), and yearling weight (YW). Three bivariate animal models were fitted by using the MTDFREML program (Boldman et al. 1995). The models included the fixed effects of contemporary group effect (herd-sex-year-season) and linear and quadratic effect of age of dam, and the random effect of animal. Seasons of birth were grouped accordingly to the method proposed by Herrera-Ojeda et al. (2017) considering a classification criteria defining four seasons as arid, semi-arid, sub-humid and humid. In matrix notation the models were: $\mathbf{y}_i = \mathbf{X}_i \mathbf{b}_i + \mathbf{Z}_i \mathbf{a}_i + \mathbf{e}_i$, for $i = 2$, $\mathbf{y}_1 = \text{BW}$ and $\mathbf{y}_2 = \text{YW}$; and, $\mathbf{y}_3 = \mathbf{X}_2 \mathbf{b}_2 + \mathbf{Z}_2 \mathbf{a}_2 + \mathbf{W}_m + \mathbf{e}_1$, for $\mathbf{y}_2 = \text{WW}$.

The assumption for $\mathbf{y}_1 = \text{BW}$ and $\mathbf{y}_3 = \text{YW}$ were,

$$E[\mathbf{y}] = \mathbf{X}\mathbf{b}, E[\mathbf{a}] = 0, E[\mathbf{e}] = 0, \mathbf{y}$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I_V\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

And for $\mathbf{y}_2 = \text{WW}$ model were,

$$\text{E}[\mathbf{y}] = \mathbf{X}\mathbf{b}, \text{E}[\mathbf{a}] = 0, \text{E}[\mathbf{m}] = 0, \text{E}[\mathbf{e}] = 0, \mathbf{y}$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_V\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Where: \mathbf{A} = numerator relationship matrix; \mathbf{N} = number of observations; \mathbf{V} = number of animal, \mathbf{e} \mathbf{I} = identity matrix of proper order.

In general, the bivariate models were for BW, WW; and YW, WW:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0 \\ m_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

And for BW, YW:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Where \mathbf{y}_i = vector of observations for the i^{th} trait as described before, \mathbf{b}_i = vector of fixed effects for the i^{th} trait, \mathbf{a}_i = vector of random animal effects, \mathbf{m}_2 = vector of random maternal (indirect) genetic effects, \mathbf{e}_i = vector of random residual effects, and \mathbf{X}_i , \mathbf{Z}_i , and \mathbf{W}_i are incidence matrices relating records of the i^{th} trait to fixed, animal and maternal genetic effects, respectively.

It was then assumed that,

$$\text{var} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ m_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & g_{12}A & g_{13}A & 0 & 0 \\ g_{21}A & g_{22}A & g_{23}A & 0 & 0 \\ g_{31}A & g_{32}A & g_{33}A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & r_{11} & r_{12} \\ 0 & 0 & 0 & r_{21} & r_{22} \end{bmatrix}$$

Convergence criterion used was $\epsilon = 1 \times 10^{-14}$, and three restarts for the program were considered until no changes in Log likelihood were observed. Computed (co)variance

components were additive genetic variance direct (σ_d^2) for BW (BWd), WW (WWd) and YW (YWd), additive genetic variance maternal (σ_m^2) for WW (WWm), residual environmental variance (σ_e^2), phenotypic variance (σ_p^2), and genetic covariances between all genetic traits. Genetic parameter estimated were direct heritabilities (h_d^2) for BW, WW, and YW, and maternal heritability (h_m^2) for WW.

To estimate the degree of selection bias, accuracies, expected progeny differences (EPD) and standard errors of prediction (SEP) were compared amongst univariate and bivariate models. A 10% of highest ranked animals by EPD predicted by univariate analysis were considered in this examination. This analysis was performed by TTEST procedure using SAS software v.9.0 (SAS Statistical Analysis System, Cary, NC, USA).

Results and discussion

Descriptive statistics of traits analyzed in this study are presented in Table 1. In general all means were similar to those reported previously by Ríos et al. (2007), but YW was higher than the value reported by Ríos-Utrera et al. (2012) in another Charolais population.

[Table 1]

[Table 2]

The estimates of (co)variance components are presented in Table 3 and heritabilities are reported in Table 4. BW direct heritability was slightly higher to the reports from Mexican Charolais cattle (Ríos et al. 2007), but similar to some reports in Germany (Grotheer et al. 1997) and French Charolais populations (Phocas & Laloë 2004). For WW direct heritability, these results are similar to estimators reported by Ríos-Utrera et al. (2012) for registered Charolais cattle from Mexico. Conversely, Phocas & Laloë (2004) reported higher estimators in a French Charolais population. Heritability for maternal WW was slightly lower than heritability for direct WW. Donoghe & Bertrand (2004), reported similar range estimates for maternal heritabilities (0.12 to 0.18) in different Australian, Canadian American and New Zealand Charolais populations.

[Table 3]

The genetic covariance and genetic correlation between direct and maternal WW were negative (Tables 3 and 4). Ríos et al. (2007), Ríos-Utrera et al. (2012) reported a higher level of negative correlation (i.e. -0.72) for Charolais registered cattle from Mexico. Consistently, this trend has been observed in different beef cattle populations (Koots et al. 1994, Palacios-Espinosa et al. 2010). This known negative genetic correlation is attributed to different causes, such as genetic antagonism, missed effects in the model of estimation, sire by year interaction and data structure principally (Meyer 1992, Quintero et al. 2007, David et al. 2015). Some implications of this negative genetic correlations has been related to slow genetic progress for WW (Van Vleck et al. 1977; El-Saied et al. 2006; Vergara et al. 2014). Parra-Bracamonte et al. (2016) recently discussed the observed negative genetic response in maternal WW in registered Charolais cattle herds in Mexico, indicating that this trend is perhaps directly related to the current criterion of selection focused exclusively in direct genetic effects during the sire selection process.

The estimate of heritability for YW was similar to the value reported by Ríos-Utrera et al. (2012) using a different genetic model. Even though this trait is the most important trait used as selection criterion for young sires in Mexico, no other reports of heritability for trait in Charolais cattle were found in the literature.

[Table 4]

Genetic covariance and correlations estimated by bivariate analysis are presented in Table 4. BW showed moderate to high genetic correlations among different live weight traits evaluated (Table 4). The genetic correlation between this trait and WWd was lower to that reported by Phocas & Lalöe (2004) in a French Charolais population (0.39) and higher than reported by El-Saied et al. (2006) in Spanish Charolais cattle (-0.11). For WWm, moderate and genetic correlation showed a positive relation with BW (0.43), opposed to the genetic correlation reported by Phocas & Lalöe (2004) with a negative correlation estimation (-0.27). The higher genetic correlation with BW was observed to YW (Table 4). Similarly,

YW showed the highest genetic correlations with WWd and WWm (0.66 and 0.71, respectively) suggesting a positive and strong relation among YW and these traits.

The undesirable high BW negatively related to calving ease (Mujibi & Crews 2009) can explain the observed correlation of BW since this trait is undesirable for most Charolais breeders. However, the limited use of genetic strategies on most of the breeding herds has guided differential responses for this trait (Parra-Bracamonte et al. 2016).

In the other hand, the highest genetic correlations between WW genetic traits and YW could also be a reflection on the higher valued post-weaning weights. A consequence of this practice may be the considerable reduction on information available in the dataset for genetic evaluations. As documented by Ramírez-Valverde et al. (2007), this is a persistent issue of beef cattle production systems, where, sequential elimination of animals and selective reports of information for some traits is a frequent practice. As observed here, analyzed dataset experienced a reduction of almost 50% of data from BW to YW, from selling young sires and heifers perhaps, hence conducting to a very likely culling (selection) bias (Mrode 2014). This is actually a relevant implication in young sire trade, since weaning to yearling, with the inevitable loss of unregistered data.

[Table 5 near here]

The table 5, presents EPD, SEP and accuracies estimated from ten percent high ranked animals by univariate and bivariate genetic models. With exception to BW, bivariate for WW and YW improve estimates of accuracies and SEP. Joint analysis of BW and WW increased 38% the accuracies and reduced SEP estimators ($p < 0.001$). Interestingly, YW and WW bivariate analysis led to the significant improvement of accuracies in all traits, and to a substantial reduction of SEP for YW ($p < 0.001$). Theoretically this increase in accuracy with multivariate analysis has been explained by the better connections in the data due to residual covariance between traits (Thompson & Meyer 1986, Mrode 2014).

