

Parámetros genéticos para circunferencia escrotal, edad a la pubertad en vaquillas y tasa de destete en varias razas de bovinos productores de carne

Genetic parameters for scrotal circumference, age at puberty in heifers and weaning rate in several breeds of beef cattle

Guillermo Martínez Velázquez^a, Keith Edward Gregory^b, Gary Lee Bennett^b, Lloyd Dale Van Vleck^c

RESUMEN

Se utilizaron datos de circunferencia escrotal (CE, n=7,580), edad a la pubertad en vaquillas (EP, n=5,292) y tasa de destete para hembras de primer parto (TD, n=7,003) para estimar heredabilidades y correlaciones genéticas, con datos obtenidos en Clay Center, Nebraska, E.U.A. entre 1978 y 1991. Cinco subconjuntos de datos fueron generados del archivo original. Tres subconjuntos agruparon razas similares y dos subconjuntos agruparon razas parentales y compuestas. Los grupos fueron: Charolais (C), Limousin (L) y MARC I (Grupo 1); Simmental (S), Gelbvieh (G), Braunvieh (B) y MARC II (Grupo 2); Hereford (H), Angus (A), Pinzgauer (P), Red Poll (R) y MARC III (Grupo 3); C, L, S, G, B, H, A, P, R (Grupo 4) y MARC I, MARC II y MARC III (Grupo 5). Para estimar los componentes de varianza se utilizó un modelo animal para múltiples características que incluyó como efectos aleatorios: efecto genético directo, genético materno, ambiental permanente materno y el error, utilizando la metodología de máxima verosimilitud restringida libre de derivadas. Las heredabilidades fluctuaron entre 0.35 ± 0.06 y 0.50 ± 0.07 ; entre 0.08 ± 0.05 y 0.26 ± 0.09 , y entre 0.09 ± 0.04 y 0.12 ± 0.04 para CE, EP y TD. Las correlaciones genéticas entre CE y EP y entre CE y TD fueron -0.41 ± 0.22 y 0.22 ± 0.13 (Grupo 1), -0.09 ± 0.05 y -0.03 ± 0.03 (Grupo 2), 0.19 ± 0.14 y 0.04 ± 0.03 (Grupo 3), 0.03 ± 0.07 y -0.02 ± 0.01 (Grupo 4) y -0.28 ± 0.14 y 0.20 ± 0.11 (Grupo 5). Las correlaciones genéticas entre EP y TD fueron -0.08 ± 0.07 , 0.02 ± 0.02 , 0.42 ± 0.24 , 0.30 ± 0.13 y -0.22 ± 0.14 para los Grupos 1, 2, 3, 4 y 5. Las correlaciones estimadas indican asociaciones genéticas poco importantes entre las características estudiadas.

PALABRAS CLAVE: Bovinos carne, Fertilidad, Heredabilidad, Correlaciones genéticas.

ABSTRACT

Records for yearling scrotal circumference (SC, n=7,580), age at puberty in heifers (AP n=5,292), and weaning rate for cows at first calving (WR1, n=7,003) from 12 *Bos taurus* breeds collected in Clay Center, Nebraska, U.S.A., between 1978 and 1991, were used to estimate heritabilities and genetic correlations. Five data subsets were generated from the main data set. Three subsets corresponded to groups of similar breeds and two subsets grouped parental and composite breeds. Groups were: (Group 1) Charolais (C), Limousin (L), and MARC I composite; (Group 2) Simmental (S), Gelbvieh (G), Braunvieh (B), and MARC II composite; (Group 3) Hereford (H), Angus (A), Pinzgauer (P), Red Poll (R), and MARC III composite; (Group 4) C, L, S, G, B, H, A, P, R, and (Group 5) MARC I, MARC II, and MARC III composites. A multiple trait animal model was used which included as random effects direct genetic, maternal genetic, maternal permanent environmental, and residual. Variance components were estimated by the restricted maximum likelihood procedure. Heritabilities for SC, AP and WR1 were between 0.35 ± 0.06 and 0.50 ± 0.07 ; 0.08 ± 0.05 and 0.26 ± 0.09 , and 0.09 ± 0.04 and 0.12 ± 0.04 . Genetic correlations between SC and AP and between SC and WR1 were -0.41 ± 0.22 and 0.22 ± 0.13 (Group 1), -0.09 ± 0.05 and -0.03 ± 0.03 (Group 2), 0.19 ± 0.14 and 0.04 ± 0.03 (Group 3), 0.03 ± 0.07 and -0.02 ± 0.01 (Group 4), and -0.28 ± 0.14 and 0.20 ± 0.11 (Group 5). Direct genetic correlations between AP and WR1 were -0.08 ± 0.07 , 0.02 ± 0.02 , 0.42 ± 0.24 , 0.30 ± 0.13 , and -0.22 ± 0.14 for Groups 1, 2, 3, 4, and 5, respectively. Estimates of genetic correlations indicate low genetic links among traits.

KEY WORDS: Beef cattle, Fertility, Heritability, Genetic correlations.

Recibido el 15 de septiembre de 2003 y aceptado para su publicación el 25 de noviembre de 2003.

a Campo Experimental "El Verdineño", Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Km 7.5 Carretera Navarrete-Sauta, 63570 Santiago Ixcuintla, Nayarit, México. Tel y fax (323) 23 47800. gmvlus@yahoo.com. Correspondencia al primer autor.

b USDA, ARS, Roman L. Hruska U.S. Meat Animal Research Center.

c Department of Animal Science, University of Nebraska.

INTRODUCCIÓN

La variación genética para características reproductivas entre razas de bovinos productores de carne, ha sido documentada por diferentes autores^(1,2,3). Varios estudios también han sugerido la posibilidad de mejorar la fertilidad de este tipo de ganado, a través de seleccionar sementales utilizando como criterio la circunferencia escrotal^(4,5,6,7), lo cual se ha justificado porque es fácil de medir, muestra variabilidad genética aditiva y puede tener asociaciones genéticas con algunas características que determinan la fertilidad en las hembras. Ejemplo de estas asociaciones son los resultados obtenidos en una población de vaquillas Hereford y Angus, que mostraron correlaciones genéticas importantes de -0.39, 0.53 y 0.34 entre circunferencia escrotal y edad al primer estro, tasa de gestación en vaquillas y tasa de gestación durante la vida reproductiva de la vaca⁽⁶⁾. Un estudio realizado con ganado Hereford determinó correlaciones genéticas de -0.55, 0.62 y -0.66 entre circunferencia escrotal y edad al primer empadre, tasa de gestación en vaquillas y edad al primer parto⁽⁵⁾.

Considerando que la respuesta a la selección indirecta depende de las heredabilidades y correlaciones genéticas entre variables, es importante estimar esta clase de parámetros para circunferencia escrotal y ciertas características de fertilidad en las hembras, y así poder predecir la respuesta que sobre la fertilidad de las vacas tenga el uso de sementales seleccionados por su circunferencia escrotal. Por otro lado, la estimación de este tipo de correlaciones genéticas permitirá evaluar el impacto global de incluir circunferencia escrotal en los programas de selección.

