

ESTIMACION DE PARAMETROS GENETICOS PARA CARACTERISTICAS DE CONFORMACION EN BOVINOS HOLSTEIN EN MEXICO ^a

José Moro Méndez ^b
Felipe de J. Ruiz López ^c

RESUMEN

Moro M J, Ruiz L F de J. *Téc. Pecu. Méx.* Vol 37 No 1 1999 pp 41-53. Se estimaron parámetros genéticos para 17 rasgos de conformación de vacas Holstein utilizando 8954 registros obtenidos durante ocho rondas de calificación efectuadas de 1994 a 1997. Se utilizó el método de máxima verosimilitud restringida libre de derivadas para estimar componentes de varianza aditiva y fenotípica, y el método del mejor predictor lineal insesgado para predecir valores genéticos, mediante un modelo animal que incluyó efectos fijos de número de lactancia, tercio de lactancia, hato-ronda de calificación, calificador, la edad a la calificación como covariables lineal y cuadrática y el efecto aleatorio del valor genético aditivo del animal. Los valores más bajos de heredabilidad fueron de 0.06 para profundidad de ubre, textura de ubre, ligamento medio y calidad de hueso y los más altos de 0.28 y 0.23 para estatura y tamaño, respectivamente. Las correlaciones fenotípicas mostraron un rango de -0.18 (entre profundidad de cuerpo y punta del anca) a 0.73 (entre estatura y tamaño). El rango de las correlaciones genéticas calculado fue de -0.92 (entre aplomos de patas y ángulo de pezuñas) a 0.97 (entre profundidad de cuerpo y tamaño). Los resultados sugieren que la estatura, la inserción de ubre anterior, la posición de pezones y los puntos finales son susceptibles de utilizarse en programas de mejoramiento genético del ganado Holstein mexicano.

PALABRAS CLAVE: Conformación, Ganado Holstein, Modelo animal, Heredabilidades, Correlaciones genéticas.

INTRODUCCION

En el ganado lechero, la selección exclusiva sobre producción de leche puede ocasionar que algunas características físicas de las vacas resulten negativamente afectadas, por ejemplo, las ubres se pueden volver pendulosas en las vacas con altas producciones, lo que en muchos casos puede ser motivo de desecho involuntario (1).

Actualmente, el mejoramiento genético de los bovinos lecheros en el mundo tiende a efectuarse con base en una selección de múltiples características que incluyen tanto rasgos productivos como de conformación, con el propósito de hacer selección de animales con altas producciones de leche y de sus componentes, además que posean características de conformación que les permitan permanecer mayor tiempo dentro del hato productivo y con esto ser más rentables (2, 3, 4, 5, 6, 7, 8).

La realización de evaluaciones genéticas implica la estimación de parámetros genéticos, y para esto, hoy en día se utiliza, en la mayoría de los trabajos, el método de Máxima Verosimilitud Restringida (REML, por sus siglas en inglés) con un modelo animal. La estimación de parámetros genéticos utilizando la

a Recibido el 4 de diciembre de 1998 y aceptado para su publicación el 29 de marzo de 1999. Trabajo parcialmente financiado por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) a través de una beca de maestría para el primer autor y del Proyecto K0222B, y por la Asociación Holstein de México.

b Departamento de Genética y Bioestadística, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, UNAM. Dirección actual: Asociación Holstein de México, Arteaga No. 76, Centro Histórico, CP 76000, Querétaro, Qro. Correo electrónico: pepemoro@holmex.nexnet.com.mx

c Centro Nacional de Investigación en Fisiología y Mejoramiento Animal INIFAP - SAGAR.

metodología de modelos mixtos con REML, puede tomar en cuenta el sesgo por selección cuando se incluyen en el análisis todas las relaciones genéticas existentes en los animales a estudiar (9, 10); adicionalmente, algunos autores han señalado que la estimación de parámetros genéticos de rasgos de conformación con REML es robusta aun en datos que no se ajustan a una distribución normal multivariada (11, 12, 13, 14).