Some implications derived of the present analysis are, that all traits showed moderate to high heritability, suggesting a very likely positive and favorable selection response; however, since not BW increasing is projected and higher post-weaning gains are desired,

predictions on WW and YW traits are quite necessary. Some evidences showed that opposite selection on positively related traits is possible (Bennett 2008, Bennett et al. 2008, Parra-Bracamonte et al. 2016). A problem derived relies on the fact that WW and YW are the main criterion for selection of young breeding stock, but these traits are subjected to incomplete records during the estimation of genetic predictions. Therefore the use of bivariate genetic analysis might help to overcome possible information loses for those animals whose pedigrees by uncomplete recording could have been compromised.

References

- Bennett GL. 2008. Experimental selection for calving ease and postnatal growth in seven cattle populations. I. Changes in estimated breeding values. *Journal of Animal Science* 86:2093-2102. doi: 10.2527/jas.2007-0767
- Bennett GL, Thallman RM, Snelling WM, Kuehn LA. 2008. Experimental selection for calving ease and postnatal growth in seven cattle populations. II. Phenotypic difference. *Journal of Animal Science* 86:2103-2114. doi: 10.2527/jas.2007-0768
- Boldman KG, Kriese LA, Van Vleck LD, Van Tassell CP, Kachman SD. 1995 A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, USA.
- Brumatti RC, Ferraz JBS, Eler JP, Formigoni IB. 2011. Development of selection index in beef cattle under the focus of a bio-economic model. *Archivos de Zootecnia* 60:205-213.
- David I, Bouvier F, Banville M, Canario L, Flatres-Grall L, Balmisse E, Garreau H. 2015. The direct-maternal genetic correlation has little impact on genetic evaluations. *Journal of Animal Science* 93:5639-5647. doi: 10.2527/jas.2015-9548
- Donoghue KA, Bertrand JK. 2004. Investigation of genotype by country interactions for growth traits for Charolais populations in Australia, Canada, New Zealand and USA. *Livestock Production Science* 85: 129-37.
- El-Saied UM, de la Fuente LF, Rodríguez R, San Primitivo. 2006. Genetic parameter estimates for birth and weaning weight, pre-weaning daily weight gain and three type traits for Charolais beef cattle in Spain. *Spanish Journal of Agriculture Research* 4:146-155. doi: 10.5424/sjar/2006042-186
- FAO. 2007. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, (edited by Barbara Rischkowsky & Dafydd Pilling. Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Food and Agriculture Organization of the United Nations Rome).
- Grotheer VV, Röhe R, Kalm E. 1997. Entwicklung einer zuchtwertschätzung für fleischrinder in Deutschland. 2. Mitteilung: Schätzung genetischer parameter. *Züchtungskunde*. 69:349-365.

- Herrera-Ojeda JB, Parra-Bracamonte GM, Herrera-Camacho J, López-Villalobos N, Magaña-Monforte JG, Martínez-González JC, Vázquez-Armijo JF. 2017. Información climática asociada a estaciones productivas para el ajuste de modelos estadísticos. *Archivos de Zootecnia* (In print).
- Kinghorn BP, Simm G, Fries R, Ruvinsky A. 2015. Genetic Improvement of Beef Cattle. In. DJ Garrick, A Ruvinsky (Eds.): *The Genetics of Cattle*, 2nd. Edition. CAB International. Oxfordshire, UK. p. 623.
- Koots KR, Gibson JP, Wilton JW. 1994. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 1. Phenotypic and genetic correlations. *Animal Breeding Abstracts* 62:825-853.
- Meyer K. 1991. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. *Genetics Selection Evolution* 23: 67-83.
- Meyer K. 1992. Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Livestock Production Science* 31:179-204. [https://doi.org/10.1016/0301-6226\(92\)90017-X](https://doi.org/10.1016/0301-6226(92)90017-X)
- Mrode RA. 2014. *Linear models for the prediction of animal breeding values*. 3rd Edition. CAB International. Oxfordshire, UK. 344 p.
- Mujibi FDN, Crews DH. 2009. Genetic parameters for calving ease, gestation length, and birth weight in Charolais cattle. *Journal of Animal Science* 87:2759-2766. doi:10.2527/jas.2008-1141
- Palacios-Espinosa A, Espinoza-Villavicencio JL, Guerra-Iglesias D, González-Peña D, Luna-de la Peña R. 2010. Efectos genéticos directos y maternos del peso al destete en una población de ganado Cebú de Cuba. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias* 1:1-11.
- Parra-Bracamonte GM, Lopez-Villalobos N, Morris ST, Sifuentes-Rincón AM, Lopez-Bustamante LA. 2016. Genetic trends for live weight traits reflect breeding strategies in registered Charolais farms in Mexico. *Tropical Animal Health and Production* 48:1729-1738. doi: 10.1007/s11250-016-1150-2
- Phocas F, Lalöe D. 2004. Genetic parameters for birth and weaning traits in French specialized beef cattle breeds. *Livestock Production Science* 89:121-128. <http://dx.doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.02.007>

- Quintero JC, Triana JG, Quijano JH, Arboleda E. 2007. Influencia de la inclusión del efecto materno en la estimación de parámetros genéticos del peso al destete en un hato de ganado de carne. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias* 20:117-123.
- Ramírez-Valverde R, Hernández-Álvarez C, Núñez-Domínguez R, Ruíz-Flores A, García-Muñoz JG. 2007. Análisis univariados vs multivariado en la evaluación genética de variables de crecimiento en dos razas bovinas. *Agrociencia*. 41:271-282.
- Ríos A, Martínez G, Tsuruta S, Bertrand JK, Vega V, Montaña M. 2007. Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento de ganado Charolais mexicano. *Técnica Pecuaria en México* 45:121-130.
- Ríos-Utrera A, Martínez G, Vega VE, Montaña M. 2012. Efectos genéticos para características de crecimiento de bovinos Charolais y Charbray mexicanos estimados con modelos alternativos. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*. 3:275-290.
- Schaeffer LR. 1999. Multiple traits animal models. Available in:
<http://www.aps.uoguelph.ca/~lrs/Animalz/lesson15/>.
- Schaeffer LR, Schenkel FS, Fries LA. 1998. Selection bias on animal model evaluation. In. *Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. pp. 11-16.
- Thompson R, Meyer K. 1986. A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multi-trait selection. *Livestock Production Science* 15:299-313.
- Van Vleck L, St. Louis L, Miller J. 1977. Expected phenotypic response in weaning weight of beef calves from selection for direct and maternal genetic effects. *Journal of Animal Science* 44:360-367. doi:10.2527/jas1977.443360x
- Vergara O, Martínez N, Almanza R, Patiño R, Calderon A. 2014. Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento predestete en una población bovina multirracial en Colombia. *Revista de la Facultad de Ciencias Veterinarias* 55:68-77.

Tables

Table 1. Descriptive statistics of live weight traits used for bivariate analysis.

<i>Trait</i>	N	Mean	SD	Min	Max
<i>Birth weight (kg)</i>	4186	40.54	7.46	20	80
<i>Weaning weight (kg)</i>	3866	228.40	43.92	99	429
<i>Yearling weight (kg)</i>	2016	375.31	72.74	166	681

Table 2. Population structure of Charolais population used in this study.

<i>Trait</i>	Pedigree	Contemporary groups	Sires	Dams
<i>Birth weight</i>	5629	224	98	1665
<i>Weaning weight</i>	5629	213	142	1591
<i>Yearling weight</i>	5629	131	98	1580

Table 3. Variance components for live weight traits in Charolais cattle.

<i>Trait</i>	σ_d^2	σ_m^2	σ_e^2	σ_p^2
<i>Birth weight</i>	12.6		27.41	40.08
<i>Weaning weight</i>	266.56	219.96	813.52	1234.43
<i>Yearling weight</i>	972.19		1917.42	2889.42

σ_d^2 : additive genetic variance, σ_m^2 : maternal genetic variance σ_e^2 : residual environmental variance σ_p^2 : phenotypic variance

Table 4. Phenotypic and genetic correlation and heritability of live weight traits of Charolais cattle.

Traits	BW	WWd	WWm	YW
BW	0.32	0.26	-	0.27
WWd	0.22	0.22	-	0.67
WWm	0.43	-0.27	0.18	-

YW	0.57	0.66	0.71	0.34
----	------	------	------	------

BW: birth weight direct. WWd: weaning weight direct. YW: Yearling weight direct.
 WWm: weaning weight maternal. Above diagonal: Phenotypic correlation. Below diagonal:
 Genetic correlations.

Table 5. Expected progeny differences, standard error of prediction and accuracy averages from univariate (diagonal) and bivariate analysis of live weight traits of Charolais cattle.