Como una contribución al conocimiento de las relaciones genéticas entre la fertilidad de machos y hembras en varias poblaciones de bovinos productores de carne, los objetivos del presente estudio fueron estimar heredabilidades para, y correlaciones genéticas entre, circunferencia escrotal, edad a la pubertad en vaquillas y tasa de destete para hembras de primer parto.

MATERIALES Y MÉTODOS

Los datos se obtuvieron de nueve razas puras Hereford, H; Angus, A; Red Poll, R; Limousin, L;

INTRODUCTION

Genetic variation for reproductive traits among beef cattle breeds has been documented by different authors^(1,2,3). The possibility of increasing fertility in beef cattle by means of bull selection for scrotal circumference has been suggested in several studies^(4,5,6,7), and justified because it is easy to measure, it shows additive genetic variability and can be genetically related to certain traits that determine fertility in females. Some examples of these associations are results obtained in Hereford and Angus heifers which, showed important genetic correlations, -0.9, 0.53 and 0.34 between scrotal circumference and age at first oestrus, conception rate in heifers and conception rate throughout a cow's reproductive life⁽⁶⁾. A study carried out on Hereford cattle determined genetic correlations of -0.55, 0.62 and -0.66 between scrotal circumference and age at first breeding, conception rate and age at first calving in heifers⁽⁵⁾.

Taking into account that response to indirect selection is dependent on heritabilities and genetic correlations among variables, it should be important to estimate these parameters for scrotal circumference and certain fertility traits in females and therefore being able to predict a response on fertility in females when using bulls selected for scrotal circumference. On the other hand, to estimate these genetic correlations will allow assessing a global impact for inclusion of scrotal circumference on beef cattle selection programs.

As a contribution to knowledge of genetic relationship between male and female fertility in several beef cattle populations, the objectives of the present study were to estimate heritabilities for, and genetic correlations between scrotal circumference, age at puberty in heifers and weaning rate for cows at first calving.

MATERIALS AND METHODS

Data were collected from nine pure breeds (Hereford H, Aberdeen Angus A, Red Poll R, Limousin L, Simmental S, Charolais C, Pinzgauer P, Gelviah G and Braunvieh B) and three composite breeds to which the nine pure breeds contributed

Simmental, S; Charolais, C; Pinzgauer, P; Gelbvieh, G; y Braunvieh, B) y tres razas compuestas formadas con diferentes contribuciones de las nueve razas puras (MARC I = 1/4 B, 1/4 C, 1/4 L, 1/8 H, 1/8 A; MARC II = 1/4 G, 1/4 S, 1/4 H, 1/4 A y MARC III = 1/4 R, 1/4 P, 1/4 H, 1/4 A). Las 12 razas pertenecían al Centro de investigaciones de animales para carne (MARC-USDA), ubicado en Clay Center, Nebraska, E.U.A. Los orígenes y el manejo de las 12 razas han sido descritos por Gregory *et al.*⁽⁸⁾. Las características analizadas fueron: circunferencia escrotal medida a los 12 meses de edad (CE), edad a la pubertad en vaquillas (EP) y tasa de destete en hembras de primer parto (TD). La edad a la pubertad se definió como la edad de la hembra en días al momento en que se detectó el primer estro ovulatorio. La circunferencia escrotal se midió (cm) en los machos a los 358 días de edad, en promedio. La tasa de destete se codificó como uno cuando la hembra destetó una cría, dado que había estado en el empadre correspondiente, y se codificó como cero en caso contrario. Los datos se obtuvieron entre 1978 y 1991 e incluyeron 7,580 mediciones de CE, 5,292 registros de EP y 7,003 registros para TD. Cinco subconjuntos de datos fueron generados a partir de la base de datos original. En principio los datos se dividieron en tres archivos, generando así tres grupos que incluían registros de razas similares dentro de cada grupo. La producción de leche y el peso adulto fueron los criterios para definir similitud entre razas⁽¹⁾. Posteriormente los datos se reagruparon en dos archivos para formar dos grupos que incluían la información de las nueve razas parentales y las tres razas compuestas. Los cinco grupos quedaron como sigue: C, L y MARC I (Grupo 1); S, G, B y MARC II (Grupo 2); H, A, P, R y MARC III (Grupo 3); las nueve razas parentales (Grupo 4) y las tres razas compuestas (Grupo 5). En el Cuadro 1 se presenta el número de registros, número de sementales, las medias no ajustadas y las desviaciones estándar correspondientes para CE, EP y TD en cada uno de los cinco grupos estudiados.

Con base en análisis preliminares⁽⁹⁾ se determinaron los efectos fijos a incluir en los modelos mixtos utilizados en los análisis finales. Se consideraron diferentes efectos fijos y las interacciones de primer orden en función de la característica a analizar, y con base en su nivel de significancia ($P < 0.10$). El modelo

(MARC I = 1/4 B, 1/4 C, 1/4 L, 1/8 H, 1/8 A; MARC II = 1/4 G, 1/4 S, 1/4 H, 1/4 A and MARC III = 1/4 R, 1/4 P, 1/4 H, 1/4 A). All 12 breeds belonged to the Meat Animal Research Center (MARC-USDA) at Clay Center, Nebraska, USA. The origin and management of these breeds has been described by Gregory *et al.*⁽⁸⁾. Traits studied were: scrotal circumference at 12 mo of age (SC), age at puberty in heifers (AP) and weaning rate for cows at first calving (WR1). Age at puberty was determined as age in days at first detected ovulatory oestrus. Scrotal circumference was taken in cm at 358 d of age, on average. Weaning rate was codified as one if the female weaned a calf given exposure to breeding during the first breeding season and as zero, otherwise. Data were collected between 1978 and 1991 and included 7,580 records for SC, 5,292 records for AP and 7,003 for WR1. Five subsets of data were generated from the original data set. Three subsets corresponded to groups including records of similar breeds in each group. Milk production and mature weight were the criteria used to define similarity among breeds⁽¹⁾. Afterwards, data were regrouped in two files to form two groups that included information on all nine parental and the three composite breeds. The five groups were as follows: C,L and MARC I (Group 1); S, G, B and MARC II (Group 2); H, A, P, R and MARC III (Group 3); the nine parental breeds (Group 4) and the three composite breeds (Group 5). Number of records, number of bulls, unadjusted means and standard deviations for SC, AP and WR1, corresponding to the five groups, are presented in Table 1.

