

# Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento predestete en la población mexicana de Simmental

## Genetic parameters and trends for preweaning growth traits in the Mexican Simmental population

Javier Rosales-Alday<sup>a</sup>, Mauricio A. Elzo<sup>a</sup>, Moisés Montaña Bermúdez<sup>b</sup>, Vicente Eliezer Vega Murillo<sup>c</sup>

### RESUMEN

Se utilizaron registros de pesos al nacimiento (18,383) y al destete (9,023) de la población mexicana de ganado Simmental, para estimar varianzas genéticas aditivas directas y maternas, heredabilidades, correlaciones y tendencias genéticas. La información se obtuvo en 434 hatos de socios de la Asociación Mexicana Simmental-Simbrah, entre 1980 y 1999. El grupo contemporáneo se definió como hatos-año-estación. Se utilizó un modelo animal de dos características con efectos aditivos directos y maternos, para estimar varianzas y parámetros genéticos, y predecir valores genéticos. Las heredabilidades para peso al nacimiento fueron 0.40 para el aditivo directo y 0.12 para el aditivo materno, la correlación genética aditiva directa-materna fue -0.63. Para peso al destete las heredabilidades fueron 0.33 para el aditivo directo y 0.19 para el aditivo materno, la correlación aditiva directa-materna fue -0.67. La única correlación entre características que resultó diferente de cero, fue entre peso al nacimiento directo y peso al destete directo (0.73). Las heredabilidades maternas fueron menores que las directas, y las correlaciones entre los efectos aditivos directos y maternos fueron negativas en las dos características. Las tendencias genéticas en la población mexicana de Simmental fueron positivas para los efectos genéticos aditivos directos, y negativas para los aditivos maternos. Estas tendencias sugieren que la selección se hizo con mayor énfasis en los efectos genéticos aditivos directos para peso al destete. Debido a la correlación negativa entre los efectos genéticos aditivos directos y maternos, los programas de selección para crecimiento predestete necesitarían de un balance adecuado entre estos dos tipos de efecto.

**PALABRAS CLAVE:** Crecimiento predestete, Genética, Parámetros, Simmental, Tendencias.

### ABSTRACT

Birth weight (18,383) and weaning weight (9,023) records from the Mexican Simmental beef cattle population were used to estimate genetic additive direct and maternal variances, heritabilities, genetic correlations, and genetic trends. Information came from 434 herds owned by members of the Mexican Simmental-Simbrah Association, and collected from 1980 to 1999. Contemporary groups were defined as herd-year-seasons. A two-trait animal model with additive direct and maternal effects was used to estimate genetic variances and genetic parameters, and to predict genetic values. Heritabilities for birth weight were 0.40 for additive direct and 0.12 for additive maternal, and the additive direct-maternal genetic correlation was -0.63. Weaning weight heritabilities were 0.33 for additive direct and 0.19 for additive maternal, and the additive direct-maternal correlation was -0.67. The only across-trait nonzero genetic correlation was between birth weight direct and weaning weight direct (0.73). Maternal heritabilities were lower than direct heritabilities, and negative correlations between additive direct and maternal effects existed for both traits. Genetic trends in the Mexican Simmental population were positive for additive direct, and negative for additive maternal genetic effects. These trends suggest that most of the selection emphasis was likely placed on additive direct genetic effects for weaning weight. Because of the negative correlation that existed between additive direct and maternal genetic effects in the Mexican Simmental population, selection programs for preweaning growth would need to strike an appropriate balance between these two types of effects.

**KEY WORDS:** Genetic, Parameter, Preweaning growth, Simmental, Trend.

Recibido el 29 de agosto de 2003 y aceptado para su publicación el 24 de noviembre de 2003.

<sup>a</sup> Animal Science Dept., University of Florida, Gainesville, FL 32611-0910, Tel: (352) 392-7564, Fax: (352) 392-7652, elzo@animal.ufl.edu. Correspondencia al segundo autor.

<sup>b</sup> CENID Fisiología, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP).

<sup>c</sup> CE Margaritas CIR-Centro, INIFAP.

## INTRODUCCIÓN

La raza Simmental se ha expandido por todo el mundo y la población mundial alcanza los 41 millones de animales<sup>(1)</sup>. Esta raza se introdujo a México en 1973 con la importación de 10 toros de Alemania y Suiza. En la década de los 80's se importó un gran número de animales de Estados Unidos de América y Canadá a todas las regiones de México, desde las áridas hasta las tropicales.