Traits	BW	WWd	WWm	YW
BW	-7.439±2.09 a	-3.650±1.05 b		-3.644±1.05 b
	2.79±0.18 a	2.76±0.17 b		2.75±0.18 b
	0.62±0.06 a	0.62±0.06 b		0.63±0.06 b
WWd	6.896±7.45 c	12.709±5.30 a		7.731±8.616 b
	14.28±0.83 c	22.26±0.71 a		14.52±0.88 b
	0.47±0.07 b	0.34±0.07 c		0.52±0.07 a
WWm	5.464±6.08 c		13.447±5.52 a	12.228±18.048 b
	12.93±0.97 c		22.23±1.14 b	24.41±2.64 a
	0.47±0.11 b		0.34±0.11 c	0.60±0.11 a
YW	22.927±12.73 b	8.495±6.03 c		24.424±8.98 a
	22.73±1.31 b	10.57±0.73 c		23.99±1.52 a
	0.57±0.06 a	0.52±0.09 b		0.49±0.10 c

BW: birth weight direct. WWd: weaning weight direct. YW: Yearling weight direct.
 WWm: weaning weight maternal.

Capítulo IV.

“Construcción de un índice de selección para tres características de peso vivo en ganado charolais de registro”

CONSTRUCCIÓN DE UN ÍNDICE DE SELECCIÓN PARA TRES CARACTERÍSTICAS DE PESO VIVO EN GANADO CHAROLAIS DE REGISTRO.

Herrera-Ojeda, J.B.; Parra-Bracamonte, G.M., Herrera-Camacho, J.

RESUMEN

El objetivo de este trabajo fue estimar un índice de selección para peso al nacer (PN), peso al destete (PD) y peso al año (PA), en ganado Charolais de registro. Para el cálculo de este índice fue necesario estimar los componentes de las covarianzas fenotípicas y genéticas utilizando el software MTDREML. El índice obtenido fue de: I:X: 0.076, con lo que se obtuvo una máxima correlación entre el genotipo y los valores económicos. Este índice de selección puede convertirse en una herramienta para el mejoramiento genético de esta población para hacer el proceso de selección más eficiente y lograr un mayor progreso genético en un menor tiempo. Se recomienda el uso de los animales que obtuvieron mejor índice en la evaluación.

INTRODUCCIÓN

Los programas de mejoramiento genético se enfocan en seleccionar a los mejores animales, para ayudar a favorecer positivamente el comportamiento productivo de las poblaciones ganaderas y aumentar las ganancias para los productores (Vergara, Martínez y Almanza, 2014). Actualmente en México la herramienta de selección tradicional disponible para identificar a los mejores progenitores es la predicción de las (DEP's) (DEP), obtenidas en una evaluación genética utilizando un modelo animal para los indicadores de peso vivo que se registran comúnmente (peso al nacimiento, PN; peso al destete, PD o peso al año, PA). Estos indicadores conforman el eje central del mejoramiento genético en la ganadería para producción de carne, esto se debe principalmente a que estos indicadores son los que representan la eficiencia en un sistema, siendo los kilogramos de carne producida lo que generalmente es pagado a nivel nacional e internacional. Por consiguiente son los principales indicadores que se registran en una unidad de producción (Utrera, 2008). La raza Charolais conforma una de las razas más populares y extendidas alrededor del mundo (FAO, 2007). En la raza Charolais las evaluaciones genéticas para caracterizar caracteres de crecimiento por parte de la Asociación Charolais Charbray Herd book de México comienza a partir del 2001, lo que la posiciona a como una de las asociaciones con mayor avance en el análisis de la información de las características productivas de importancia económica en el ganado, ofreciendo sumarios de sementales como un órgano de consulta para el análisis y selección del comportamiento de sus ejemplares(Charolais-Charbray Herdbook de México, 2014; Parra-Bracamonte *et al.*, 2016). Los criadores de ganado de registro utilizan estas predicciones para seleccionar a los padres de la siguiente generación, pero muchas veces no conocen las interacciones genéticas entre dichos indicadores. Por ejemplo el PN se relaciona positivamente con otros indicadores que se registran más tarde en la vida del animal (PD,PA), al igual que se encuentra significativamente correlacionado con la distocia al momento del parto (Parra-Bracamonte *et al.*, 2014). Una forma de solucionar esta situación podría ser analizar la información generada en estos sistemas por medio de la selección de varias características a la vez en un índice de selección (Bourdon, 1998). El uso de la variabilidad genética aditiva de los caracteres de crecimientos y de las

correlaciones genéticas de los mismos, permitiría maximizar la ganancia genética del objetivo de selección (Hazel, 1943; Branco *et al.*, 2014).

Un índice de selección puede definirse como la combinación de factores de peso (valores económicos) e información genética para más de un indicador, resumido en un solo valor. Para cada uno de los candidatos esto refleja las condiciones económicas y el medio ambiente productivo en el cual los animales fueron criados (Campos *et al.*, 2014). Al respecto algunos trabajos han demostrado el beneficio de implementar un índice de selección sobre el mejoramiento genético, Macneil, (2003), reportó una mejora genética exitosa utilizando un índice con dos indicadores que incluyeron peso al nacimiento y peso al año. Enns and Nicoll, (2008) demostraron que desarrollar índices de selección para varios rasgos permitió obtener un cambio genético favorable para Peso al destete (0.430 kg/año), al analizar datos históricos de ganado Angus Australiano.

Para las unidades de producción nacionales que producen animales de la raza Charolais de registro, los objetivos de cría no han sido definidos al implementar las evaluaciones genéticas por lo que los indicadores de crecimiento pasaron a ser los criterios principales de selección a través de sus diferencias esperadas en la prole, a pesar de que aún existen una gran diversidad de indicadores productivos que contribuyen a la rentabilidad de un hato (Chin *et al.*, 2016).

La integración de un índice de selección que incluya las principales características productivas consideradas en las ganaderías productoras permitiría a los productores mejorar más de un indicador al mismo tiempo, lo que podría arrojar una buena respuesta a la selección, en comparación con una selección de las características individualmente. Por lo anterior el objetivo del siguiente trabajo fue construir índices de selección para PN, PD y PA en ganado Charolais de registro

MATERIALES Y MÉTODOS.

Origen de la información

Se utilizó información de ganado Charolais de registro, proveniente de la Asociación Charolais-Charbray Herd book de México. En el análisis se utilizaron los registros de 5629 animales, durante el período de 1967 al 2016, provenientes de 3 hatos ubicados en el norte del país (Nuevo León y Sonora), bajo un sistema semintensivo. Los animales fueron crías

de 98 sementales y 1665 hembras animales. El objetivo de selección se conformó utilizando las características de peso al nacer (PN, n=4186), peso al destete (PD, n=3866) y peso al año (PA, n=2016), usados en las evaluaciones genéticas nacionales de la raza Charolais de registro. Los objetivos de crías fueron construidos a partir de indicadores que tenían información registrada disponible, al igual para poder circunscribir este objetivo se utilizó información generada por Parra-Bracamonte *et al.*, 2016, con sistemas de producción de ganado Charolais de registro donde con el análisis de tendencias genéticas demuestra que en las unidades de producción estudiadas se observan una disminución en el PN, por lo que los productores han adoptado como un criterio de selección animales con menores pesos al nacimiento a través de los años, esto posiblemente debido a la conocida correlación genética negativa entre pesos al nacimiento elevados y problemas al parto (Jarubayen *et al.*, 2014). En el caso de los pesos al destete y al año se consideran como los indicadores más importantes a la hora de vender animales, ya que contribuyen a altos pesos a diferentes edades.

Componentes de covarianza, varianza y parámetros genéticos.

Los componentes de covarianza y varianza utilizados (Tabla 1), se estimaron con modelos divariados obtenidos anteriormente (Herrera-Ojeda *et al.*, 2017). Para PN, PD y PA se incluyeron los efectos fijos de los grupos contemporáneos (año, sexo y hato) y la covariable lineal y cuadrática de la edad de la vaca. Además de los efectos maternos para PD. Se utilizó un modelo animal, con el programa de análisis multivariado MTDFREML (Boldman *et al.*, 1995).

Valor económico relativo

Debido a la falta de datos económicos reales, en este se consideraron valores económicos relativos, estimados por ZENG XI, (2013) En este trabajo desarrollaron índices de selección para diversos indicadores tanto productivos como reproductivos en ganado de la raza Angus, en dos tipos de sistemas de producción de carne (con autorreemplazos o sin ellos). Para obtener los valores económicos realizaron una descripción matemática de los sistemas de producción, donde por medio de la metodología de la “ecuación de beneficio” (Ponzoni y Newman, 1989), lograron traducir los costos y ganancias generados en el sistema en valores económicos. Ya que los valores económicos representan la importancia del valor monetario de los indicadores evaluados (MacNeil y Matjuda, 2007). Con base

en este trabajo los valores económicos relativos que se utilizaron para PN fueron de -0.221, para PD de 0.550 y para PA de 2.

Estimación de los índices de selección.

En este caso se conjuntaron PN, PD y PA y se combinaron en un índice con el cual los animales serían seleccionados, basados en sus DEP's.