Preliminary analyses were used⁽⁹⁾ to determine appropriate fixed effects for final mixed model analyses. Different fixed effects and first order interactions were considered depending on the trait to be analyzed and its significance level ($P < 0.10$). The final model for SC included the following fixed effects: cow age (EV), bull's year of birth, breed (RA), first order interactions (IC) and age in days at the measurement as linear and quadratic covariables. Fixed effects included in the model for AP were EV, heifer's year of birth, RA, IC and month of birth. Final model for WR1 included age at breeding, year of breeding, RA and IC. Genetic parameters were estimated using a multiple

final para CE incluyó los efectos fijos de edad de la vaca (EV), año de nacimiento del torete, raza (RA), las interacciones de primer orden (IC) y edad en días al momento de la medición como covariable lineal y cuadrática. Los efectos fijos incluidos en el modelo usado para EP fueron EV, año de nacimiento de la vaquilla, RA, IC y mes de nacimiento, mientras que el modelo final para TD incluyó la edad al momento del empadre, el año de empadre, RA e IC. Los parámetros genéticos se estimaron utilizando un modelo animal para características múltiples⁽¹⁰⁾. Para todas las características los efectos aleatorios incluidos en el modelo final fueron el efecto genético directo, efecto genético materno, efecto ambiental permanente materno y el error. El modelo animal para dos características (animales dentro de característica) fue el siguiente:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} g_1 \\ g_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} M_1 & 0 \\ 0 & M_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

En donde:

y_i es el vector de observaciones para la característica i , b_i es el vector de efectos fijos para la característica i , g_i es el vector de efectos genéticos aditivos directos de los animales para la característica i , m_i y p_i son vectores de efectos genéticos aditivos maternos y de ambiente materno permanente para la característica i , X_i , Z_i , M_i , W_i son matrices conocidas de incidencia que relacionan las observaciones con los efectos fijos y aleatorios para la característica i (a Z_i , y M_i se les agregaron columnas de ceros para los animales sin registros que se incluyeron en la matriz de parentesco), e_i es el vector de efectos residuales para la característica i .

Los supuestos para el primero y segundo momentos del modelo fueron:

$$E \begin{bmatrix} y \\ u \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad y \quad V \begin{bmatrix} u \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_0 \otimes A & & 0 \\ & P_0 \otimes I_p & \\ 0 & & R_N \end{bmatrix}$$

en donde:

$u = [g' m']'$, A es la matriz de relaciones genéticas aditivas entre los animales en el pedigrí, \otimes es el operador del producto directo entre matrices, G_0 es la matriz genética aditivo-materna de varianzas y covarianzas. I_p es una matriz identidad con orden

Cuadro 1. Número de registros y de sementales para circunferencia escrotal, edad a la pubertad en vaquillas y tasa de destete en vacas de primer parto

Table 1. Number of records and sires, unadjusted means and standard deviations (SD) for scrotal circumference (SC), age at puberty in heifers (AP) and weaning rate (WR) for cows at first calving

| | Records | Sires | Means \pm SD |
|----------------------|---------|-------|--------------------|
| Group 1 ^a | | | |
| SC, cm | 2,013 | 198 | 31.53 \pm 3.21 |
| AP, days | 1,190 | 150 | 360.07 \pm 27.85 |
| WR | 1,817 | 170 | 0.56 \pm 0.49 |
| Group 2 ^b | | | |
| SC, cm | 2,772 | 250 | 33.68 \pm 2.69 |
| AP, days | 1,966 | 208 | 350.16 \pm 24.39 |
| WR | 2,412 | 219 | 0.61 \pm 0.48 |
| Group 3 ^c | | | |
| SC, cm | 2,795 | 266 | 32.27 \pm 2.68 |
| AP, days | 2,136 | 218 | 359.51 \pm 28.30 |
| WR | 2,774 | 236 | 0.59 \pm 0.49 |
| Group 4 ^d | | | |
| SC, cm | 4,118 | 429 | 32.01 \pm 3.09 |
| AP, days | 2,924 | 370 | 358.77 \pm 28.61 |
| WR | 4,277 | 413 | 0.58 \pm 0.49 |
| Group 5 ^e | | | |
| SC, cm | 3,462 | 285 | 33.28 \pm 2.66 |
| AP, days | 2,368 | 206 | 352.94 \pm 24.97 |
| WR | 2,726 | 212 | 0.61 \pm 0.48 |

a Charolais, Limousin y MARC I.

b Simmental, Gelbvieh, Braunvieh y MARC II.

c Hereford, Angus, Pinzgauer, Red Poll y MARC III.

d Hereford, Angus, Pinzgauer, Red Poll, Limousin, Simmental, Charolais, Gelbvieh y Braunvieh.

e MARC I, MARC II y MARC III.

trait animal model⁽¹⁰⁾. For all traits, random effects in the final model were direct genetic, maternal genetic, maternal permanent environmental, and residual. The two trait animal model (animals within traits) was as follows:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} g_1 \\ g_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} M_1 & 0 \\ 0 & M_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Where y_i is the vector of observations for trait i , b_i is the vector of fixed effects for trait i , g_i is the vector of random additive genetic effects of animals for trait i and m_i and, p_i are vectors of random

igual al número de vacas que tuvieron progenie con registro, P_0 es una matriz de covarianzas entre los ambientes maternos permanentes para las dos características y R_N es una matriz de varianzas y covarianzas residuales.

Para estimar los parámetros genéticos se utilizó un algoritmo para características múltiples, libre de derivadas, que permite obtener estimadores de máxima verosimilitud restringida⁽¹¹⁾. Se utilizó un modelo lineal sin considerar la distribución binomial para TD al no disponer de un programa computacional que permitiera analizar variables continuas y binomiales de manera simultánea. Por otro lado, existen estudios que muestran diferencias mínimas al comparar modelos lineales y no lineales en la estimación de parámetros genéticos generados al analizar una misma característica como continua o discreta^(12,13,14). Se realizaron análisis con un modelo animal para dos características considerando pares que combinaban CE, EP y TD (tres análisis en cada uno de los cinco grupos raciales). Los valores iniciales para los estimadores de los componentes de varianza en los análisis bivariados se obtuvieron de análisis univariados. El criterio de convergencia fue 1×10^{-6} basado en la varianza del logaritmo de la función de verosimilitud. Para verificar que la convergencia fuera en un máximo global y no en un máximo local, los análisis se reiniciaron usando los estimadores de los parámetros como nuevos valores iniciales hasta que el valor de la varianza del logaritmo de la función de verosimilitud no cambió en las primeras dos posiciones decimales. Lo anterior considerando que en cada reinicio los análisis parten del último valor estimado para cada varianza, incrementándolo en 20 %, evitando de esta manera la convergencia en un máximo local.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Heredabilidades

Los estimadores de la varianza fenotípica, de la proporción de la varianza debida a efectos ambientales permanentes maternos y de las heredabilidades directa y materna para CE, EP y TD se presentan en el Cuadro 2. Los tres primeros

maternal additive genetic effects and permanent maternal environmental effects for trait i , X_i , Z_i , M_i , W_i are known incidence matrices relating the observations to random and fixed effects for trait i (Z_i and M_i were augmented with columns of zeroes for animals without records that were included in the relationship matrix), e_i is the vector of random residual effects for trait i .