Tanto los animales puros como los cruzados de Simmental son bien aceptados por los ganaderos mexicanos porque su carne es bien aceptada tanto en el mercado local como el internacional, y tiene una buena adaptación en un rango amplio de condiciones ambientales. Para que los ganaderos mexicanos produzcan consistentemente carne que satisfaga las demandas del mercado nacional e internacional, es importante establecer programas nacionales de mejoramiento genético que permitan identificar aquellos animales que satisfacen de la mejor manera estas demandas. El gobierno mexicano reconoció en 1998 la necesidad de un programa nacional de mejoramiento genético y publicó un documento que contiene las acciones que se deben tomar para lograr este objetivo<sup>(2)</sup>. Una de las acciones fue la evaluación genética de animales puros y cruzados utilizando información obtenida por los ganaderos. Este trabajo requiere de la estimación de los parámetros genéticos para las características de interés en la población a evaluar. Además, para evaluar el impacto de las decisiones de selección en la población, es necesario conocer las tendencias genéticas. Así, los objetivos fueron estimar las varianzas y covarianzas genéticas aditivas directas y maternas, las heredabilidades, correlaciones y tendencias genéticas para pesos al nacimiento y destete en ganado Simmental en México.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### *Archivos de datos y genealógicos*

Los pesos al nacimiento (PN) y al destete (PD) de los becerros Simmental se obtuvieron de 434 hatos de socios de la Asociación Mexicana Simmental-Simbrah, localizados en todas las regiones de

## INTRODUCTION

The Simmental breed has spread throughout the world and its total numbers now approach 41 million animals<sup>(1)</sup>. The breed was introduced in Mexico in 1973 with the importation of 10 bulls from Germany and Switzerland. In the 1980's large numbers of animals were imported from the USA and Canada and distributed to all regions of Mexico, from arid to tropical.

Purebred and crossbred Simmental animals are well accepted by Mexican producers because their beef is well accepted by both local and international markets, and have good adaptability to a wide range of environmental conditions. For Mexican cattlemen to consistently produce beef that meet national and international market demands, it is important to implement national genetic improvement programs that can identify those animals that most closely meet these demands. Mexican Government recognized the need for a national genetic improvement program in 1998 and published a document containing steps to be taken to achieve this objective<sup>(2)</sup>. One of the steps was the genetic evaluation of purebred and crossbred beef animals using field data. This work required the estimation of genetic parameters for the traits of interest in the populations to be evaluated. In addition, to evaluate the impact of selection decisions on the population, genetic trends would be needed. Thus, the objectives of this paper were the estimation of additive direct and maternal genetic variances and covariances, heritabilities, genetic correlations, and genetic trends for birth weight and weaning weight in the Mexican Simmental population.

## MATERIALS AND METHODS

### *Data and pedigree files*

Birth weights (BW) and weaning weights (WW) from Simmental calves were provided by 434 herds belonging to the Mexican Simmental-Simbrah Association. Herds were located in all regions of Mexico from arid to tropical. Data were collected from 1980 to 1999.

Data editing was done according to the Beef Improvement Federation recommendations<sup>(3)</sup>.

México, desde la árida hasta la tropical. La información se colectó entre 1980 y 1999.

La edición de la información se hizo siguiendo las recomendaciones del Beef Improvement Federation<sup>(3)</sup>. Se eliminaron los registros a más de tres desviaciones estándar de la media; también se eliminaron becerros con padres desconocidos o sin PN y PD. Se definieron cuatro épocas de nacimiento: invierno (enero-marzo), primavera (abril-junio), verano (julio-septiembre), y otoño (octubre-diciembre). Los grupos contemporáneos se definieron como animales nacidos en el mismo hato, año y época. El sexo no se incluyó en la definición del grupo contemporáneo pero sí se incluyó como parte del modelo mixto. Se eliminaron los grupos contemporáneos con menos de 10 animales y con menos de dos padres. Las identificaciones de los animales se renumeraron usando un programa en FORTRAN<sup>(4)</sup>. La conectividad de los grupos contemporáneos a través de padres comunes se verificó con un programa en FORTRAN<sup>(5)</sup>. Se eliminó el 10 % de los registros originales porque no resultaron conectados. La base de datos con registros conectados incluyó 18,383 PN y 9,023 PD de 18,460 becerros. Estos becerros fueron hijos de 2,152 padres y 11,334 madres.

Se construyó un archivo de pedigrí con 26,539 animales, que incluía crías, padres y madres. Sólo se incluyeron crías con padres puros o con más de 31/32 Simmental.