La Asociación Holstein de México (AHM) realiza calificaciones de conformación bajo un sistema lineal de calificación modificado, empleando una escala del uno al nueve, con el objeto de seguir las recomendaciones de la Federación Mundial Holstein Friesian y del Comité Internacional de Registros de Producción Animal (15), que establecen la existencia de doce características principales y dos secundarias en un sistema lineal. El sistema de calificación lineal se usa con diferentes rangos de escala y en la mayoría de los países se ha modificado a través de los años, hasta convertirse en una herramienta fundamental en el mejoramiento del ganado lechero moderno, dado que permite identificar animales con una conformación que favorezca una alta producción y una larga vida en el hato. La AHM cuenta con un programa de registro y de control de producción que genera información confiable de pedigrí, además de mantener una base de datos de conformación que se incrementa periódicamente. Con esta información pueden realizarse evaluaciones genéticas, tanto de vacas como de sementales mexicanos, con lo que en el futuro se podrá realizar selección de animales productivos, funcionales y mejor

adaptados a las características de los sistemas especializados en producción de leche en México.

Por la importancia que tienen los rasgos de conformación en la producción de leche en el ganado Holstein y la necesidad de realizar estudios sobre estas características en México, el objetivo de este trabajo fue estimar componentes de varianza y covarianza para características lineales de conformación en vacas Holstein en México y predecir valores genéticos para rasgos lineales y puntos finales.

MATERIAL Y METODOS

Se utilizaron 10,414 registros de calificación de conformación de vacas Holstein generados en ocho rondas del Programa de Calificación de la AHM realizadas de 1994 a 1997 (una en mayo y otra en octubre de cada año). La calificación se realizó en una escala del uno al nueve para características individuales y del 60 al 99 para los puntos finales. Las características estudiadas fueron: estatura a la grupa, calidad de hueso, profundidad de cuerpo, ángulo del anca, anchura del anca, ángulo de pezuñas, aplomos de los miembros posteriores vistos de lado, inserción de ubre anterior, posición de pezones anteriores, altura de inserción posterior de ubre posterior, ligamento medio suspensorio, profundidad de ubre, anchura de pecho, fortaleza del lomo, tamaño del cuerpo, anchura de inserción de ubre posterior, textura de ubre y puntos finales. La calificación de las vacas se realizó con un sistema lineal que describe las características físicas de conformación de un extremo biológico al otro. Después de realizar la calificación

PARAMETROS GENETICOS DE CONFORMACION BOVINOS HOLSTEIN MEXICO

de cada rasgo lineal, se asignó una calificación final que se estableció con base en la ponderación de los puntos alcanzados para cada sistema.

Se eliminaron registros de vacas con primer parto en 1980 o antes, registros de vacas con más de 20 meses en producción al momento de la calificación, registros de vacas con menos de 20 meses de edad al parto, segundos y posteriores registros de calificación y registros con errores irre recuperables de información, tales como errores en fechas de nacimiento, de parto o inicio de lactancia. La información resultante ($n=8954$) se usó para realizar la evaluación genética.

Para efectuar la estimación de componentes de varianza sólo se incluyeron grupos de al menos 10 medias hermanas paternas y registros de hatos-ronda de calificación con al menos cinco vacas calificadas. La base de datos resultante para la estimación consistió en 5,587 registros. A partir de esta se estimaron las heredabilidades (h^2), las correlaciones genéticas y las correlaciones fenotípicas. Los componentes de varianza estimados con este grupo de datos se utilizaron en la predicción de valores genéticos. Al momento de integrar la información para la estimación de componentes de covarianza y la predicción de valores genéticos, se generó la información de pedigrí correspondiente. Estos pedigríes se formaron con la información de la identificación de la vaca calificada, del padre, de la madre, del año y mes de nacimiento de la vaca. Adicionalmente, el pedigrí de cada vaca se complementó con todas las relaciones de parentesco existentes en línea ascendente por ambos