The first and second moments of the model were assumed to be:

$$E \begin{bmatrix} y \\ u \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix} \quad y \quad V \begin{bmatrix} u \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_0 \otimes A & & 0 \\ & P_0 \otimes I_p & \\ 0 & & R_N \end{bmatrix}$$

Where:

$u = [g' \ m']'$, A is the matrix of additive genetic relationship among animals in the pedigree \otimes is the right direct product operator among matrices, G_0 is the additive-maternal genetic variance-covariance matrix, I_p is an identity matrix with order number of dams having progeny with records, P_0 a covariance matrix among maternal permanent environmental effects for the two traits and R_N is a residual variance and covariance matrix.

In order to estimate the genetic parameters a multiple trait derivative-free algorithm was used to obtain restricted maximum likelihood estimates⁽¹¹⁾. A linear model without a binomial distribution was used for WR1. No attempt was made to use a threshold model for WR1 because appropriate software to do one continuous and one binary trait simultaneously, was not available. On the other hand, several studies have reported no major differences when comparing linear and non linear models in the genetic analyses of discrete traits^(12,13,14). Analyses for a two trait animal model were carried out for all pairs of SC, AP, and WR1 (three analyses for each of the five groups of breeds). Starting values for estimates of variance components in bivariate analyses were obtained from univariate analyses. Convergence criterion was 1×10^{-6} based on the variance of the likelihood function logarithm. To check for convergence to a local rather than to a global maximum, the analyses were restarted using the resulting estimates of the

grupos corresponden a razas con niveles de producción de leche bajos⁽¹⁾ (Grupo 1), intermedios (Grupo 3) y altos (Grupo 2); los otros corresponden a las nueve razas parentales (Grupo 4) y las tres razas compuestas (Grupo 5).

Los estimadores de heredabilidad directa para CE fueron de 0.38 ± 0.08 , 0.41 ± 0.07 , 0.45 ± 0.07 , 0.35 ± 0.06 , y 0.50 ± 0.07 para los cinco grupos, respectivamente. Valores similares han sido reportados en poblaciones Hereford, Angus y Limousin con estimadores fluctuando entre 0.36 ± 0.06 y 0.48 ± 0.05 ^(5,15,17). Valores más altos de

parameters as new starting values until the variance of the likelihood function logarithm did not change in the first two decimal positions. This was due to the fact that in each restart, analyses begin from the last estimated value for each variance, increasing it by 20 %, thus avoiding convergence to a local maximum.

RESULTS AND DISCUSSION

Heritabilities

Estimate of phenotypic variance, proportion of variance due to maternal permanent environmental

Cuadro 2. Estimadores de varianza fenotípica (α_p^2), varianza relativa del ambiente permanente materno (p^2), correlaciones genéticas directo-maternas dentro de característica (r_{d-m}) y heredabilidad directa (h_d^2) y materna (h_m^2) para características reproductivas

Table 2. Estimates of phenotypic variance (α_p^2), relative maternal permanent environmental variance (p^2), direct-maternal genetic correlations within trait (r_{d-m}) and direct (h_d^2) and maternal (h_m^2) heritability for reproductive traits

| | h_d^2 | r_{d-m} | h_m^2 | p^2 | α_p^2 |
|----------------------|-----------------|-----------|-----------------|-------|--------------|
| Group 1 ^a | | | | | |
| SC, cm | 0.38 ± 0.08 | -0.38 | 0.02 ± 0.04 | 0.00 | 6.28 |
| AP, days | 0.26 ± 0.09 | -0.77 | 0.06 ± 0.06 | 0.08 | 429.66 |
| WR (0, 1) | 0.16 ± 0.05 | -0.69 | 0.03 ± 0.03 | 0.00 | 0.2243 |
| Group 2 ^b | | | | | |
| SC, cm | 0.41 ± 0.07 | 0.04 | 0.09 ± 0.04 | 0.00 | 6.30 |
| AP, days | 0.13 ± 0.07 | -0.71 | 0.03 ± 0.04 | 0.01 | 335.56 |
| WR (0, 1) | 0.09 ± 0.05 | -0.66 | 0.01 ± 0.03 | 0.00 | 0.2292 |
| Group 3 ^c | | | | | |
| SC, cm | 0.45 ± 0.07 | -0.24 | 0.08 ± 0.04 | 0.05 | 5.27 |
| AP, days | 0.08 ± 0.05 | 0.16 | 0.01 ± 0.03 | 0.00 | 371.82 |
| WR (0, 1) | 0.12 ± 0.04 | -0.88 | 0.01 ± 0.03 | 0.01 | 0.2228 |
| Group 4 ^d | | | | | |
| SC, cm | 0.35 ± 0.06 | 0.06 | 0.07 ± 0.03 | 0.00 | 5.64 |
| AP, days | 0.11 ± 0.05 | -0.23 | 0.03 ± 0.04 | 0.00 | 397.25 |
| WR (0, 1) | 0.13 ± 0.04 | -0.70 | 0.01 ± 0.03 | 0.01 | 0.223737 |
| Group 5 ^e | | | | | |
| SC, cm | 0.50 ± 0.07 | -0.28 | 0.08 ± 0.03 | 0.00 | 6.26 |
| AP, days | 0.21 ± 0.07 | -0.82 | 0.03 ± 0.04 | 0.00 | 342.45 |
| WR (0, 1) | 0.09 ± 0.03 | -0.88 | 0.01 ± 0.03 | 0.00 | 0.228282 |

a Charolais, Limousin and MARC I.

b Simmental, Gelbvieh, Braunvieh and MARC II.

c Hereford, Angus, Pinzgauer, Red Poll and MARC III.

d Hereford, Angus, Pinzgauer, Red Poll, Limousin, Simmental, Charolais, Gelbvieh and Braunvieh.

e MARC I, MARC II y MARC III.

SC = scrotal circumference; AP = age at puberty; WR = weaning rate for cows at first calving.

heredabilidad para CE han sido publicados por diferentes autores^(18,19,20,21) para toros Hereford y toros cruzados, con estimadores de 0.53 hasta 0.71. En contraste, otros estudios señalan que la CE medida al año de edad presenta una heredabilidad moderada en poblaciones cebú y poblaciones cruzadas; así, Meyer *et al.*⁽¹⁸⁾ y Morris *et al.*⁽⁶⁾ analizando datos de toretes cruzados reportaron estimadores de 0.26 y 0.29 ± 0.07 , respectivamente, para CE al año de edad. Otros autores^(22,23), trabajando con información generada por ganado Nelore y Brahman, encontraron estimadores de 0.25 y 0.28 para circunferencia escrotal en toros de 12 y 18 meses de edad, respectivamente. Los estimadores de heredabilidad directa obtenidos en el presente análisis para CE en los diferentes grupos raciales, indican que esta característica puede responder fácilmente a la selección directa.