Se utilizó un macro en Excell®, donde se calcularon los índices de selección procedimiento descrito por Chin et al., 2016 en el cual estimaron índices de selección en indicadores de crecimiento y reproductivos para ganado de la raza Simmental. Este macro utiliza información de las correlaciones obtenidas en el estudio bivariado (Herrera *et al.*, 2017), para construir las matrices fenotípicas y genéticas (P y G).

El índice determina el mérito económico potencial de un animal como padre (H), también conocido como genotipo agregado, en términos de la función

$$H = v'g$$

Donde g es el vector de los VG para indicadores de importancia económica y v es el vector de valores económicos.

El índice de selección se definió como la suma de los productos de los valores y coeficientes de todos los indicadores:

$$I = b_1 x_1 + b_2 x_2 + \dots + b_n x_n$$

Donde la I representa al índice; b son los valores económicos estimados como $b=P^{-1}Ga$, donde P^{-1} es la inversa de la matriz de varianzas y covarianzas fenotípicas de los indicadores utilizados en el criterio de selección, G es la matriz de covarianzas entre indicadores en el objetivo de selección y en el criterio de selección y a es un vector de constantes que representa los valores económicos de las características; x es la información de las DEPS de las características en el criterio de selección.

En este mismo macro se calculó el progreso genético por generación (ΔG), para cada uno de los indicadores:

$$\Delta G = iI \frac{b'Gj}{\sqrt{b'Pb}}$$

Donde i es la diferencia de selección estandarizada (igual a 1) en el criterio de selección I.

Resultados y Discusión

Los parámetros genéticos y fenotípicos considerados para los objetivos de selección, se encuentran en el Cuadro 2 y 3.

Los coeficientes de los valores relativos económicos, (“b”) propuestos para el índice de selección (ID) se pueden observar en el cuadro 4, resultaron positivos a excepción del peso al nacimiento, ya que se había planteado un menor peso al nacimiento en el objetivo de selección para evitar problemas al parto. Estos valores económicos relativos utilizados para estimar el ID, a pesar de no ser propios de la población de estudio, dan una idea de la ganancia económica esperada para cada indicador. Por lo que es necesario realizar estudios que permitieran derivar los valores económicos para cada uno de los caracteres de importancia económica y biológica que se consideran en el índice.

El promedio del índice para todos los animales fue de I: 0.127, teniendo como valor máximo 0.916 y como valor mínimo -0.433 (Cuadro 5). El promedio para el 10% de los animales mejor clasificados fue de 0.252. Los animales con índices más altos permitiría obtener un progreso genético más rápido dentro de la población de estudio (Cuadro 1). El resultado para el progreso genético por generación para PN fue de -1.34; para PD 3.35 y para PA fue de 12.21 kg., de acuerdo a estos resultados el índice de selección propuesto podría representar una ganancia para PD y PA y se mantendría un PN bajo para evitar problemas al parto.

Cuadro 1. Evaluación de la contribución potencial de 4 animales dentro de la población de estudio.

Número del animal	Evaluación	Clasificación
1299	$-0.038(-1.24^*)+0.055 (-10.61^+)+0.0102(6.06^{\$})=0.058$	3
4502	$-0.038(3.29^*)+0.055 (18.79^+)+0.0102(92.0^{\$})=0.916$	1
2886	$-0.038(0.35^*)+0.055 (-17.22^+)+0.0102(-31.85^{\$})=-0.433$	4
5072	$-0.038(0.92^*)+0.055 (5.70^+)+0.0102(61.04^{\$})=0.618$	2

+DEPS para Peso al destete; * DEPS para peso al nacimiento; \$ DEPS para Peso al año

La construcción de un índice de selección puede mejorar la forma en que se seleccionan los animales ya su principal ventaja es conjuntar varios indicadores en un solo valor que represente el objetivo de crianza a alcanzar, ya que estos valores son específicos de cada población, raza o sistema de estudio (Campos *et al.*, 2014; Chin *et al.*, 2016).

Otro paso clave en el desarrollo de programas de mejoramiento genético, es la definición de objetivos de selección claros los objetivos de cría deberían reflejar aquellos caracteres que el productor quiere mejorar mediante la selección. Por lo cual las decisiones acerca de los indicadores a incluir dentro de los objetivos, debería depender principalmente de su impacto económico sobre el sistema y no solamente en la facilidad de medición u obtención (Pravia *et al.*, 2014; Amer *et al.*, 2015).

A la fecha son pocas las publicaciones que exploran la utilidad de un índice de selección en ganado cárnico mexicano (Chin *et al.*, 2016; Segura *et al.*, 2016), por lo que es importante la generación de información que logre integrar las predicciones genéticas y las tecnologías que utilicen una selección de varios caracteres simultáneamente.

Conclusiones

El rol más importante que tiene la construcción de un índice de selección es simplificar la base con la que se toman las decisiones de selección dentro de un hato. Esto podría proveer a los criadores una forma más sencilla de seleccionar animales que generen un mayor beneficio productivo bajo las diversas características de los sistemas, ya que los indicadores son evaluados de acuerdo a su relevancia económica.

Cuadro 2. Resumen estadístico de los indicadores incluidos en el objetivo de selección.

Parámetros	PN	PD	PA
Número de animales en el pedigree	5629	5629	5629
Media	40.50	228.40	375.31
Desviación Estándar	7.46	43.92	72.74

Coefficiente de Variación	18.42	19.23	19.35
---------------------------	-------	-------	-------

PN: peso al nacimiento; PD: peso al destete y PA: peso al año.

Cuadro 3. Heredabilidades (h^2), varianzas (diagonal), covarianzas (debajo de la diagonal) y correlaciones genéticas (encima de la diagonal), entre las características incluidas en el objetivo de selección.

Características	PN	PDd	PA
h^2	0.32	0.22	0.34
PN	12.65	0.12	0.66
PDd	6.74	266.56	0.57
PDm	22.58	-65.62	0.71
PA	91.32	972.19	972.19

PN: peso al nacimiento; PD: peso al destete y PA: peso al año, h^2 : Heredabilidad

Cuadro 4. Varianzas (diagonal), covarianzas (debajo de la diagonal) y correlaciones (encima de la diagonal) fenotípicas de las características incluidas en el objetivo de selección.

Características	PN	PD	PA
PN	40.08	0.26	0.27
PD	58.32	1234.43	0.67
PA	91.32	1264.35	2889

PN: peso al nacimiento; PD: peso al destete y PA: peso al año.

Cuadro 5. Valores económicos de las tres características utilizadas en el objetivo de selección.

Característica	VR
PN	-0.221
PD	0.549
PA	1.01

PN: peso al nacimiento; PD: peso al destete y PA: peso al año.

BIBLIOGRAFÍA

- Amer, P. R., Crump, R., Simm, G., Ame, P. R., Crump, R. and Simm, G. (2015) 'Science : A terminal sire selection index for UK beef cattle A terminal sire selection index for UK beef cattle', (September 2010), pp. 445–454. doi: 10.1017/S1357729800032859.
- Bourdon, R. M. (1998) 'R M Bourdon The online version of this article , along with updated information and services , is located on the World Wide Web at : Shortcomings of Current Genetic Evaluation Systems 1 ABSTRACT ', pp. 2308–2323.
- Branco, H., Grion, A. L., Mercadante, M. E. Z., Cyrillo, J. N. S. G., Bonilha, S. F. M., Magnani, E. and Branco, R. H. (2014) 'Selection for feed efficiency traits and correlated genetic responses in feed intake and weight gain of Nelore cattle 1', pp. 955–965. doi: 10.2527/jas2013-6682.
- Bullock, K. D. and Pollak, E. J. (2009) 'Beef symposium: the evolution of beef cattle genetic evaluation.', *Journal of animal science*, 87(14 Suppl), pp. E1-2. doi: 10.2527/jas.2008-1738.
- Campos, G. S., Neto, J. B., Oaigen, R. P., Cardoso, F. F., Cobuci, J. A., Kern, E. L. and Campos, L. T. (2014) 'Bioeconomic model and selection indices in Aberdeen Angus cattle', pp. 1–8. doi: 10.1111/jbg.12069.
- Chin, C., Gabriel, J., Monforte, M., Candelario, J., Correa, S., Domínguez, N., Javier, R. and León, E. (2016) 'SUIZO EUROPEO EN MÉXICO Selection indices for the productive improvement of braunvieh catttle in Mexico', 3(7), pp. 1–9.
- Enns, R. M. and Nicoll, G. B. (2008) 'Genetic change results from selection on an economic breeding objective in beef cattle', *Journal of Animal Science*, 86(12), pp. 3348–3357. doi: 10.2527/jas.2006-566.
- FAO (2010) *LA SITUACIÓN DE LOS RECURSOS ZOOGENÉTICOS MUNDIALES PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA, La Situación De Los Recursos Zoogenéticos Mundiales Para La Alimentación Y La Agricultura.*
- Grossi, D. A., Venturini, G. C., Paz, C. C. P., Bezerra, L. A. F., L?bo, R. B., Oliveira, J. A. and Munari, D. P. (2009) 'Genetic associations between age at first calving and heifer body weight and scrotal circumference in Nelore cattle', *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126(5), pp. 387–393. doi: 10.1111/j.1439-0388.2008.00791.x.
- Hazel, L. N. (1943) 'The Genetic Basis for Constructing Selection Indexes.', *Genetics*,

28(6), pp. 476–490.