lados, paterno y materno. Para lo anterior se diseñaron algoritmos en FORTRAN que realizaron la búsqueda de las relaciones en la información de pedigrí con 145, 000 registros disponibles en la AHM. Resultando que el archivo completo de pedigrí usado en la predicción de valores genéticos incluyó a 22,234 animales. En los modelos utilizados se incluyeron los efectos fijos de número de lactancia, tercio de lactancia, hato-ronda de calificación, calificador, edad a la calificación como covariables lineal y cuadrática y el valor genético aditivo del animal como efecto aleatorio. El modelo lineal univariado utilizado para realizar la estimación de los componentes de varianza y la predicción de los valores genéticos fue:

$$y = Xb + Zu + e$$

donde:

y es el vector ($N \times 1$) de observaciones,
 b es el vector ($p \times 1$) de efectos fijos asociados con los registros en y ,

u es el vector ($q \times 1$) de efectos genéticos aditivos asociados con y ,

e es el vector ($N \times 1$) de efectos aleatorios residuales,

X es una matriz ($N \times p$) que relaciona los efectos fijos y las covariables incluidas en el vector b con las observaciones en el vector y ,

Z es una matriz de incidencia ($N \times q$, respectivamente) que asocia los efectos de u con y .

N es el número de observaciones; p es el número de efectos fijos y covariables; q es el número de efectos aleatorios, en este caso el valor genético aditivo del animal.

Se realizaron análisis univariados para los 17 rasgos lineales de conformación y para puntos finales.

Las correlaciones genéticas se obtuvieron realizando análisis bivariados dentro de sistemas utilizando el siguiente modelo:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Donde los subíndices 1 y 2 identifican la característica a evaluar y los otros términos dentro del modelo son los descritos anteriormente. Estos análisis bivariados se realizaron entre rasgos dentro del sistema que califican: estructura y capacidad (estatura a la grupa, tamaño del cuerpo, profundidad del cuerpo, fortaleza del lomo, anchura del pecho), anca (ángulo del anca y anchura del anca), patas (ángulo de pezuñas, aplomos de patas traseras vistas de lado y calidad del hueso) y sistema mamario (inserción de ubre anterior, posición de pezones anteriores, altura de inserción de ubre posterior, ligamento medio suspensorio, profundidad de ubre, anchura de inserción de ubre posterior y textura de ubre). Además, se realizaron análisis bivariados entre cada rasgo de conformación y puntos finales.

El cálculo de los componentes de varianza y covarianza en los análisis univariados y bivariados se realizó mediante el método REML (16) usando el algoritmo libre de derivadas (17) empleando las subrutinas incluidas en los programas MTDFREML del Departamento de Agricultura de Estados Unidos (18). Las h^2 se calcularon dividiendo la varianza aditiva (σ_a^2) entre la varianza fenotípica (σ_p^2) (10).

Para iniciar el proceso de iteración que

requiere el algoritmo libre de derivadas, los valores iniciales que se proporcionaron para cada rasgo fueron de 1 a 3 para la varianza aditiva, y de 4 a 9 para la varianza fenotípica, utilizando un criterio de convergencia de 0.000001. Posteriormente, los componentes de varianza estimados en los análisis univariados fueron utilizados en los análisis bivariados para obtener las correlaciones genéticas.

Las correlaciones fenotípicas se obtuvieron mediante un análisis de correlación simple entre todas las características.

Para realizar la predicción de los valores genéticos para cada rasgo se utilizaron los componentes de varianza estimados en los análisis univariados, empleando la metodología del mejor predictor lineal insesgado (19).

RESULTADOS

Los componentes de varianza aditiva y fenotípica estimados para cada rasgo en los análisis univariados y bivariados se muestran en los Cuadros 1 y 2, respectivamente. También se muestran las h^2 correspondientes a cada rasgo. Las h^2 estimadas tuvieron valores dentro de un rango desde 0.06 para profundidad de ubre, textura de ubre, ligamento medio suspensorio y calidad de hueso, hasta de 0.28 para estatura. En general se aprecian valores de medios a bajos. Los rasgos que resultaron con valores de h^2 más altos son los que representan la capacidad y estructura de la vaca y los que tuvieron h^2 más bajas son aquellos pertenecientes a algunas características del sistema mamario, anca, patas y pezuñas y anca, en ese orden.