Los estimadores de heredabilidad directa sugieren que EP es una característica de baja a moderada heredabilidad; los encontrados para el Grupo 1 (0.26 ± 0.09), Grupo 2 (0.13 ± 0.07) y Grupo 3 (0.08 ± 0.05) sugieren que la mayor respuesta a la selección para disminuir EP puede ocurrir en razas con bajos niveles de producción de leche (Grupo 1) comparada con la respuesta para razas con niveles intermedios y altos (Grupos 2 y 3, respectivamente). Un experimento realizado en Nebraska⁽¹⁾ reportando también datos de MARC-USDA, se encontró que razas que han sido seleccionadas para producción de leche alcanzan la pubertad a menor edad comparadas con razas que no fueran seleccionadas. Los estimadores de heredabilidad directa para EP que se muestran en el Cuadro 2 sugieren una mayor respuesta a la selección para disminuir EP en las poblaciones compuestas (Grupo 5) comparadas con las razas parentales (Grupo 4).

Estimadores de EP similares a los aquí presentados han sido publicados por otros autores, con valores fluctuando entre 0.10 ± 0.17 y 0.27 ± 0.04 en ganado Hereford⁽¹⁵⁾ y Angus de Nueva Zelanda^(16,17,24). Valores ligeramente mayores fueron encontrados en dos poblaciones cruzadas^(6,25) y una Charolais⁽²⁶⁾ (0.33 ± 0.12 , 0.31 ± 0.04 y

effects and direct and maternal heritabilities for SC, PA and WR1 are presented in Table 2. The first three groups correspond to breeds having low⁽¹⁾ (Group 1), intermediate (Group 3) and high (Group 2) levels of milk production; the remaining groups correspond to the nine parental (Group 4) and the three composite breeds (Group 5).

Estimates of direct heritability for SC were 0.38 ± 0.08 , 0.41 ± 0.07 , 0.45 ± 0.07 , 0.35 ± 0.06 and 0.50 ± 0.07 for the five groups, respectively. Similar values have been reported for Hereford, Aberdeen Angus and Limousin populations by different authors^(18,19,20,21) Higher estimates of heritability for yearling SC were reported for crossbred and Hereford bulls, with values ranging from 0.53 to 0.71. In contrast, other studies have reported yearling SC to be moderately heritable in crossbred and Zebu populations, like this, Meyer *et al.*⁽¹⁸⁾ and Morris *et al.*⁽⁶⁾ when analyzing data from crossbred bulls report estimates of 0.26 and 0.29 ± 0.07 , respectively for SC at one year of age. Other authors^(22,23), working with information from Nelore and Brahman breeds, found estimates of 0.25 and 0.28 for SC of bulls at 12 and 18 mo of age, respectively. Estimates of direct heritability from the present study for yearling SC for the five breed groups indicate that this trait should respond readily to direct selection.

Estimates of direct heritability suggest AP to be a lowly to moderately heritable trait. Estimates found for Group 1 (0.26 ± 0.09), Group 2 (0.13 ± 0.07) and Group 3 (0.08 ± 0.05) suggest that more response to selection for earlier AP could be expected for breeds with low levels of milk production (Group 1) than for breeds with intermediate and high levels of milk production (Groups 2 and 3, respectively). An experiment carried out in Nebraska⁽¹⁾ also using data from MARC-USDA found that breed groups selected for milk production reach puberty at younger ages than breed groups that have not been selected for milk production. Estimates of direct heritability for AP in Table 2 suggest that more response to selection for earlier AP could be expected for composite populations (Group 5) than for parental breeds (Group 4).

0.33 ± 0.09, respectivamente). En contraste, estudios previos realizados también en MARC-USDA^(27,28,29) aportaron valores más altos (entre 0.41 ± 0.17 y 0.61 ± 0.17). Una heredabilidad promedio de 0.40 fue publicada a partir de un trabajo, en el cual los autores analizaron información generada en diferentes experimentos y para diferentes razas de bovinos productores de carne⁽³⁾. Los resultados del presente estudio sugieren que EP puede responder mejor a la selección directa en el Grupo 1 (Limousin, Charolais y MARC III) y el Grupo 5 (razas compuestas) comparados con los grupos 2, 3 y 4.

Los estimadores de heredabilidad directa para TD sugieren que esta característica puede responder a la selección más rápidamente en el Grupo 1 (Limousin, Charolais, y MARC I) que en el Grupo 2 (Simmental, Gelbvieh, Braunvieh, y MARC II). Para el Grupo 3 (Hereford, Angus, Pinzgauer, Red Poll, y MARC III) se esperaría una respuesta intermedia.

Coincidiendo con el presente estudio, heredabilidades de 0.07, 0.11 y 0.17 fueron publicadas para TD de vacas Hereford, Angus, y vacas cruzadas⁽¹⁸⁾. Por otro lado, una media ponderada de 0.17 ± 0.01 para heredabilidad del porcentaje de becerros destetados fue reportada por Koots *et al.*⁽³⁾. En contraste, una heredabilidad de -0.01 ± 0.13 fue estimada para porcentaje de producción de becerros destetados, nacidos de hembras cruzadas, después de su primer empadre⁽³⁰⁾.

Los diferentes valores de heredabilidad directa estimados en las tres variables analizadas reflejan la existencia, entre las cinco poblaciones estudiadas, de diferente variabilidad genética aditiva para cada característica.

Los estimadores de heredabilidad materna para CE, EP y TD fluctuaron entre 0.01 ± 0.03 y 0.09 ± 0.04; estimadores ligeramente mayores fueron reportados para mediciones de CE en toretes Hereford y Brangus al año de edad, con valores de 0.12 y 0.10, respectivamente⁽¹⁹⁾. Los resultados del presente estudio sugieren que muy poca de la variabilidad que existe en CE, EP y TD, se debe a efectos genéticos maternos.

Similar estimates of AP to those found in the present study have been reported by other authors, with values fluctuating between 0.10 ± 0.17 and 0.27 ± 0.04 for Hereford and Aberdeen Angus in New Zealand^(16,17,24). Slightly higher values were reported in two crossbred^(6,25) and one Charolais⁽²⁶⁾ population (0.33 ± 0.12, 0.31 ± 0.04 and 0.33 ± 0.09, respectively). In contrast, previous studies also from MARC-USDA^(27,28,29) reported larger estimates of direct heritability for AP (between 0.41 ± 0.17 and 0.61 ± 0.17). An average heritability estimate of 0.40 was published in a study which summarized data generated in different experiments and with different beef breeds⁽³⁾. Results from the present study suggest that AP could respond better to direct selection in Group 1 (L, C, and MARC III) and Group 5 (composite breeds) compared to Groups 2, 3, and 4.

Estimates of direct heritability for WR1 suggest that this trait could respond to direct selection more quickly in Group 1 (L,C and MARC I) than in Group 2 (S, G, B and MARC II). An intermediate response could be expected for Group 3 (H, A, P, R and MARC III).