#### *Estimación de parámetros genéticos*

Las varianzas y covarianzas genéticas se estimaron por máxima verosimilitud restringida usando un algoritmo libre de derivadas<sup>(6)</sup>. Los análisis se hicieron usando el paquete MTDFREML<sup>(7)</sup>. Se utilizó un modelo animal para dos características (PN, PD) con efectos genéticos aditivos directos y maternos para estimar los componentes de covarianza y para predecir los valores genéticos. Debido a que algunas madres tenían más de un registro, también se incluyó el efecto ambiental permanente de la madre. Los efectos fijos considerados fueron grupo contemporáneo (PN, PD), sexo (PN, PD), edad de la madre (en días) al parto lineal, cuadrático y cúbico (PN, PD), y edad del becerro (en días) al destete lineal,

Records outside three standard deviations were discarded as outliers. Calves with unknown parents and calves without BW and WW records were deleted. Four calving seasons were defined: winter (January-March), spring (April-June), summer (July-September), and fall (October-December). Contemporary groups were defined as animals born in the same herd, year and season. Sex was not included as part of the contemporary group definition but was included as part of the mixed model. Contemporary groups with less than 10 calves and(or) less than two sires were eliminated. Animal identifications were renumbered with a FORTRAN program<sup>(4)</sup>. Contemporary group connectedness through common sires was verified with a FORTRAN program<sup>(5)</sup>. Ten percent of the original data were not connected and were eliminated. The connected dataset contained 18,383 BW and 9,023 WW from 18,460 calves. These calves were the progeny of 2,152 sires and 11,334 dams.

A pedigree file that included calf, sire and dam was constructed. Only calves with purebred parents or with more than 31/32 Simmental were included in the pedigree file. The pedigree file included 26,539 animals.

#### *Estimation of genetic parameters*

Genetic variances and covariances were estimated by Restricted Maximum Likelihood using a derivative-free algorithm<sup>(6)</sup>. Computations were performed using the MTDFREML package<sup>(7)</sup>. A two-trait (BW, WW) animal model with additive direct and maternal genetic effects was used to estimate covariance components and to predict genetic values. Because dams had repeated records, permanent environment effect of the dam was included. Fixed effects were contemporary group (BW, WW), sex (BW, WW), age of dam (in days) at calving linear, quadratic and cubic (BW, WW), and age of calf (in days) at weaning linear, quadratic and cubic (WW only). Random effects for BW and WW were animal additive direct, dam additive maternal, dam permanent environment maternal, and residual. In matrix notation, the two-trait mixed linear model can be represented as follows:

$$y = Xb + Z_i u_i + Z_d u_d + Z_{pe} d_{pe} + e$$

cuadrático y cúbico (PD solamente). Los efectos aleatorios para PN y PD fueron el aditivo directo del animal, el aditivo materno de la madre, el ambiental permanente materno de la madre, y el residual. En notación matricial, el modelo mixto lineal para dos características se representa como sigue:

$$y = Xb + Z_i u_i + Z_d u_d + Z_{pe} d_{pe} + e$$

$$E[y] = Xb$$

$$\text{var} \begin{bmatrix} u_i \\ u_d \\ d_{pe} \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_{0ii} * A & G_{0id} * A & 0 & 0 \\ G_{0di} * A & G_{0dd} * A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & R_{0pe} * I & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R_{0e} * I \end{bmatrix}$$

donde:

y = vector de registros de PN y PD,

b = vector de efectos fijos de grupos contemporáneos, sexos, y edad de la madre como covariables (lineal, cuadrática y cúbica) para PN y PD, y edad del becerro al destete como covariables para PD solamente (lineal, cuadrática y cúbica),

u<sub>i</sub> = vector de efectos aleatorios genéticos aditivos directos del becerro (del aditivo directo del padre y del muestreo mendeliano del padre y de la madre del becerro),

u<sub>d</sub> = vector de efectos aleatorios genéticos aditivos maternos de la madre (1/2 del aditivo directo y del materno de la madre),

d<sub>pe</sub> = vector de efectos del ambiente permanente materno de la madre,

e = vector de residuales,

X = matriz de unos, ceros, y factores lineal, cuadrático, y cúbico que relacionan los registros de los becerros con los elementos de b,

Z<sub>i</sub> = matriz de unos y ceros que relacionan los registros de los becerros con los elementos de u<sub>i</sub>,

Z<sub>d</sub> = matriz de unos y ceros que relacionan los registros de los becerros con los elementos de u<sub>d</sub>, y

Z<sub>pe</sub> = matriz de unos y ceros que relacionan los registros de los becerros con los elementos de d<sub>pe</sub>.

$$E[y] = Xb$$

$$\text{var} \begin{bmatrix} u_i \\ u_d \\ d_{pe} \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_{0ii} * A & G_{0id} * A & 0 & 0 \\ G_{0di} * A & G_{0dd} * A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & R_{0pe} * I & 0 \\ 0 & 0 & 0 & R_{0e} * I \end{bmatrix}$$

where:

y = vector of BW and WW records,

b = vector of contemporary groups, sexes, and age of dam covariates (linear, quadratic and cubic) for BW and WW, and calf age at weaning covariates for WW only (linear, quadratic and cubic) fixed effects,

u<sub>i</sub> = vector of random calf additive direct genetic effects (1/2 sire additive direct plus mendelian sampling from the sire and the dam of the calf),

u<sub>d</sub> = vector of random dam additive maternal genetic effects (1/2 dam additive direct plus maternal),

d<sub>pe</sub> = vector of random dam permanent environment maternal effects,

e = vector of residuals,

X = matrix of 1's, 0's, and linear, quadratic, and cubic factors that relates calf records to elements of b,