Jahuey-Martínez, F. J., Parra-Bracamonte, G. M., Sifuentes-Rincón, A. M., Martínez-González, J. C., Gondro, C., García-Pérez, C. A. and López-Bustamante, L. A. (2016) ‘Genomewide association analysis of growth traits in charolais beef cattle’, *Journal of Animal Science*, 94(11), pp. 4570–4582. doi: 10.2527/jas2016-0359.

Jonas, E. and Koning, D. De (2015) ‘Genomic selection needs to be carefully assessed to meet specific requirements in livestock breeding programs’, 6(February), pp. 1–8. doi: 10.3389/fgene.2015.00049.

Macneil, M. D. (no date) ‘Genetic evaluation of an index of birth weight and yearling weight to improve efficiency of beef production 1 , 2’, pp. 2425–2433.

MacNeil, M. D. and Matjuda, L. E. (2007) ‘Breeding objectives for Angus and Charolais specialized sire lines for use in the emerging sector of South African beef production’, *South African Journal of Animal Sciences*, 37(1), pp. 1–10. doi: 10.4314/sajas.v37i1.4019.

MacNeil, M. D., Nugent, R. A. and Snelling, W. M. (1997) ‘Breeding for profit: an introduction to selection index concepts’, *Range beef cow symposium XV*, p. 142. Available at:

<http://digitalcommons.unl.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1141&context=rangebeefcowsym>.

Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J. and Goddard, M. E. (2001) ‘Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps’. doi: 11290733.

Meuwissen, T., Hayes, B. and Goddard, M. (2013) ‘Accelerating Improvement of Livestock with Genomic Selection’, *Annual Review of Animal Biosciences*, 1(1), pp. 221–237. doi: 10.1146/annurev-animal-031412-103705.

Meuwissen, T., Hayes, B. and Goddard, M. (2015) ‘Genomic selection : A paradigm shift in animal breeding’, pp. 6–14. doi: 10.2527/af.2016-0002.

Parra-Bracamonte, G. M., Lopez-Villalobos, N., Morris, S. T., Sifuentes-Rincón, A. M. and Lopez-Bustamante, L. A. (2016) ‘Genetic trends for live weight traits reflect breeding strategies in registered Charolais Farms in Mexico’, *Tropical Animal Health and Production*. *Tropical Animal Health and Production*, 48(8), pp. 1729–1738. doi: 10.1007/s11250-016-1150-2.

Parra-Bracamonte, G. M., Lopez-Villalobos, N., Sifuentes-Rincon, A. M., Morris, S.,

Lopez-Bustamante, L. A. and Meza-Garcia, L. A. (2014) 'Single and composite influence of growth-related candidate gene polymorphisms on additive genetic variation of birth weight in charolais beef cattle', *Tropical Animal Health and Production*, 46(3), pp. 509–512. doi: 10.1007/s11250-013-0520-2.

Pravia, M. I., Ravagnolo, O., Urioste, J. I. and Garrick, D. J. (2014) 'Identification of breeding objectives using a bioeconomic model for a beef cattle production system in Uruguay', *Livestock Science*. Elsevier, 160(1), pp. 21–28. doi: 10.1016/j.livsci.2013.12.006.

Ramirez-Valverde, R., Hernandez-Alvarez, O. C., Nunez-Dominguez, R., Ruiz-Flores, A. and Garcia-Muniz, J. G. (2007) 'Univariate Vs Multivariate Analyses in Genetic Evaluation of Growth Traits in Two Cattle Breeds', *Agrociencia*, 41(3), pp. 271–282.

Roman, R. M. and Wilcox, C. J. (2000) 'Bivariate animal model estimates of genetic, phenotypic, and environmental correlations for production, reproduction, and somatic cells in Jerseys.', *Journal of dairy science*. Elsevier, 83(4), pp. 829–835. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(00)74946-0.

Segura-Correa, J.C.; Chin-Colli, R. (no date) 'SELECTION INDEXES IN BRAUNVIEH CATTLE IN MÉXICO USING the desired gain methodology', 10, pp. 33–36.

Utrera, Á. R. (2008) 'Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento predestete de bovinos', *Tecnica Pecuaria México*, 46(1), pp. 37–67.

Vergara, O. D., Martínez, N. A. and Almanza, R. (2014) 'Parameters and Genetic Trends for Preweaning Growth Traits in a Multibreed Cattle', 55(2), pp. 68–77.

ZENG XI (2013) *Beef cattle maternal and terminal selection indices*. Colorado State University.

Capítulo V.

“Evaluación genómica parcial para Peso al nacimiento en Charolais de registro”

“Evaluación genómica parcial para Peso al nacimiento en Charolais de registro”

Jessica Beatriz Herrera-Ojeda¹, Gaspar Manuel Parra-Bracamonte^{2*}, José Herrera-Camacho¹

¹Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo-Instituto de Investigaciones Agropecuarias y Forestales. Carretera Morelia-Zinapécuaro km 9.5. 58880. Morelia, Michoacán, México.

2Instituto Politécnico Nacional-Centro de Biotecnología Genómica. Boulevard del Maestro SN. Col. Narciso Mendoza. 88710. Reynosa, Tamaulipas, México. *Autor responsable (gparra@ipn.mx).

Resumen

Se predijeron los valores genómicos para el peso al nacimiento (PN), utilizando un panel de 77k marcadores en forma de Polimorfismos de un solo nucleótido (SNP's). Se evaluó la exactitud de esta predicción utilizando la correlación genética (r). Este indicador fue de 0.56 lo que puede indicar que el uso de la información genómica puede mejorar la predicción de los valores genéticos y por ende la selección de los animales. Sin embargo es importante señalar que este tipo de estudios deberían llevarse a cabo en una mayor cantidad de poblaciones de ganado bovino, al igual que utilizar una mayor cantidad de marcadores significativos.

Introducción

El principal objetivo de un criador de bovinos de registro es seleccionar animales con potencial genético superior para ser padres de la siguiente generación (Samarai et al., 2015). Generalmente la selección se ha dado por medio de la cuantificación de características fenotípicas, siendo los indicadores de crecimiento los caracteres incluidos de manera tradicional en los criterios de selección. El peso al nacimiento es considerado como una de las características más importantes, ya que es el primer fenotipo registrado en la vida de un animal y se encuentra relacionada tanto con mediciones posteriores del crecimiento

(peso al destete, peso al año, peso de la canal) como con el tamaño corporal de las crías al parto (Parra-Bracamonte et al., 2014; Chud et al., 2014). Actualmente se obtienen parámetros genéticos (heredabilidades, varianzas genéticas y correlaciones genéticas), utilizando datos productivos y el parentesco entre animales, mediante la metodología de las mejores predicciones lineales insesgadas. Sin embargo en bovinos los indicadores de crecimiento se encuentran clasificados como indicadores genéticamente complejos, ya que se encuentran influenciados por múltiples genes, al mismo tiempo que diversos factores medioambientales (Dekkers y Hospital, 2002). Aún que los resultados de las evaluaciones genéticas han aumentado la productividad de los animales y la calidad de los productos y subproductos de ganado cárnico a través del mundo. En México las tendencias genéticas en ganado Charolais mencionan que se han seleccionado hacia menores pesos al nacimiento, pero que también existe una tendencia favorable para producir animales con tasas de crecimiento altas (Parra-Bracamonte et al., 2015). Este progreso genético podría maximizarse si los mejores animales pueden ser identificados con mayor precisión en una etapa temprana de vida, lo cual también influiría sobre el intervalo generacional (Meuwissen and Goddard, 2010). Durante la última década, con el incremento de información disponible en genómica, el genotipo de los animales puede ser determinado por decenas de miles de marcadores moleculares en la forma de polimorfismos de nucleótido simple (SNP's), estos SNP's pueden utilizarse para calcular valores genómicos, los cuales pueden ser incorporados dentro de un programa de mejoramiento genético para indicadores poligénicos (Meuwissen, Hayes y Goddard, 2001; Mulder, Bijma and Hill, 2007; Hill, 2010). Su aplicación se fundamenta en la alta densidad de marcadores utilizados, ya que al capturar toda la varianza genética la selección genómica puede obtener estimaciones más confiables de los valores genéticos y de esta forma mejorar la precisión y acelerar el mejoramiento genético (Meuwissen, Hayes y Goddard, 2013). Los resultados han sido variables, ya que diversos factores influyen sobre la exactitud de la selección genómica (tamaño de la población genotipificada, densidad de los paneles de marcadores), (Habier et al., 2013). Sin embargo para poblaciones de ganado cárnico mexicano los estudios que exploren el uso de información genómica sobre el mejoramiento genético son escasos (Briones et al., 2014, Jahuey-Martínez et al., 2016).