In agreement with the present study, heritabilities of 0.07, 0.11 and 0.17 for WR1 were reported for Hereford, Aberdeen Angus and crossbred cows⁽¹⁸⁾. On the other hand, a weighted mean estimate of heritability of 0.17 ± 0.01 for percentage of calves weaned was reported by Koots *et al.*⁽³⁾. In contrast, a heritability estimate of -0.01 ± 0.13 for percent calf crop weaned was obtained for the first year reproductive performance of crossbred females⁽³⁰⁾.

Direct heritability values obtained for the three traits in the five populations, indicate different additive genetic variability for each trait.

Maternal heritability estimates for SC, AP and WR1 fluctuated between 0.01 ± 0.03 and 0.09 ± 0.04; slightly higher estimates were reported for maternal heritability of yearling scrotal circumference of Hereford and Brangus bulls, with estimates of 0.12 and 0.10, respectively⁽¹⁹⁾. Results from the present study suggest that little variation for SC, AP, and WR1 is due to maternal genetic effects.

Correlaciones genéticas

En el Cuadro 2 se presentan los estimadores de las correlaciones genéticas entre los efectos genéticos directos y maternos (r_{d-m}), dentro de característica para CE, EP y TD en los cinco grupos analizados. Para CE estos estimadores fueron similares en los grupos 1, 3 y 5 (-0.38, -0.24 y -0.28, respectivamente). Correlaciones genéticas negativas entre efectos genéticos aditivos directos y maternos han sido también mencionadas para CE de toretes Hereford (-0.24) y Brangus (-0.09)⁽¹⁹⁾. Valores cercanos a cero, se estimaron en los grupos 2 y 4 (0.04 y 0.06, respectivamente).

Los estimadores de r_{d-m} fueron altos y desfavorables para EP en los grupos 1, 2 y 5 (-0.77, -0.71 y -0.82, respectivamente), en contraste, para los grupos 3 y 4 estos estimadores fueron de 0.16 y -0.23, respectivamente. Los estimadores para TD fueron consistentes en los cinco grupos raciales analizados (-0.69, -0.66, -0.88, -0.70 y -0.88 para los cinco grupos, respectivamente). En general, los valores de r_{d-m} sugieren asociaciones genéticas no deseables entre los efectos genéticos aditivos directos y maternos, dentro de característica, para CE, EP y, principalmente, para TD.

Estimadores favorables de correlaciones genéticas directas r_{d-d} se encontraron entre CE y EP (-0.41 ± 0.22), y entre CE y TD (0.22 ± 0.13) en el Grupo 1, de razas con gran tamaño adulto y baja producción de leche (Cuadro 3). En contraste, una correlación genética desfavorable (0.19 ± 0.14) fue estimada entre CE y EP en el Grupo 3 (razas chicas y producción intermedia de leche). Valores de r_{d-d} cercanos a cero fueron estimados entre CE y EP (-0.09 ± 0.05) y entre CE y TD (-0.03 ± 0.03) en el Grupo 2 (razas con gran tamaño adulto y alta producción de leche).

Los resultados del presente estudio sugieren que relaciones genéticas deseables pueden existir entre CE y EP, y entre CE y TD en el Grupo 1. En contraste, los estimadores de r_{d-d} entre CE y EP para los grupos 2 y 3 sugieren relaciones genéticas bajas o no deseables entre estas características. Los estimadores de r_{d-d} para las nueve razas parentales (Grupo 4) y las tres razas compuestas

Genetic correlations

Table 2 presents estimates of genetic correlations between direct and maternal genetic effects within trait for SC, AP, and WR1 for the five groups. For SC the estimates were similar in Groups 1, 3 and 5 (-0.38, -0.24 and -0.28, respectively). Negative genetic correlations between additive direct and maternal genetic effects have also been reported for SC in Hereford (-0.24) and Brangus (-0.09) bulls⁽¹⁹⁾. Values near zero were estimated for the same trait for Groups 2 and 4 (0.04 and 0.06, respectively). Estimates of genetic correlations between additive direct and maternal genetic effects for AP were high and unfavorable for Groups 1, 2 and 5 (-0.77, -0.71 and 0.82, respectively), in contrast, estimates for Groups 3 and 4 were 0.16 and -0.23, respectively. Estimates for WR1 were consistent for all five Groups (-0.69, -0.66, -0.88, -0.70, and -0.88 for Groups 1 through 5, respectively). In general, the values suggest undesirable genetic associations between additive direct and maternal genetic effects, within trait, for SC, AP and mainly, for WR1.

Favorable estimates for direct genetic correlations were found between SC and AP (-0.41 ± 0.22) and between SC and WR1 (0.22 ± 0.13) in Group 1, corresponding to breeds of large mature size and low milk production (Table 3). On the other hand, an unfavorable genetic correlation (0.19 ± 0.14) was estimated between SC and AP for Group 3 (small breeds and intermediate milk production). Genetic correlations close to zero were estimated between SC and AP (-0.09 ± 0.05) and between SC and WR1 (-0.03 ± 0.03) for Group 2 (large mature size and high milk production).

Results from the present study suggest that desirable relationships could exist between SC and AP and between SC and WR1 for Group 1. In contrast, estimates found between SC and AP for Groups 2 and 3 suggest low or undesirable genetic links between these traits. The estimated genetic correlations for the nine parental (Group 4) and the three composite breeds (Group 5) suggest that genetic links of importance between SC and AP (-0.28 ± 0.14) and between SC and WR1 (0.20 ± 0.11) exist in Group 5. For Group 4, values near zero

(Grupo 5) sugieren que existen relaciones genéticas importantes entre CE y EP (-0.28 ± 0.14), y entre CE y TD (0.20 ± 0.11) en el grupo 5. Para el Grupo 4 se estimaron valores cercanos a cero entre CE y EP (0.03 ± 0.07) y entre CE y TD (-0.02 ± 0.03).

Existen resultados de otros autores que coinciden con los valores de r_{d-d} entre CE y EP estimados en el presente estudio para los grupos 1 y 5. Así, un estimador de -0.39 ± 0.22 entre CE y edad al primer estro fue publicado para ganado australiano Hereford, Angus y ganado cruzado⁽⁶⁾. Otros resultados obtenidos en un experimento sobre selección para edad a la pubertad en ganado Angus mostraron valores de -0.30 ± 0.10 y -0.25 ± 0.09 entre CE y edad al primer estro^(16,17). Un valor similar entre CE y EP (-0.32) se obtuvo con información de un hato Brahman en Florida, USA⁽²³⁾. En contraste, Morris *et al.*⁽²⁴⁾ analizando el promedio de mediciones tomadas a los 9, 11 y 13 meses de edad encontraron una r_{d-d} de -0.81 ± 0.38 entre CE y EP en un hato Angus. Otros estudios no han detectado relaciones significativas entre la edad a la pubertad de vaquillas y la circunferencia escrotal de toros con un año o más de edad^(15,31).