Z<sub>i</sub> = matrix of 1's and 0's that relates calf records to elements of u<sub>i</sub>,

Z<sub>d</sub> = matrix of 1's and 0's that relates calf records to elements of u<sub>d</sub>, and

Z<sub>pe</sub> = matrix of 1's and 0's that relates animal records to elements of d<sub>pe</sub>.

For the definitions of covariance matrices, \* = direct product, A = additive relationship matrix, and the subscripts i = calf, d = dam, 1 = BW, and 2 = WW. Thus,

$$G_{0ii} = \begin{bmatrix} \sigma_{i1,i1} & \sigma_{i1,i2} \\ \sigma_{i2,i1} & \sigma_{i2,i2} \end{bmatrix} = 2 \times 2 \text{ matrix of covariances between calf additive direct genetic effects for trait } j \text{ and calf additive direct genetic effects for trait } j' \text{ (} j, j' = 1, 2\text{),}$$

Para la definición de matrices de covarianzas, \* = producto directo, A = matriz de relaciones aditivas, y los subíndices i = becerro, d = madre, 1 = PN, y 2 = PD. Así,

$G_{0ii} = \begin{bmatrix} \sigma_{i1,i1} & \sigma_{i1,i2} \\ \sigma_{i2,i1} & \sigma_{i2,i2} \end{bmatrix}$  = matriz 2 x 2 de covarianzas entre los efectos genéticos aditivos directos del becerro para la característica j y los efectos genéticos aditivos directos del becerro para la característica j' (j, j' = 1, 2),

$G_{0id} = \begin{bmatrix} \sigma_{i1,d1} & \sigma_{i1,d2} \\ \sigma_{i2,d1} & \sigma_{i2,d2} \end{bmatrix}$  = matriz 2 x 2 de covarianzas entre los efectos genéticos aditivos directos del becerro para la característica j y los efectos genéticos aditivos maternos de la madre para la característica j' (j, j' = 1, 2),

$G_{0di} = \begin{bmatrix} \sigma_{d1,i1} & \sigma_{d1,i2} \\ \sigma_{d2,i1} & \sigma_{d2,i2} \end{bmatrix}$  = matriz 2 x 2 de covarianzas entre los efectos genéticos aditivos maternos de la madre para la característica j y los efectos genéticos aditivos directos del becerro para la característica j' (j, j' = 1, 2),

$G_{0dd} = \begin{bmatrix} \sigma_{d1,d1} & \sigma_{d1,d2} \\ \sigma_{d2,d1} & \sigma_{d2,d2} \end{bmatrix}$  = matriz 2 x 2 de covarianzas entre los efectos genéticos aditivos maternos de la madre para la característica j y los efectos genéticos aditivos maternos de la madre para la característica j' (j, j' = 1, 2),

$R_{0pe} = \begin{bmatrix} \sigma_{pe1,pe1} & 0 \\ 0 & \sigma_{pe2,pe2} \end{bmatrix}$  = matriz 2 x 2 de covarianzas entre los efectos ambientales permanente maternos de la madre para la característica j y los efectos ambientales permanentes maternos de la madre para la característica j' (j, j' = 1, 2),

$R_{0e} = \begin{bmatrix} \sigma_{e1,e1} & 0 \\ 0 & \sigma_{e2,e2} \end{bmatrix}$  = matriz 2 x 2 de covarianzas entre los efectos ambientales temporales para la característica j y los efectos ambientales temporales para la característica j' (j, j' = 1, 2).

### Tendencias genéticas

Se utilizó el paquete MTDFREML<sup>(7)</sup> y el mismo modelo animal directo-materno, usado para estimar

$G_{0id} = \begin{bmatrix} \sigma_{i1,d1} & \sigma_{i1,d2} \\ \sigma_{i2,d1} & \sigma_{i2,d2} \end{bmatrix}$  = 2 x 2 matrix of covariances between calf additive direct genetic effects for trait j and dam additive maternal genetic effects for trait j' (j, j' = 1, 2),

$G_{0di} = \begin{bmatrix} \sigma_{d1,i1} & \sigma_{d1,i2} \\ \sigma_{d2,i1} & \sigma_{d2,i2} \end{bmatrix}$  = 2 x 2 matrix of covariances between dam additive maternal genetic effects for trait j and calf additive direct genetic effects for trait j' (j, j' = 1, 2),