PARAMETROS GENETICOS DE CONFORMACION BOVINOS HOLSTEIN MEXICO

Puede apreciarse que entre los componentes de varianza y las h^2 resultantes en los análisis univariados y bivariados no existen grandes diferencias.

En el Cuadro 3 se muestran las correlaciones fenotípicas entre los 17 rasgos lineales y los puntos finales. En el mismo cuadro, se muestran las correlaciones genéticas entre rasgos dentro del sistema que califican y la correlación genética de cada rasgo con puntos finales.

Las correlaciones fenotípicas entre los rasgos lineales mostraron un rango de - 0.18 a 0.73. Las correlaciones genéticas entre los rasgos de apariencia y capacidad

fueron los que mostraron valores positivos más altos, de 0.60 entre lomo y anchura de pecho a 0.97 entre profundidad de cuerpo y tamaño.

Se predijeron valores genéticos para los 17 rasgos lineales de conformación calificados y para puntos finales. Con el objeto de apreciar la variación presente en la población bajo estudio, en la Figura 1 se presenta la distribución de los valores genéticos predichos para puntos finales de los 22, 234 animales incluidos en el archivo completo de pedigrí. En general, las distribuciones de los valores genéticos para los rasgos lineales de conformación estudiados mostraron una distribución similar.

Cuadro 1. Componentes de varianza genética aditiva (σ_a^2), fenotípica (σ_f^2) y la heredabilidad (h^2) correspondiente para cada rasgo lineal y para puntos finales estimados en los análisis univariados.

CARACTERÍSTICA	σ_a^2	σ_f^2	h^2
Estatura	0.322	1.152	0.28
Tamaño	0.294	1.258	0.23
Profundidad de cuerpo	0.157	0.981	0.16
Anchura de pecho	0.182	1.331	0.14
Fortaleza del Lomo	0.181	1.370	0.13
Punta del anca	0.139	1.197	0.12
Anchura de anca	0.137	1.109	0.12
Angulo de pezuñas	0.126	1.308	0.10
Aplomos de patas vistas de lado	0.125	1.067	0.12
Calidad de hueso	0.078	1.218	0.06
Inserción ubre anterior	0.261	1.476	0.18
Posición de pezones anteriores	0.216	1.314	0.16
Altura de inserción posterior de ubre	0.187	1.486	0.13
Anchura de inserción posterior de ubre	0.145	1.848	0.08
Ligamento medio suspensorio	0.102	1.611	0.06
Profundidad de ubre	0.029	0.517	0.06
Textura de ubre	0.089	1.364	0.06
Puntos finales	1.470	10.36	0.14