El objetivo del siguiente trabajo fue evaluar la exactitud de valores genómicos para peso al nacimiento, generados por medio de un panel de 77 k SNP's en una población de ganado Charolais de registro.

Materiales y métodos.

En el estudio se incluyeron 823 animales de la raza Charolais, originarios de tres hatos al norte de México (Sonora y Nuevo León). Todos los hatos eran manejados bajo condiciones extensivas y todos los animales se encuentran registrados en la base de datos de la Charolais Herdbook de México. El ganado nació entre 1999 y el 2013 y representa la progenie de 143 sementales y 593 vacas.

Los datos genotípicos fueron provistos por la asociación de registro y consistió en los datos para el peso al nacimiento. El cuadro 1 representa las estadísticas descriptivas para este indicador.

Para calcular las Diferencias Esperadas de la Progenie, se utilizó un modelo lineal donde se incluyeron el efecto fijo de grupo contemporáneo (sexo, hato, época de nacimiento) y como covarianza la edad de la madre como variable lineal y cuadrática. Por medio del software MTDFREML, (Boldman, 1995).

El modelo utilizado en forma matricial fue: $Y = X\beta + Zd + W + e$, donde Y es el vector de observaciones para PN, X, Z y W son matrices conocidas de incidencia que relacionan las observaciones con sus respectivos vectores de efectos fijos y aleatorios; β es el vector de efectos fijos (grupo contemporáneo y la covariable de edad de la vaca); d es el vector de efectos genéticos aditivos directos y e es el vector de efectos aleatorios residuales.

La genotipificación fue desarrollada utilizando 76, 833 marcadores tipo SNP's, del panel GeneSeek Genomic Profiler Bovine HD panel (GGPHD, Neogen Corp., Lincoln, NE).

Antes de la generación de los valores genómicos se evaluó la calidad de los datos genotípicos esto mediante el programa SNPQC (Gondro et al., 2014). Los genotipos fueron considerados óptimos si presentaban un GenCall value mayor a 0.50 y todos los SNP's con valores menores fueron eliminados (n=2,629). Aquellos SNP que fueron monomórficos (n=363), que presentaran call rates menores al 90% (n=5368), frecuencias del alelo menor ≤ 0.01 (n=1,162) o que se encontraran fuera del equilibrio de Hardy y Weinberg y exhibieran valores P menores a 1×10^{-15} , fueron eliminados. Un total de 68, 337

marcadores pasaron el control de calidad y fueron utilizados para posteriores análisis en diversas plataformas.

Para determinar la asociación entre los genotipos obtenidos en el panel (777k) y el PN en la población de estudio, se utilizó la metodología propuesta por Jahuey et al., 2016, en este trabajo identificaron SNP's asociados a diversos indicadores de crecimiento (PN, PD y PA), al mismo tiempo evaluaron el efecto de los SNP sobre estos parámetros, donde los SNP's con un valor $P < 5 \times 10^{-5}$ fueron considerados significativos.

De dicho estudio se tomaron los primeros 100 marcadores que estuvieran fuertemente asociados para esta población. Posteriormente para calcular el valor genómico para cada uno de los animales, se obtuvo la suma de los efectos de los 100 marcadores más significativos multiplicados por el número de copias del alelo 2. Esto también se conoce como sustitución alélica.

La precisión de predicción corresponde a la correlación (r) entre los valores de cría predichos con información fenotípica en la población y los valores genómicos para la característica asociada.

Resultados y Discusión

La media general para el peso al nacimiento fue de 40.50 kg, similar a los valores fenotípicos reportados por Ríos- Utrera, (2008), (Cuadro 1). Los componentes de varianza, estimativos de heredabilidad se presentan en el Cuadro 2.

El estimativo de correlación genética fue de 0.56, los resultados obtenidos en este estudio son similares a los encontrados por Gunia et al., (2014) en ganado Charolais francés, utilizando un panel de 777 k ($r=0.53$) y 50 k ($r= 0.50$), bajo un modelo Bayes C. No obstante, fueron superiores a lo reportado para PN en ganado Limousin y Beefmaster ($r= 0.42$ y 0.37 respectivamente), (Saatchi et al., 2012), esto podría indicar que los marcadores poseen una buena habilidad predictiva.

Las bajas exactitudes puede estar limitando a nivel mundial la implementación de este tipo de tecnologías.

Un enfoque adicional y más completo es necesario utilizando la totalidad de los marcadores disponibles en el panel, para el cálculo de los valores de cría moleculares es importante

realizar este estudio con el genotipo completo de los individuos estudiados (la totalidad de los marcadores disponibles en el panel).

En el futuro un análisis similar en otras razas de ganado cárnico en México y en poblaciones más grandes, permitirá validar las exactitudes encontradas en este estudio, lo que podría justificar el uso de información genómica en programas de mejoramiento genético.

Conclusiones

Este estudio derivó los valores genómicos para PN en una población de ganado Charolais, mostrando una exactitud que pudiera considerarse como alta, lo cual es importante para los futuros trabajos que se realicen en este campo. Estos resultados indican que utilizar marcadores moleculares que se encuentren significativamente asociados con el indicador podría incrementar las exactitudes obtenidas.

Cuadro 1. Valores descriptivos y heredabilidad para Peso al nacimiento (PN).

Indicador	h ²	Promedio	DE	Valor mínimo	Valor máximo
PN	0.32	40.50	10	52	

Cuadro 2. Componentes de varianza y heredabilidad estimada para PN

Indicador	σ_d^2	σ_e^2	σ_p^2	h ²
PN	12.6	27.41	40.8	0.32

Cuadro 2. Efecto de los marcadores sobre PN

Indicador	Promedio	DE	Valor Máximo	Valor mínimo
PN	-0.172	2.89	9.23	-8.30

Bibliografía

- Chud, T.C.S., Caetano, S.L., Buzanskas, M.E., Grossi, D.A., Guidolin, D.G.F., Nascimento, G.B., Rosa, J.O., Lôbo, R.B., Munari, D.P., 2014. Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nellore beef cattle. *Livest. Sci.* 170, 16–21.
- Gunia, M., Saintilan, R., Venot, E., Hozé, C., Fouilloux, M.N., Phocas, F., 2014. Genomic prediction in French Charolais beef cattle using high-density single nucleotide polymorphism markers. *J. Anim. Sci.* 92, 3258–3269.
- Gondro, C., L. R. Porto-Neto, and S. H. Lee. 2014. SNPQC – An R pipeline for quality control of Illumina SNP genotyping array data. *Anim. Genet.* 45:758–761
- Hill, W.G., 2010. Understanding and using quantitative genetic variation. *Philos. Trans. R. Soc. B Biol. Sci.* 365, 73–85.
- Jahuey-Martínez, F.J., Parra-Bracamonte, G.M., Sifuentes-Rincón, A.M., Martínez-Gonzalez, J.C., Gondro, C., Garcia-Perez, C.A., Lopez-Bustamante, L.A., 2016. Genomewide association analysis of growth traits in charolais beef cattle. *J. Anim. Sci.* 94, 4570–4582.
- Meuwissen, T., Goddard, M., 2010. Accurate prediction of genetic values for complex traits by whole-genome resequencing. *Genetics* 185, 623–31.
- Meuwissen, T., Hayes, B., Goddard, M., 2013. Accelerating Improvement of Livestock with Genomic Selection. *Annu. Rev. Anim. Biosci.* 1, 221–237.
- Meuwissen, T.H.E., Hayes, B.J., Goddard, M.E., 2001. Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps.
- Mulder, H. a, Bijma, P., Hill, W.G., 2007. Prediction of breeding values and selection responses with genetic heterogeneity of environmental variance. *Genetics* 175, 1895–910.
- Parra-Bracamonte, G.M., Lopez-Villalobos, N., Sifuentes-Rincon, A.M., Morris, S., Lopez-Bustamante, L.A., Meza-Garcia, L.A., 2014. Single and composite influence of growth-related candidate gene polymorphisms on additive genetic variation of birth weight in charolais beef cattle. *Trop. Anim. Health Prod.* 46, 509–512.