$G_{0dd} = \begin{bmatrix} \sigma_{d1,d1} & \sigma_{d1,d2} \\ \sigma_{d2,d1} & \sigma_{d2,d2} \end{bmatrix}$  = 2 x 2 matrix of covariances between dam additive maternal genetic effects for trait j and dam additive maternal genetic effects for trait j' (j, j' = 1, 2),

$R_{0pe} = \begin{bmatrix} \sigma_{pe1,pe1} & 0 \\ 0 & \sigma_{pe2,pe2} \end{bmatrix}$  = 2 x 2 matrix of covariances between dam permanent environment maternal effects for trait j and dam permanent environment maternal effects for trait j' (j, j' = 1, 2),

$R_{0e} = \begin{bmatrix} \sigma_{e1,e1} & 0 \\ 0 & \sigma_{e2,e2} \end{bmatrix}$  = 2 x 2 matrix of covariances between temporary environmental effects for trait j and temporary environmental effects for trait j' (j, j' = 1, 2).

### Genetic trends

Calf additive direct and dam additive maternal genetic values were predicted using the same direct-maternal animal model and MTDFREML software<sup>(7)</sup> used to estimate covariance components and genetic parameters. Yearly means of predicted calf and dam genetic values were subsequently computed for BW and WW. Lastly, calf and dam genetic trends were generated by plotting BW and WW over time<sup>(8)</sup>.

## RESULTS AND DISCUSSION

### Estimation of genetic parameters

Estimates of covariance components and genetic parameters for BW and WW direct and maternal

los componentes de varianza y los parámetros genéticos, para predecir los valores genéticos aditivos directos del becerro y aditivos maternos de la madre. Se obtuvieron promedios anuales de valores genéticos predichos para crías y madres para PN y PD. Las tendencias genéticas de becerros y madres se obtuvieron haciendo una regresión de valores genéticos en años de nacimiento<sup>(8)</sup>.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### *Estimación de parámetros genéticos*

En el Cuadro 1 se muestran los estimadores de los componentes de covarianza y los parámetros genéticos directos y maternos para PN y PD. La varianza genética aditiva para PN directo fue tres veces mayor que la de PN materno, resultando en estimadores de heredabilidad de 0.40 para PN directo y 0.12 para PN materno. También, la varianza genética aditiva para PD directo fue el doble de la para PD materno, resultando en estimadores de heredabilidad de 0.33 para PD directo y 0.19 para PD materno. Estas heredabilidades fueron casi idénticas a las usadas en la evaluación de Toros Simmental 2003 para la población de Simmental de EUA (0.39 para PN directo, 0.28 para PD directo, 0.16 para PD materno; ASA<sup>(9)</sup>). Las varianzas fenotípicas fueron 19.94 kg<sup>2</sup> para PN, 690.17 kg<sup>2</sup> para PD. La similitud entre los estimadores de heredabilidad en México y EUA sugiere que los ganaderos mexicanos importaron una muestra representativa de la población de Simmental de EUA durante el período que abarca este estudio (1983 a 2000).

Las correlaciones negativas entre los efectos genéticos aditivos directos y maternos encontradas para PN (-0.63) y PD (-0.39) en la población mexicana de Simmental también fueron parecidas a las de la población Simmental en EUA<sup>(9,10,11,12)</sup>. Las correlaciones genéticas aditivas entre características fueron de cero o muy cerca de cero, excepto por la correlación entre PN directo y PD directo (0.73), también similar al estimador correspondiente en la población Simmental de EUA. Tanto la covarianza fenotípica entre PN y PD (30.87 kg<sup>2</sup>) como la correlación fenotípica (0.26), son

Cuadro 1. Componente de covarianza y parámetros genéticos para peso al nacimiento y al destete en la población mexicana de Simmental

Table 1. Covariance components and genetic parameters for birth weight and weaning weight in the Mexican Simmental population<sup>a</sup>

	BWD	BWM	WWD	WWM
BWD	0.40 (7.91)	-0.63	0.73	0.00
BWM	-2.72	0.12 (2.40)	-0.02	0.00
WWD	31.09	-0.45	0.33 (228.63)	-0.39
WWM	0.00	0.00	-66.06	0.19 (128.05)

<sup>a</sup> Heritabilities (genetic variances in kg<sup>2</sup> in parenthesis) on the diagonal, genetic correlations above the diagonal, and genetic covariances (in kg<sup>2</sup>) below the diagonal.