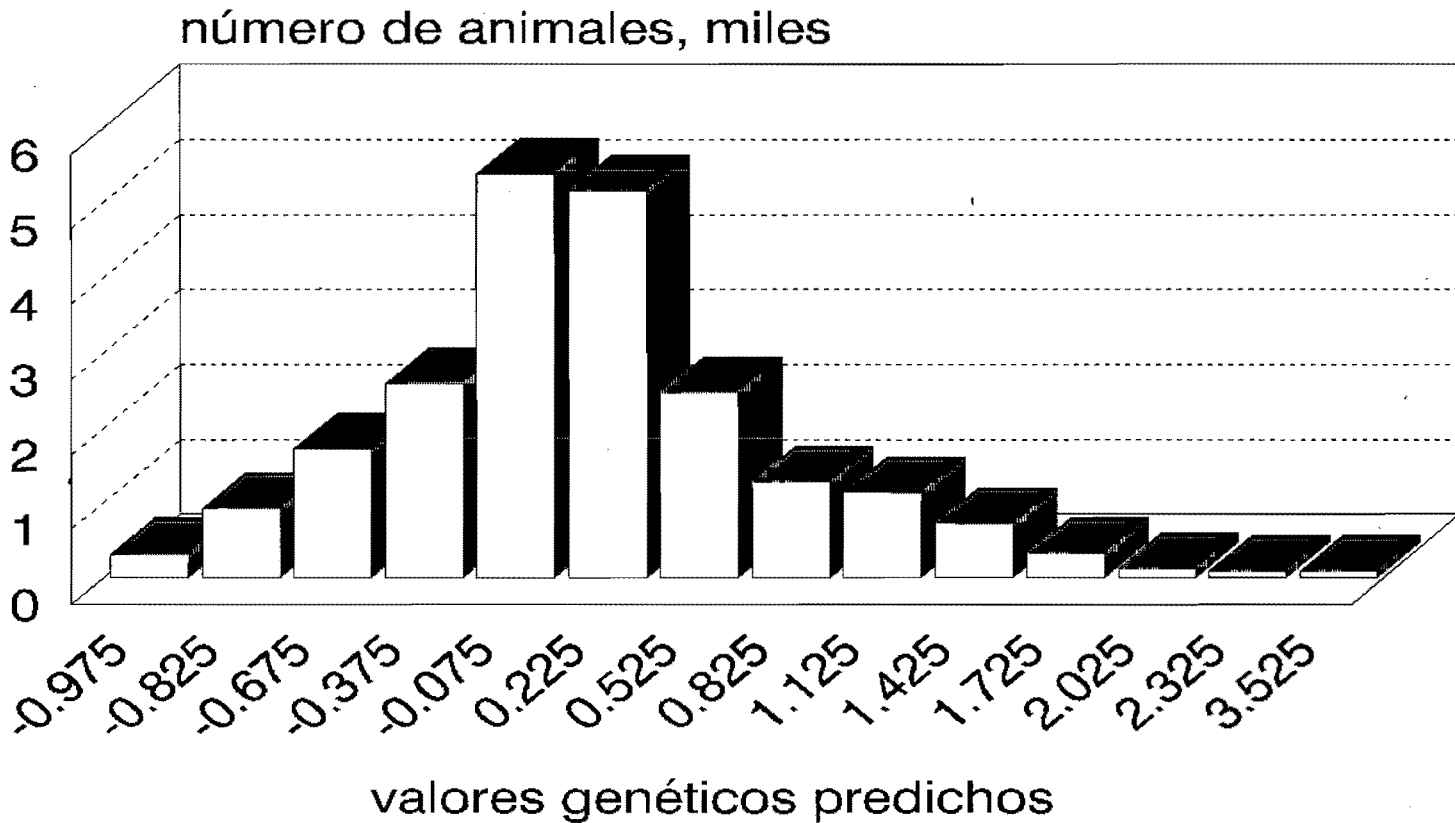
Cuadro 2. Valores mínimos y máximos de los componentes de varianza genética aditiva (σ_a^2) y varianza fenotípica (σ_f^2) estimados y promedio de heredabilidad (h^2) de los rasgos lineales y puntos finales a partir de los análisis bivariados.

CARACTERISTICA	σ_a^2		σ_f^2		h^2
	MINIMO	MAXIMO	MINIMO	MAXIMO	
Estatura	0.313	0.317	1.149	1.151	0.27
Tamaño	0.288	0.297	1.243	1.258	0.23
Profundidad de cuerpo	0.153	0.158	0.980	0.981	0.16
Anchura de pecho	0.188	0.198	1.330	1.331	0.14
Fortaleza del Lomo	0.180	0.186	1.371	1.374	0.13
Punta del anca	0.140	0.154	1.196	1.201	0.12
Anchura del anca	0.151	0.161	1.111	1.113	0.14
Angulo de pezuñas	0.116	0.125	1.305	1.306	0.09
Aplomos de patas vistas de lado	0.122	0.125	1.065	1.067	0.11
Calidad de hueso	0.072	0.083	1.224	1.225	0.06
Inserción de ubre anterior	0.254	0.262	1.465	1.476	0.17
Posición de pezones anteriores	0.211	0.223	1.311	1.317	0.17
Altura de inserción posterior de ubre	0.188	0.198	1.484	1.496	0.13
Anchura de inserción posterior de ubre	0.144	0.156	1.848	1.854	0.08
Ligamento medio suspensorio	0.094	0.102	1.610	1.616	0.06
Profundidad de ubre	0.027	0.029	0.516	0.516	0.05
Textura de la ubre	0.091	0.113	1.350	1.357	0.08
Puntos finales	1.406	1.618	10.343	10.422	0.15