Saatchi, M., Schnabel, R.D., Rolf, M.M., Taylor, J.F., Garrick, D.J., 2012. Accuracy of direct genomic breeding values for nationally evaluated traits in US Limousin and Simmental beef cattle. *Genet. Sel. Evol.* 44, 38.

Utrera, Á.R., 2008. Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento predestete de bovinos. *Tec. Pecu. México* 46, 37–67.

DISCUSIÓN GENERAL

En el presente estudio se exploró la posibilidad de seleccionar animales bajo diferentes estrategias metodológicas tanto genéticas como genómicas. Incluyendo un análisis de la estructura de los grupos contemporáneos para mejorar los parámetros y VG que posteriormente serían utilizados en los modelos. La mejora genética utilizando VG implica un cambio que se logra por la selección de animales con características sobresalientes, esto implica la descripción y uso de diferentes situaciones biológicas y estructuras de los datos (FAO, 2010).

En la evaluación de clasificación de épocas de nacimiento se observó un cambio en los parámetros genéticos principalmente en el indicador para peso al destete, al igual que el modelo propuesto explica un mayor porcentaje de la varianza. Así mismo estos resultados permitieron que la estructura de los grupos contemporáneos, utilizados como efectos fijos en el modelo también mejorara. El haber obtenido resultados más evidentes sobre el peso al destete, para las dos poblaciones analizadas (835 o 7460 animales), puede indicar que el uso de estos resultados impactará principalmente a modelos más complejos, por ejemplo aquellos que incluyan los efectos maternos o efectos permanentes. Cabe mencionar que este trabajo es pionero en incluir un índice que conjunte diversos elementos climáticos y estimarlo como una fuente de variación que incide sobre la expresión fenotípica de diversos indicadores de crecimiento. Estos resultados pueden tener diversos alcances, debido a que mejora el ajuste de los modelos estadísticos para obtener VG en indicadores de crecimiento y que los resultados pueden ser utilizados tipo de esquemas por ejemplo cultivos vegetales u otros estados del país con explotaciones de producción bovina para carne, esto debido a que a nivel nacional estos sistemas se basan principalmente en el uso de áreas de pastoreo y agostadero, expuestos a las variables climáticas, lo que como anteriormente fue discutido influye en la eficiencia de los sistemas.

La búsqueda de diversas alternativas para obtener VG de una población bovina se debió principalmente a las características que presentan las bases de datos a nivel nacional, ya que al recabar la información y establecer los registros productivos, existe información faltante. Esta situación se debe principalmente a que los animales son seleccionados para venta o sacrificio antes de que puedan reistrarse los datos correspondientes a ciertos indicadores, como por en el peso al año. Esto resulta en bases de datos incompletas, lo cual podría tener

una consecuencia sobre los efectos aditivos de la sustitución de alelos en las siguientes generaciones (Efecto Mendeliano de los genes). Es por esto que evaluar las correlaciones fenotípicas y genéticas en una población podría disminuir el efecto de la selección secuencial de animales para sacrificio o venta. Sin embargo son pocos los trabajos que reportan el efecto sobre los VG cuando es utilizado un análisis multivariado. En este trabajo el uso de modelos bivariados evidenció una mejora en la exactitud de las (DEP's) y del error de la varianza para peso al destete y peso al año. Al igual se evidencia que los productores han estado seleccionando menores pesos al nacimiento y esperando ganancias postdestete elevados, el efecto de este antagonismo genético sobre la selección provoca que sea de suma importancia evaluar la relación entre pesos al destete y pesos al año para poder contrarrestarla. Esta situación también sugiere que llevar a cabo este tipo de trabajos en otras razas cárnicas utilizando es importante para poder comparar los resultados de utilizar las correlaciones genéticas entre indicadores sobre los VG.

Derivado de la información obtenida en los análisis multivariados, se propuso realizar la creación de un índice de selección. La jerarquización de animales mediante un índice de selección puede facilitar la selección de animales con mérito genético sobresaliente. Esto se debe fundamentalmente a que los objetivos de selección deseados en una población son evaluados al mismo tiempo y que el índice de selección está incluyendo el valor económico de cada uno de los indicadores. Un problema para establecer este método de selección es la generación de los valores económicos, ya que la combinación de la genética, nutrición, manejo y mercado representados como una expresión matemática del sistema de producción es lo que nos permitirá al mismo tiempo establecer los objetivos de selección de dicho sistema. Por lo que estudios realizados en un futuro que puedan describir estos rubros dentro de los sistemas serán necesarios.

CONCLUSIONES

El objetivo de un programa genético es producir las mejores predicciones posibles del valor genético de todos los animales disponibles como reproductores, para características de importancia económica para la producción comercial. Por lo cual ofrecer diversas

estrategias que puedan utilizar en la diversidad de sistemas de producción cárnica de registro es de suma importancia.

REFERENCIAS COMPLEMENTARIAS

- AMEG, (2012). Asociación Mexicana de Engordadores de Ganado Bovino, A.C. Indicadores Económicos. En línea [<http://www.ameg.org.mx/index.php/acerca-de-la-ameg/antecedentes>]. Consultado el 23 de abril del 2016.
- CONARGEN, (2014). Inventario de sementales activos Marzo 2014. En línea [www.conargen.com.mx]
- Gamboa-Mena, J.V., Magaña-Magaña, M.A., Rejón-Ávila, M, Pech-Martínez, V.C. (2005). Eficiencia económica de los sistemas de producción de carne bovina en el municipio de Tizimín, Yucatán, México. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 5:79-84.
- Jahuey-Martinez, F.J., Parra-Bracamonte, G.M., Sifuentes-Rincón, M., Martínez-González, J.C., Gondro, C., García-Pérez, C.A. y López-Bustamante, L.A. (2016). Genomewide association analysis of growth traits in Charolais beef cattle. *J. Anim. Sci.* (94).
- Martínez, J.C. y Parra-Bracamonte, G.M. (2005). Edición y Análisis de datos para la evaluación genética en ganado Cebú.
- Van Vleck, D., (1993). Selection index and introduction to mixed model methods. CRC Press, USA, p 349.
- Núñez-Domínguez R, Hernández-Rodríguez BA, Ramírez-Valverde R, Ruíz-Flores A, García-Muñiz JG, López-Ordaz R (2010) Productividad de vacas Tropicarne con diferente potencial genético para peso corporal al primer servicio. *Revista Científica FCV-LUZ* 20: 640-648.
- Sifuentes, M. y Parra, G.M. (2012). ¿Cuál es el valor de las pruebas de ADN para la ganadería de carne en México?. *Sonora Ganadero*. 18-21.
- Martínez, C.A., Manrique, C., Elzo, M. (2012). Cattle genetic evaluation: a historical perception. *RevColomb. Cienc. Pecu.* 25, 293-311.

Montaldo V. H. H. y Barría, P. N. (1998). Mejoramiento genético de animales. *Ciencia al día* 1 (2): 1-19.

Roman y Wilcox, (2000). Bivariate animal model estimates of genetic, phenotypic and environmental correlations for production, reproduction and somatic cells in Jerseys. *J. Dairy Sci.* 83(4).

Bolormaa, S., Pryce, J., Reverter, A., Zhang, Y, Barendse, W., Kemper, K., Tier, B., Savin, K., Hayes, B., Goddard, M. (2014). A multi-trait, meta analysis for detecting Pleiotropic polymorphisms for stature, fatness and reproduction in beef cattle. *Plos Genetics.* 10(3).

Domínguez-Viveros, J., F.A. Rodríguez-Almeida, J.A. Ortega-Gutiérrez, A. Flores-Mariñelarena. (2009). Selección de modelos parámetros genéticos y tendencias genéticas en las evaluaciones genéticas nacionales de bovinos Brangus y Salers. *Agrociencia.* 43: 107-117.

Ramírez-Valverde, R., Nuñez-Domínguez, R. Ruíz-Flores, A., García-Muñiz, G., Magaña-Valencia, F. (2008). Comparación de definiciones de grupos contemporáneos en la evaluación genética de bovinos Suizo Europeo. *Téc. Pecu. Méx* 46:359-370.

REFERENCIAS COMPLEMENTARIAS

AMEG, (2012). Asociación Mexicana de Engordadores de Ganado Bovino, A.C. Indicadores Económicos. En línea [<http://www.ameg.org.mx/index.php/acerca-de-la-ameg/antecedentes>]. Consultado el 23 de abril del 2016.