BWD = birth weight direct; BWM = birth weight maternal; WWD = weaning weight direct; WWM = weaning weight maternal.

are shown in Table 1. The additive genetic variance for BW direct was three times bigger than that for BW maternal, yielding heritability estimates of 0.40 for BW direct and 0.12 for BW maternal. Similarly, the additive genetic variance for WW direct was twice the size of that for WW maternal, producing estimates of heritability of 0.33 for WW direct and 0.19 for WW maternal. These heritabilities were almost identical to those used in the 2003 Simmental Sire Summary for the US Simmental population (0.39 for BW direct, 0.28 for WW direct, 0.16 for WW maternal; ASA<sup>(9)</sup>). Phenotypic variances were 19.94 kg<sup>2</sup> for BW, 690.17 kg<sup>2</sup> for WW. The similarity of the Mexican and US heritability estimates suggests that Mexican producers imported a representative sample of the American Simmental population during the period covered in this study (1983 to 2000).

The negative correlations between additive direct and maternal genetic effects found for BW (-0.63) and WW (-0.39) in the Mexican Simmental population were also comparable to US Simmental values<sup>(9,10,11,12)</sup>. Across-trait additive genetic correlations were all zero or near zero except for the correlation between BW direct and WW direct

similares a los valores obtenidos para Simmental en EUA<sup>(10,11)</sup>.

Los efectos maternos ambientales permanentes no fueron importantes para PN (varianza del ambiente permanente = 0.81 kg<sup>2</sup> y la relación de la varianza ambiental permanente y la fenotípica = 0.04). Los efectos ambientales permanentes fueron más importantes para PD (varianza del ambiente permanente = 6.86 kg<sup>2</sup> y la relación de la varianza ambiental permanente y la fenotípica = 0.10). Esta relación de la varianza ambiental permanente de 0.10 para PD es similar al obtenido en EUA para machos (0.12) y hembras (0.09) como lo señalan Lee *et al.*<sup>(12)</sup>. Así, como en la población Simmental de EUA, los efectos maternos ambientales permanentes en la población mexicana de Simmental fueron sustancialmente menos importantes que los efectos aditivos directos o genéticos maternos.

Las heredabilidades y correlaciones genéticas estimadas para características predestete en la población mexicana de Simmental sugieren que la selección para efectos genéticos aditivos directos para PN y PD en la dirección apropiada (e.g., menores PN y mayores PD) debe tener éxito. La selección para PD materno también parece posible; sin embargo, el programa de selección debe vigilar las predicciones genéticas para los efectos directos y maternos, y tomar medidas para reducir el impacto de las correlaciones negativas entre los efectos aditivos directos y genéticos maternos para PN y PD en la población. Una manera de hacerlo podría ser hacer la selección de sementales en dos etapas: primero, definir un valor mínimo para la diferencia esperada en la progenie para PD materno, segundo, dentro del grupo de toros que cumplen con este criterio, escoger toros con diferencia esperada en la progenie para crecimiento directo, adecuada a las condiciones ambientales donde crecerán las crías.

#### *Tendencias genéticas*

En las Figuras 1 y 2 se muestran las tendencias para valores genéticos predichos para aditivo directo de la cría y aditivo materno de la madre para PN y PD, respectivamente. Los valores genéticos aditivos directos de crías no cambiaron entre 1981

(0.73), again similar to their corresponding estimates in the US Simmental population. The phenotypic covariance between BW and WW (30.87 kg<sup>2</sup>) and the phenotypic correlation (0.26), were both comparable to values obtained in US Simmentals<sup>(10,11)</sup>.

Permanent environmental maternal effects were not important for BW (permanent environmental variance = 0.81 kg<sup>2</sup> and ratio of permanent environmental variance to phenotypic variance = 0.04). Permanent environmental effects were more important for WW (permanent environmental variance = 6.86 kg<sup>2</sup> and ratio of permanent environmental variance to phenotypic variance = 0.10). This permanent environment ratio of 0.10 for WW was analogous to the estimates in the US for bulls (0.12) and for heifers (0.09) as reported by Lee *et al.*<sup>(12)</sup>. Thus, as in the US Simmental population, permanent environmental maternal effects in the Mexican Simmental population were substantially less important than either additive direct or maternal genetic effects.

The heritabilities and genetic correlations estimated for preweaning traits in the Mexican Simmental population suggest that selection for additive direct genetic effects for BW and WW in the appropriate direction (e.g., smaller BW and larger WW) should be successful. Selection for WW maternal also appears feasible. However, the selection program should monitor genetic predictions for direct and maternal effects, and take steps to lessen the impact of the negative correlations between additive direct and maternal genetic effects for BW and WW in the population. One such measure could be to select sires in two steps. First, define a minimum value of sire expected progeny difference for WW maternal. Second, within the set of sires that meet this criterion, choose sires whose expected progeny difference for direct growth is appropriate to the environmental conditions where their progeny will grow.