Cuadro 3. Correlaciones fenotípicas (arriba de la diagonal) y genéticas dentro de sistemas (debajo de la diagonal) de las características lineales de conformación

RASGOS	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	
1 Estatura		0.73	0.49	0.52	0.34	-0.04	0.44	0.23	-0.09	0.29	0.25	0.21	0.25	0.22	0.21	-0.07	0.21	0.45	
2 Tamaño	0.9		0.68	0.7	0.41	-0.15	0.47	0.26	-0.11	0.34	0.29	0.3	0.27	0.22	0.19	-0.15	0.2	0.48	
3 Profundidad cuerpo	0.75	0.97		0.66	0.32	-0.18	0.36	-0.06	-0.11	0.36	0.27	0.48	0.27	0.2	0.19	-0.17	0.16	0.38	
4 Anchura de pecho	0.78	0.96	0.89		0.44	-0.15	0.45	0.31	-0.11	0.36	0.29	0.39	0.27	0.16	0.16	-0.18	0.21	0.41	
5 Fortaleza del lomo	0.84	0.67	0.66	0.6		0.04	0.44	0.28	-0.08	0.48	0.33	0.23	0.21	0.15	0.17	-0.11	0.26	0.39	
6 Punta del anca							-0.011	-0.03	0.02	-0.01	-0.08	-0.12	-0.18	-0.06	-0.04	0.05	-0.04	-0.09	
7 Anchura del anca						-0.43		0.25	-0.08	0.33	0.27	0.2	0.36	0.4	0.19	-0.12	0.27	0.44	
8 Angulo de pezuñas									-0.024	0.38	0.25	0.3	0.09	0.13	0.18	-0.06	0.19	0.35	
9 Aplomos de patas									-0.92	-0.05	-0.05	-0.08	-0.12	0.04	0.01	0.03	-0.008	-0.11	
10 Calidad de hueso									0.56	-0.39		0.35	0.31	0.2	0.25	0.24	-0.06	0.3	0.44
11 Inserción ubre anterior												0.37	0.41	0.31	0.39	0.09	0.41		0.65
12 Posición pezones anteriores												0.75	0.15	0.13	0.42	-0.03	0.29		0.41
13 Altura inserción ubre												0.03	0.43	0.55	0.37	-0.09	0.5		0.6
14 Anchura inserción ubre												-0.16	0.4	0.8	0.35	-0.05	0.37		0.56
15 Ligamento medio												0.64	0.9	0.36	0.61		0.13	0.54	0.56
16 Profundidad de ubre												0.44	0.19	-0.24	-0.6	0.2		0.18	0.03
17 Textura												0.53	0.82	0.68	0.6	-0.81	0.24		0.52
18 Puntos finales	0.79	0.77	0.74	0.84	0.81	-0.36	0.72	0.35	-0.07	0.77	0.81	0.78	0.37	0.05	0.73	0.05	0.84		

Figura 1. Distribución de valores genéticos para puntos finales.



DISCUSION

En este trabajo se encontró una tendencia similar a la de otros estudios (21,22, 23, 24, 25, 26, 27), donde las características de estructura y capacidad muestran valores de h^2 más altos que el resto, asimismo, se observó la tendencia que otros autores han indicado, en el sentido de que los análisis univariados y multivariados con REML proporcionan estimadores de h^2 similares (6, 20).

En este estudio se encontró que algunas características de ubre como profundidad, textura, ligamento medio y anchura de inserción ubre posterior resultaron con valores bajos de h^2 . Los rasgos de ubre más heredables fueron inserción de ubre anterior, posición de pezones anteriores y altura de ubre posterior. Los valores estimados para estos rasgos están de acuerdo a un análisis similar realizado en México (21), donde se usaron los datos de las rondas de 1994 y 1995, aunque los valores en ese trabajo son inferiores a los obtenidos por otros autores que señalan h^2 dentro de un rango de 0.18 a 0.24 y 0.18 a 0.33 para inserción de ubre anterior y posición de pezones, respectivamente y de 0.19 a 0.35 para altura de ubre posterior (5, 6, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28). Una causa posible de estas bajas h^2 , es que dada la importancia que el sistema mamario tiene en la asignación de la calificación lineal es posible que el criterio de selección del ganadero se base principalmente en la selección de vacas con ubres con características deseables, lo que generaría grupos de vacas homogéneas en este rasgo de conformación, a partir de los cuales los calificadores sólo pueden identificar vacas con valores cercanos al óptimo que busca