CONARGEN, (2014). Inventario de sementales activos Marzo 2014. En línea [www.conargen.com.mx]

- Gamboa-Mena, J.V., Magaña-Magaña, M.A., Rejón-Ávila, M, Pech-Martínez, V.C. (2005). Eficiencia económica de los sistemas de producción de carne bovina en el municipio de Tizimín, Yucatán, México. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 5:79-84.
- Jahuey-Martinez, F.J., Parra-Bracamonte, G.M., Sifuentes-Rincón, M., Martínez-González, J.C., Gondro, C., García-Pérez, C.A. y López-Bustamante, L.A. (2016). Genomewide association analysis of growth traits in Charolais beef cattle. *J. Anim. Sci.* (94).
- Martínez, J.C. y Parra-Bracamonte, G.M. (2005). Edición y Análisis de datos para la evaluación genética en ganado Cebú.
- Van Vleck, D., (1993). Selection index and introduction to mixed model methods. CRC Press, USA, p 349.
- Núñez-Domínguez R, Hernández-Rodríguez BA, Ramírez-Valverde R, Ruíz-Flores A, García-Muñiz JG, López-Ordaz R (2010) Productividad de vacas Tropicarne con diferente potencial genético para peso corporal al primer servicio. *Revista Científica FCV-LUZ* 20: 640-648.
- Sifuentes, M. y Parra, G.M. (2012). ¿Cuál es el valor de las pruebas de ADN para la ganadería de carne en México?. *Sonora Ganadero*. 18-21.
- Martínez, C.A., Manrique, C., Elzo, M. (2012). Cattle genetic evaluation: a historical perception. *RevColomb. Cienc. Pecu.* 25, 293-311.
- Montaldo V. H. H. y Barría, P. N. (1998). Mejoramiento genético de animales. *Ciencia al día* 1 (2): 1-19.
- Cardelino, R. y Rovira, J. (1987). Mejoramiento genético animal. Colección de textos de agronomía y veterinaria. Hemisferio Sur. 253 p.
- Roman y Wilcox, (2000). Bivariate animal model estimates of genetic, phenotypic and environmental correlations for production, reproduction and somatic cells in Jerseys. *J. Dairy Sci.* 83(4).

- Bolormaa, S., Pryce, J., Reverter, A., Zhang, Y, Barendse, W., Kemper, K., Tier, B., Savin, K., Hayes, B., Goddard, M. (2014). A multi-trait, meta analysis for detecting Pleiotropic polymorphisms for stature, fatness and reproduction in beef cattle. *Plos Genetics*. 10(3).
- Gunia, M., Saintilan, R., Venot, E., Hozé, M., Fouilloux, N. y Phocas, F. (2014). Genomic prediction in french Charolais beef cattle using high-density single nucleotide polymorphism markers. *J. Anim. Sci.* 92:3258-3269
- Domínguez-Viveros, J., F.A. Rodríguez-Almeida, J.A. Ortega-Gutiérrez, A. Flores-Mariñelarena. (2009). Selección de modelos parámetros genéticos y tendencias genéticas en las evaluaciones genéticas nacionales de bovinos Brangus y Salers. *Agrociencia*. 43: 107-117.
- Ramírez-Valverde, R., Nuñez-Domínguez, R. Ruíz-Flores, A., García-Muñiz, G., Magaña-Valencia, F. (2008). Comparación de definiciones de grupos contemporáneos en la evaluación genética de bovinos Suizo Europeo. *Téc. Pecu. Méx* 46:359-370.
- Amer, P. R., Crump, R., Simm, G., Ame, P. R., Crump, R. and Simm, G. (2015) ‘Science : A terminal sire selection index for UK beef cattle A terminal sire selection index for UK beef cattle’, (September 2010), pp. 445–454. doi: 10.1017/S1357729800032859.
- Bourdon, R. M. (1998) ‘R M Bourdon The online version of this article , along with updated information and services , is located on the World Wide Web at : Shortcomings of Current Genetic Evaluation Systems 1 ABSTRACT ’:, pp. 2308–2323.
- Branco, H., Grion, A. L., Mercadante, M. E. Z., Cyrillo, J. N. S. G., Bonilha, S. F. M., Magnani, E. and Branco, R. H. (2014) ‘Selection for feed efficiency traits and correlated genetic responses in feed intake and weight gain of Nelore cattle 1’, pp. 955–965. doi: 10.2527/jas2013-6682.
- Bullock, K. D. and Pollak, E. J. (2009) ‘Beef symposium: the evolution of beef cattle genetic evaluation.’, *Journal of animal science*, 87(14 Suppl), pp. E1-2. doi:

10.2527/jas.2008-1738.

- Campos, G. S., Neto, J. B., Oaigen, R. P., Cardoso, F. F., Cobuci, J. A., Kern, E. L. and Campos, L. T. (2014) 'Bioeconomic model and selection indices in Aberdeen Angus cattle', pp. 1–8. doi: 10.1111/jbg.12069.
- Chin, C., Gabriel, J., Monforte, M., Candelario, J., Correa, S., Domínguez, N., Javier, R. and León, E. (2016) Selection indices for the productive improvement of braunvieh cattle in Mexico', 3(7), pp. 1–9.
- Enns, R. M. and Nicoll, G. B. (2008) 'Genetic change results from selection on an economic breeding objective in beef cattle', *Journal of Animal Science*, 86(12), pp. 3348–3357. doi: 10.2527/jas.2006-566.
- Grossi, D. A., Venturini, G. C., Paz, C. C. P., Bezerra, L. A. F., Lobo, R. B., Oliveira, J. A. and Munari, D. P. (2009) 'Genetic associations between age at first calving and heifer body weight and scrotal circumference in Nelore cattle', *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126(5), pp. 387–393. doi: 10.1111/j.1439-0388.2008.00791.x.
- Jonas, E. and Koning, D. De (2015) 'Genomic selection needs to be carefully assessed to meet specific requirements in livestock breeding programs', 6(February), pp. 1–8. doi: 10.3389/fgene.2015.00049.
- MacNeil, M. D., Nugent, R. A. and Snelling, W. M. (1997) 'Breeding for profit: an introduction to selection index concepts', *Range beef cow symposium XV*, p. 142. Available at: <http://digitalcommons.unl.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1141&context=rangebeefcow symp>.
- Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J. and Goddard, M. E. (2001) 'Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps'. doi: 11290733.
- Meuwissen, T., Hayes, B. and Goddard, M. (2013) 'Accelerating Improvement of Livestock with Genomic Selection', *Annual Review of Animal Biosciences*, 1(1), pp. 221–237. doi: 10.1146/annurev-animal-031412-103705.
- Meuwissen, T., Hayes, B. and Goddard, M. (2015) 'Genomic selection : A paradigm shift in animal breeding', pp. 6–14. doi: 10.2527/af.2016-0002.
- Parra-Bracamonte, G. M., Lopez-Villalobos, N., Sifuentes-Rincon, A. M., Morris, S.,

- Lopez-Bustamante, L. A. and Meza-Garcia, L. A. (2014) 'Single and composite influence of growth-related candidate gene polymorphisms on additive genetic variation of birth weight in charolais beef cattle', *Tropical Animal Health and Production*, 46(3), pp. 509–512. doi: 10.1007/s11250-013-0520-2.
- Pravia, M. I., Ravagnolo, O., Urioste, J. I. and Garrick, D. J. (2014) 'Identification of breeding objectives using a bioeconomic model for a beef cattle production system in Uruguay', *Livestock Science. Elsevier*, 160(1), pp. 21–28. doi: 10.1016/j.livsci.2013.12.006.
- Ramirez-Valverde, R., Hernandez-Alvarez, O. C., Nunez-Dominguez, R., Ruiz-Flores, A. and Garcia-Muniz, J. G. (2007) 'Univariate Vs Multivariate Analyses in Genetic Evaluation of Growth Traits in Two Cattle Breeds', *Agrociencia*, 41(3), pp. 271–282.
- Roman, R. M. and Wilcox, C. J. (2000) 'Bivariate animal model estimates of genetic, phenotypic, and environmental correlations for production, reproduction, and somatic cells in Jerseys.', *Journal of dairy science. Elsevier*, 83(4), pp. 829–835. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(00)74946-0.
- Segura-Correa, J.C.; Chin-Colli, R. (no date) 'Selection indexes in Braunvieh cattle in México using the desired gain methodology', *Agroproductividad*. 10, pp. 33–36.
- Utrera, Á. R. (2008) 'Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento predestete de bovinos', *Tecnica Pecuaria México*, 46(1), pp. 37–67.
- Vergara, O. D., Martínez, N. A. and Almanza, R. (2014) 'Parameters and Genetic Trends for Preweaning Growth Traits in a Multibreed Cattle', 55(2), pp. 68–77.
- ZENG XI (2013) Beef cattle maternal and terminal selection indices. Colorado State University.

Pollak E. J., Bennett G. L., Snelling W. M., Thallman R. M., and Kuehn L. A. 2012. Genomics and the global beef cattle industry. *Animal Production Science* 52: 92-99.

Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium. 2009. The genome sequence of taurine cattle: A window to ruminant biology and evolution. *Science* 324 (5926): 522–528.