#### *Genetic trends*

Trends for predicted calf additive direct and dam additive maternal genetic values are shown in

Figura 1. Tendencias de valores genéticos aditivos directos del becerro y aditivos maternos de la madre para peso al nacimiento en la población mexicana de Simmental

Figure 1. Trends for birth weight calf additive direct (BWD) and dam additive maternal (BWM) predicted genetic values in the Mexican Simmental population

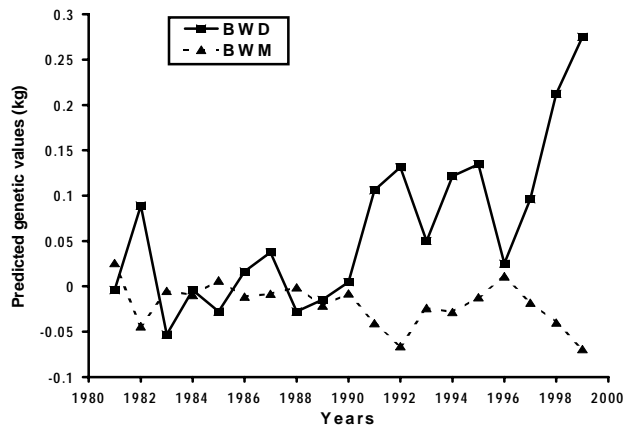
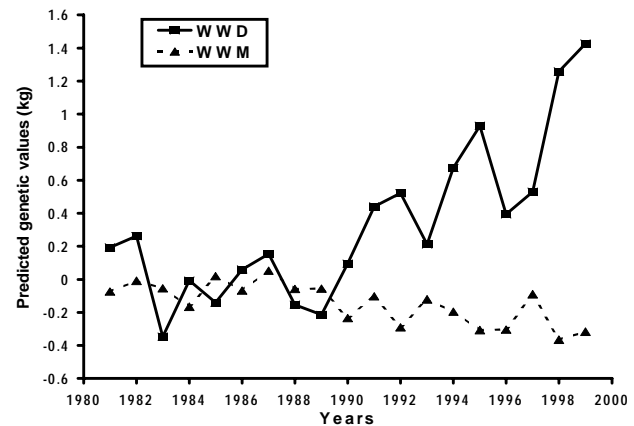


Figura 2. Tendencias de valores genéticos aditivos directos del becerro y aditivos maternos de la madre para peso al destete en la población mexicana de Simmental

Figure 2. Trends for weaning weight calf additive direct (WWD) and dam additive maternal (WWM) predicted genetic values in the Mexican Simmental population



y 1988 y tendieron a aumentar de 1989 a 1999 para PN (0.25 kg) y PD (1.40 kg). Esto sugiere que, a partir 1988, los ganaderos mexicanos pusieron más atención en diferencias esperadas en la progenie (probablemente para PD directo), al adquirir semen o sementales de la población Simmental de EUA. En contraste, en la población Simmental de EUA, los valores genéticos directos para PD directo aumentaron en aproximadamente 10 kg y los valores genéticos directos para PN se mantuvieron constantes<sup>(9)</sup>.

Los valores genéticos aditivos maternos tendieron a disminuir entre 1981 y 1999 tanto para PN (-0.07 kg) como para PD (-0.02 kg). Esta pequeña tendencia negativa puede ser consecuencia de que los ganaderos mexicanos hayan seleccionado sementales en EUA por su habilidad para crecer (i.e., por su valor genético aditivo directo), particularmente para PD, sin considerar los efectos genéticos maternos. Si los sementales seleccionados en este periodo tuvieron valores genéticos negativos para efectos genéticos maternos o “leche” materna<sup>(9)</sup>, pueden resultar tendencias genéticas negativas para efectos maternos de la madre para PN y PD, debido a las correlaciones negativas

Figure 1 for BW and in Figure 2 for WW. Trends for calf additive direct genetic values were flat between 1981 and 1988 and tended to increase from 1989 to 1999 for BW (0.25 kg) and WW (1.40 kg). These upward trends for calf BW and WW direct suggest that, since 1988, Mexican cattlemen paid more attention to expected progeny differences (probably for WW direct) when purchasing semen or sires from the US Simmental population. In contrast, the US Simmental population increased their WW direct by approximately 10 kg while maintaining their BW direct constant<sup>(9)</sup>.

Trends for dam additive maternal genetic values tended to decrease from 1981 to 1999 for both BW (-0.07 kg) and WW (-0.02 kg). These small negative trends may be a consequence of Mexican cattlemen choosing US sires primarily for their own ability to grow (i.e., for their additive direct genetic predictions), particularly for WW, regardless of their prediction for maternal genetic effects. If sires chosen during this period had negative predicted values for maternal genetic effects or maternal “milk”<sup>(9)</sup>, negative BW and WW genetic trends for dam maternal genetic effects could occur



entre efectos genéticos directos y maternos. Durante el mismo período, en la población Simmental de EUA los valores genéticos aditivos maternos aumentaron en aproximadamente 6 kg<sup>(9)</sup>.