el ganadero, lo que reduce la variación de estos rasgos, con la consecuente estimación de h^2 bajas. Esto conduciría a la necesidad de evaluar el sistema de calificación empleado, dada la menor variabilidad encontrada en algunos rasgos, como la calidad de hueso, la anchura de inserción posterior de la ubre, el ligamento medio suspensorio y la profundidad de ubre. Por otro lado, no debe descartarse la posibilidad de realizar investigaciones tendientes a ajustar mejor el modelo de análisis, de modo que se explique de un modo más adecuado la variación presente en la población bajo estudio, lo cual podría ser otra causa de las bajas h^2 estimadas.

La h^2 de profundidad de cuerpo de este trabajo también es inferior al rango observado en los análisis de los mismos autores. Sin embargo, la h^2 para estatura y profundidad de cuerpo de este trabajo son similares a las señaladas en Estados Unidos (23).

Los resultados de las correlaciones fenotípicas coinciden con lo que se ha informado en Canadá (29), y por otro lado, en Estados Unidos, se han señalado correlaciones fenotípicas de mayor magnitud (5). Las correlaciones fenotípicas entre rasgos lineales de conformación y puntos finales mostraron una amplia variación, con valores positivos altos entre los rasgos de ubre. Las altas correlaciones fenotípicas entre los rasgos de ubre y los puntos finales pueden deberse, en parte, al hecho de que el sistema mamario aporta el 40% de la calificación final, reflejando esta misma situación en las correlaciones genéticas.

En la mayoría de las investigaciones realizadas en otros países se percibe la

tendencia de que los rasgos de patas y pezuñas muestren h^2 bajas y correlaciones genéticas negativas entre sí. Esta misma tendencia se aprecia en los resultados de este trabajo, donde además, los valores de h^2 de los rasgos del sistema de patas y pezuñas mostraron valores aún más bajos que los valores indicados por otros autores (5, 29, 30, 31).

En este trabajo el sistema de anca mostró rasgos con h^2 baja, lo que coincide con otros autores. Se observa que la h^2 para anchura de anca es similar a la informada en Estados Unidos, en donde el rango para este rasgo va de 0.13 a 0.25 (5, 22, 23, 24).

El valor obtenido para anchura del anca en este análisis es menor al 0.29 informado en Canadá (32). Similarmente, la h^2 del ángulo del anca se ha estimado en un rango de 0.25 a 0.34 (6, 28, 29,31), valores que son mayores al obtenido en este trabajo.

Los valores de las correlaciones genéticas resultaron similares a los señalados por otros autores. La alta correlación genética entre profundidad de cuerpo y tamaño que se encontró en este trabajo, posiblemente se deba a que los calificadores utilizan como referencia principal la profundidad de cuerpo en la determinación del tamaño del animal. En este trabajo los rasgos de los sistemas de anca y patas y pezuñas, fueron los que mostraron correlaciones negativas, de -0.39 entre aplomo y calidad de hueso a -0.92 entre aplomo y ángulo de pezuñas. También se han estimado correlaciones negativas entre estos rasgos en Canadá y Estados Unidos, donde se ha señalado que estos rasgos tienen influencia importante sobre la producción de leche, por lo que los han incluido en sus índices

de selección. De modo similar a lo que se ha obtenido por otros autores, en este análisis los puntos finales mostraron altas y positivas correlaciones genéticas con casi todos los demás rasgos de conformación, a excepción de aplomos de patas, anchura de la inserción posterior de la ubre y la profundidad de la ubre, lo cual puede ser aprovechado en programas de mejoramiento.