En general, los resultados de la literatura sugieren que CE tiene asociaciones genéticas deseables con algunas características reproductivas de las hembras. En caso de ser cierto, la fertilidad de la hembra puede ser mejorada a través de seleccionar a los sementales por su circunferencia escrotal. Sin embargo, en el presente estudio las correlaciones genéticas entre CE y EP (o TD) fueron relativamente bajas (en promedio -0.11 entre CE y EP). Estos estimadores sugieren que, en las poblaciones evaluadas, la respuesta genética en EP o TD a través de seleccionar CE puede ser menos efectiva que lo reportado para otras poblaciones.

Un estimador desfavorable de r_{d-d} (0.42) se encontró entre EP y TD para razas chicas y con producción intermedia de leche (Grupo 3). En contraste, no se detectó evidencia de relaciones genéticas entre EP y TD para las razas con gran tamaño adulto y alta producción de leche (Grupo

Cuadro 3. Estimadores de correlaciones genéticas directas entre algunas características reproductivas en bovinos productores de carne

Cuadro 3. Estimates of direct genetic correlations between reproductive traits in beef cattle

| | Scrotal circumference (SC) | Age at puberty (AP) | Weaning rate (WR) |
|----------------------|----------------------------|---------------------|-------------------|
| Group 1 ^a | | | |
| SC, cm | | -0.41 ± 0.22 | 0.22 ± 0.13 |
| AP, days | -0.41 ± 0.22 | | -0.08 ± 0.06 |
| WR (0, 1) | 0.22 ± 0.13 | -0.08 ± 0.06 | |
| Group 2 ^b | | | |
| SC, cm | | -0.09 ± 0.05 | -0.03 ± 0.03 |
| AP, days | -0.09 ± 0.05 | | 0.02 ± 0.02 |
| WR (0, 1) | -0.03 ± 0.03 | 0.02 ± 0.02 | |
| Group 3 ^c | | | |
| SC, cm | | 0.19 ± 0.14 | 0.04 ± 0.03 |
| AP, days | 0.19 ± 0.14 | | 0.42 ± 0.24 |
| WR (0, 1) | 0.04 ± 0.03 | 0.42 ± 0.24 | |
| Group 4 ^d | | | |
| SC, cm | | 0.03 ± 0.07 | -0.02 ± 0.03 |
| AP, days | 0.03 ± 0.07 | | 0.30 ± 0.13 |
| WR (0, 1) | -0.02 ± 0.03 | 0.30 ± 0.13 | |
| Group 5 ^e | | | |
| SC, cm | -0.28 ± 0.14 | 0.20 ± 0.11 | |
| AP, days | -0.28 ± 0.14 | | -0.22 ± 0.14 |
| WR (0, 1) | | 0.20 ± 0.11 | -0.22 ± 0.14 |

- a Charolais, Limousin and MARC I.
- b Simmental, Gelbvieh, Braunvieh and MARC II.
- c Hereford, Angus, Pinzgauer, Red Poll and MARC III.
- d Hereford, Angus, Pinzgauer, Red Poll, Limousin, Simmental, Charolais Gelbvieh and Braunvieh.
- e MARC I, MARC II and MARC III.

were estimated between SC and AP (0.03 ± 0.07) and between SC and WR1 (-0.02 ± 0.03).

Results reported by other authors agree with the genetic correlations values between SC and AP found in the present study for Groups 1 and 5. An estimate of -0.30 ± 0.10 between SC and age at first oestrus was reported for crossbred cattle, Hereford and Aberdeen Angus in Australia⁽⁶⁾. Other results from a selection experiment for age at puberty in Aberdeen Angus cattle showed genetic

2) o para las razas con gran tamaño adulto y baja producción de leche (Grupo 1).

Los resultados de r_{d-d} entre EP y TD para las nueve razas parentales (-0.22) y las tres razas compuestas (0.30) sugieren relaciones genéticas positivas entre EP y TD para las razas compuestas y una relación genética indeseable entre las mismas características para las razas parentales. Considerando las r_{d-d} promedio de los tres primeros grupos (0.12) y de los grupos 4 y 5 (0.04), los resultados del presente estudio no sugieren la existencia de correlaciones genéticas importantes entre EP y TD en estas poblaciones.

CONCLUSIONES E IMPLICACIONES

Los estimadores de heredabilidad directa para circunferencia escrotal medida al año de edad, indican que esta característica puede responder rápidamente a la selección. Los estimadores de heredabilidad para edad a la pubertad sugieren una mejor respuesta a la selección en razas con bajos niveles de producción de leche (Charolais, Limousin y MARC I), en comparación con las otras nueve razas estudiadas. Las heredabilidades directas estimadas para tasa de destete sugieren que, aunque mínima, puede haber respuesta genética a la selección, especialmente en razas con gran tamaño adulto y baja producción de leche. Se encontró una escasa variabilidad causada por efectos genéticos maternos en las tres características analizadas. Las bajas correlaciones genéticas directas sugieren que en las poblaciones evaluadas, la respuesta genética a la selección de características reproductivas a través de seleccionar sementales por circunferencia escrotal medida al año de edad, puede ser menos efectiva que lo señalado por otros autores.

LITERATURA CITADA

1. Cundiff LV, Gregory KE, Koch RM, Dickerson GE. Genetic diversity among cattle breeds and its use to increase beef production efficiency in a temperate environment. Proc. 3rd World Congr. Genet Appl Livest Prod. Lincoln, NE. 1986;271-282.
2. Martin LC, Brinks JS, Bourdon RM, Cundiff LV. Genetic effects on beef heifer puberty and subsequent reproduction. J Anim Sci 1992;(70):4006-4017.

correlations of -0.30 ± 0.10 and -0.25 ± 0.09 between SC and age at first oestrus^(16,17). A similar estimate between SC and AP (-0.32) was obtained in a Brahman herd in Florida, USA⁽²³⁾. In contrast, Morris *et al.*⁽²⁴⁾ when analyzing averages of measurements taken at 9, 11 and 13 months of age found a genetic correlation of -0.81 ± 0.38 between SC and AP in an Aberdeen Angus herd. Other studies have not found significant relationships between age at puberty in heifers and scrotal circumference of yearling or older bulls^(15, 31).

In general, results published in literature suggest that SC has favorable genetic links with some female reproductive traits. If true, female fertility could be improved through sire selection for scrotal circumference. However, genetic correlations found in the present study between SC and AP (or WR1) were relatively low (on average -0.11 between SC and AP). These estimates suggest that for the assessed populations, genetic response for AP and WR1 by selecting sire on SC could be less effective than previously reported in other populations.

An unfavorable genetic correlation (0.42) was found between SC and WR1 for small breeds with intermediate milk production (Group 3). In contrast, no evidence was found of genetic relationships between AP and WR1 for breeds of large mature size and high milk production (Group 2) or for breeds of large mature size and low milk production (Group 1).