La variabilidad genética encontrada en la población Simmental mexicana sugiere que hay una gran oportunidad para mejorar genéticamente las características predestete directas y maternas. Un programa nacional de evaluaciones genéticas seguido por un uso razonable de las predicciones genéticas y una buena estrategia de apareamientos debe resultar en tendencias genéticas sustancialmente mayores a las encontradas entre 1981 y 1999.

### CONCLUSIONES E IMPLICACIONES

La gran variabilidad genética directa y materna estimada para peso al nacimiento y al destete, sugiere que la población Simmental mexicana podría responder rápidamente en programas de selección para mejorar pesos al destete. Se debe tener cuidado en seleccionar toros con bajos valores genéticos para peso al nacimiento directo para evitar dificultades al parto. Además, los toros seleccionados deben tener valores genéticos para peso al destete materno adecuados, de otra manera la producción de leche puede disminuir sustancialmente debido a la correlación genética negativa entre los efectos directos y maternos. En evaluaciones genéticas futuras también se deben considerar otras características como peso al año, características de canal y reproductivas para tener un programa de mejoramiento genético más completo.

because of negative correlations between direct and maternal genetic effects. During the same period, the US Simmental population increased their dam additive maternal genetic values by approximately 6 kg<sup>(9)</sup>.

The amounts of genetic variability found in the Mexican Simmental population suggest that there is ample opportunity for genetic improvement for preweaning direct and maternal growth traits. A national genetic evaluation program followed by judicious use of genetic predictions and sound-mating strategies should yield substantially higher genetic trends than those found between 1981 and 1999.

### CONCLUSIONS AND IMPLICATIONS

The large amounts of genetic variability estimated for birth weight and weaning weight direct and maternal traits suggest that the Mexican Simmental population could quickly respond to selection programs to improve weaning weights. Care should be taken to choose sires with low genetic predictions for birth weight direct to avoid calving difficulties. Further, selected sires should have an appropriate predicted genetic value for weaning maternal genetic effects, else milk yield could decrease substantially because of the negative genetic correlation between direct and maternal effects. Other traits such as yearling weight, carcass traits, and reproductive traits should also be considered in future genetic evaluations in order to have a more comprehensive genetic improvement program.

*End of english version*

### LITERATURA CITADA

1. The British Simmental Cattle Society Limited. Simmental: the dual purpose breed for beef and milk, both for pure and crossbreeding. 2003. [online]. <http://www.britishsimmental.co.uk/breed/index.html>. Accessed August 25, 2003.
2. SAGAR. Secretaría de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural. Programa Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios. Mexico. 1998.
3. BIF. Beef Improvement Federation. Guidelines for Uniform Beef Improvement Programs. 7<sup>th</sup> ed. Kansas State Univ, Kansas. 1996.
4. Misztal, I. RENUM-data preparation program for sire and animal models. University of Illinois, Urbana, IL. 1993.
5. Elzo, MA. Multibreed Connectedness Program CSET (version 11/21/2001). Animal Breeding Mimeo Series, No. 54, University of Florida, Gainesville. 2002.
6. Graser HU, Smith SP, Tier B. A derivative-free approach for estimating variance components in animal models by restricted maximum likelihood. *J Anim Sci* 1987;(4):1362-1370.
7. Boldman KG, Kriese LK, Van Vleck LD, Van Tassel CP, Kachman SD. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. USDA, Agric Res Serv. 1995.
8. Smith C. Estimation of genetic change in farm livestock using field records. *Anim Prod* 1962;(4):239-251.

9. ASA. American Simmental Association. Multi-breed International Cattle Evaluation. Spring 2003 Simmental/Simbrah Sire Summary. 2003. [online]. <http://www.simmental.org/asadata/s03ss.pdf>. Accessed August 20, 2003.
10. Elzo MA, Pollak EJ, Quaas RL. Genetic parameter estimates for weight and calving ease traits in the Simmental population. Mimeo. Cornell University, Ithaca. 1986.
11. Garrick DJ, Pollak EJ, Quaas RL, Van Vleck LD. Variance heterogeneity in direct and maternal weight traits by sex and percent purebred for Simmental-sired calves. *J Anim Sci* 1989;(67):2515-2528.
12. Lee C, Van Tassell CP, Pollak EJ. Estimation of genetic variance and covariance components for weaning weight in Simmental cattle. *J Anim Sci* 1997;(75):325-330.