Results between AP and WR1 for the nine parental (-0.22) and the three composite breeds (0.30) suggest positive genetic relationships between AP and WR1 for the composite breeds and undesirable genetic links between the same traits for parental breeds. Considering the average genetic correlations for groups 1,2 and 3 (0.12) and for Groups 4 and 5 (0.04), results from the present study do not suggest the presence of significant genetic correlations between AP and WR1 in these populations.

CONCLUSIONS AND IMPLICATIONS

Estimates of direct heritability for yearling scrotal circumference indicate that this trait can respond

3. Koots KR, Gibson JP, Smith C, Wilton JW. Analysis of published genetic parameter estimates for beef production traits. 1. Heritability. *ABA* 1994;(62):309-338.
4. Brinks JS, McInerney MJ, Chenoweth PJ. Relationship of age at puberty in heifers to reproductive traits in young bulls. *Proc West Sect Am Soc Anim Sci* 1978;(29):28-30.
5. Toelle VD, Robison OW. Estimates of genetic correlations between testicular measurements and female reproductive traits in cattle. *J Anim Sci* 1985;(60):89-100.
6. Morris CA, Baker RL, Cullen NG. Genetic correlations between pubertal traits in bulls and heifers. *Livest Prod Sci* 1992;(31):221-233.
7. Moser DW, Bertrand JK, Benyshek LL, McCann MA, Kiser TE. Effects of selection for scrotal circumference in Limousin bulls on reproductive and growth traits of progeny. *J Anim Sci* 1996;(74):2052-2057.
8. Gregory KE, Cundiff LV, Koch RM. Breed effects and heterosis in advanced generations of composite populations for preweaning traits of beef cattle. *J Anim Sci* 1991;(69):947-960.
9. SAS. SAS User's Guide: Statistics; SAS Inst. Inc., Cary, NC. 1995.
10. Henderson CR, Quaas RL. Multiple trait evaluation using relatives' records. *J Anim Sci* 1976;(43):1188-1197.
11. Boldman KG, Kriese LA, Van Vleck LD, Van Tassell CP, Kachman SD. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. ARS, USDA, Clay Center, NE. 1995.
12. Weller JI, Misztal I, Gianola J. Genetic analysis of dystocia and calf mortality in Israeli-Holstein by threshold and linear models. *J Dairy Sci* 1988;(71):2491-2501.
13. Olesen I, Perez-Enciso M, Gianola D, Thomas DL. A comparison of normal and nonnormal mixed models for number of lambs born in Norwegian sheep. *J Anim Sci* 1994;(72):1166-1173.
14. Matos CAP, Thomas DL, Gianola D, Perez-Enciso M, Young LD. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonlinear models: goodness of fit and predictive ability. *J Anim Sci* 1997;(75):88-94.
15. Smith BA, Brinks JS, Richardson GV. Relationships of sire scrotal circumference to offspring reproduction and growth. *J Anim Sci* 1989;(67):2881-2885.
16. Morris CA, Wilson JA. Progress with selection to change age at puberty and reproductive rate in Angus cattle. *New Zealand Soc Anim Prod* 1997;(57):9-11.
17. Morris CA, Wilson JA, Bennett GL, Cullen NG, Hickey SM, Hunter JC. Genetic parameters for growth, puberty, and beef cow reproductive traits in a puberty selection experiment. *New Zealand J Agric Res* 2000;(43):83-91.
18. Meyer K, Hammond K, Parnell PF, Mackinnon MJ, Sivarajasingam S. Estimates of heritability and repeatability for reproductive traits in Australian beef cattle. *Livest Prod Sci* 1990;(25):15-30.
19. Kriese LA, Bertrand JK, Benyshek LL. Age adjustment factors, heritabilities and genetic correlations for scrotal circumference and related growth traits in Hereford and Brangus bulls. *J Anim Sci* 1991;(69):478-489.
20. Evans JL, Golden BL, Bourdon RM, Long KL. Additive genetic relationship between heifer pregnancy and scrotal circumference in Hereford cattle. *J Anim Sci* 1999;(77):2621-2628.
21. Mwansa PB, Kemp RA, Crews Jr. DH, Kastelic JP, Bailey DRC, Coulter GH. Selection for cow lifetime pregnancy rate

readily to selection. Estimates of heritability for age at puberty suggest a better response to selection in breeds with low milk production (C, L and MARC I), compared to other breeds in the study. Estimates of direct heritability for weaning rate suggest that, although in a very low degree, there could be a genetic response to selection, especially in those breeds having large mature size and low milk production. A very low variability due to maternal genetic effects was found for the three traits. The low direct genetic correlation suggest that, in the assessed populations, genetic response to reproductive traits by selecting sires on yearling scrotal circumference could be less effective than previously reported by other authors.

End of english version

-
-
- using bull and heifer growth and reproductive traits in composite cattle. *Can J Anim Sci* 2000;(80):507-510.
 22. Lobo RB, De-los-Reyes A, Ferraz JBS, Bezerra LAF, Mercadante MEZ, Duarte FAM. *Proc. 5th World Congr Genet Appl Livest Prod* 1994;(17):199-201.
 23. Vargas CA, Elzo MA, Chase CC, Chenoweth PJ, Olson TA. Estimation of genetic parameters for scrotal circumference, age at puberty in heifers, and hip height in Brahman cattle. *J Anim Sci* 1998;(76):2536-2540.
 24. Morris CA, Bennett GL, Johnson DL. Selecting on pubertal traits to increase beef cow reproduction. *Proc New Zealand Soc Anim Prod* 1993;(53):427-432.
 25. Gregory KE, Cundiff LV, Koch RM. Genetic and phenotypic (Co) variances for production traits of female populations of purebred and composite beef cattle. *J Anim Sci* 1995;(73):2235-2242.
 26. Mialon MM, Renand G, Krauss D, Méniessier F. Genetic variability of the length of postpartum anoestrus in Charolais cows and its relationship with age at puberty. *Genet Sel Evol* 2000;(32):403-414.
 27. Laster DB, Smith GM, Cundiff LV, Gregory KE. Characterization of biological types of cattle (cycle II) II. Postweaning growth and puberty of heifers. *J Anim Sci* 1979;(48):500-508.
 28. MacNeil MD, Cundiff LV, Dinkel CA, Koch RM. Genetic correlations among sex-limited traits in beef cattle. *J Anim Sci* 1984;(58):1171-1180.
 29. Splan RK, Cundiff LV, Van Vleck LD. Genetic parameters for sex-specific traits in beef cattle. *J Anim Sci* 1998;(76):2272-2278.
 30. Dearborn DD, Koch RM, Cundiff LV, Gregory KE, Dickerson GE. An analysis of reproductive traits in beef cattle. *J Anim Sci* 1973;(36):1032-1040.
 31. Perry V, Munro RK, Chenoweth PJ, Boderio D, Post TB. Relationships among bovine male and female reproductive traits. *Aust Vet J* 1990;(67):4-5.