El rango observado en las correlaciones fenotípicas y genéticas en los rasgos de estructura y capacidad es un resultado esperado, si se considera que estas características son las que más fácilmente evalúa el calificador y donde es posible encontrar mayores diferencias entre animales. En particular, la calidad de hueso, la anchura de la inserción posterior de la ubre, el ligamento medio suspensorio, la profundidad de ubre y la textura de ubre mostraron baja variabilidad (coeficientes de variación de 21, 29.2, 20.8, 15.3, 19.4, respectivamente), lo que es contrario a lo que sucede en Canadá y Estados Unidos, países que han ejercido una fuerte influencia genética sobre la población analizada, y donde estos rasgos muestran una mayor variación.

En la distribución de los valores genéticos predichos para puntos finales, puede notarse que pese a la selección a la que ha sido sometida la población bajo estudio, existe la posibilidad, dada la variación observada, de obtener mejora genética de la conformación. Una variación similar fue encontrada en la mayoría de los rasgos analizados, aunque esa información no se presenta en este trabajo.

Con los parámetros estimados en México se abre la posibilidad de realizar selección

indirecta sobre algunos rasgos de conformación que se consideran, aunque sea de modo empírico, de importancia económica. Por ejemplo, con relación al sistema de estructura y capacidad se observa que la h^2 para estatura es casi el doble de la de anchura de pecho y lomo, además, la correlación genética entre estatura y los otros dos rasgos es alta. Por otra parte en los rasgos de ubre, pese a sus bajos valores de h^2 , se encuentra que la inserción de ubre tiene una alta correlación genética con profundidad de ubre, ligamento medio suspensorio y textura, adicionalmente estos dos últimos rasgos también muestran correlación genética alta con la posición de los pezones anteriores.

Con base en la variación genética observada en la población bajo estudio y en los resultados obtenidos en este trabajo se puede concluir que los parámetros genéticos estimados para estatura, inserción de ubre, posición de pezones anteriores y puntos finales son factibles de usar, dada la importancia económica que tienen, en algún índice de selección que permitiría la mejoría en rasgos correlacionados con ellos. En este sentido, se requiere profundizar en investigaciones adicionales con el objeto de estudiar las relaciones entre rasgos de conformación y otros rasgos productivos de importancia económica en el ganado Holstein, como longevidad (mayor producción de por vida o habilidad para evitar el desecho involuntario por causas no productivas) o a producción de leche de mejor calidad (bajos conteos de células somáticas) que en el futuro serán necesarias conocer, para la elaboración de programas de mejoramiento genético del ganado

Holstein en México.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen la participación de los doctores Pedro Ochoa Galván, Carlos Sosa Ferreyra, Rafael Nuñez Domínguez, Ignacio Mondragón Vázquez y Mauricio Valencia Posadas en la discusión de los resultados, así como al Comité Revisor de la revista Técnica Pecuaria en México por los comentarios técnicos que permitieron mejorar el contenido de este trabajo.

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR CONFORMATION TRAITS IN HOLSTEIN CATTLE IN MEXICO

SUMMARY

Moro M J, Ruiz L F de J. *Téc. Pecu. Méx.* Vol 37 No 1 1999 pp 41-53 Records on 8954 Holstein cows classified for 17 linear conformation traits scored on a scale from 1 to 9 at first classification by the Holstein Association of Mexico were analyzed to estimate genetic parameters and to predict breeding values using both derivative free restricted maximum likelihood and best linear unbiased predictor methodologies with an animal model. The data base used was generated on 8 classification rounds between 1994 and 1997. The model included lactation, stage of lactation, herd-classification round, classifier as fixed effects, age at evaluation as both linear and quadratic covariable and additive breeding value of animal as random effect. The lowest values of heritabilities (h^2) were found for udder depth (0.06), udder texture (0.06), bone quality (0.06) and suspensory ligament (0.06), whereas the highest values were found for stature (0.28), size (0.23) and fore udder attachment (0.18). Phenotypic correlations show a wide range between -0.18 (median suspensory and pin setting) to 0.73 (stature and size). The lowest value of genetic correlation was -0.92 (set rear legs and foot angle) and the highest value was 0.97 between body depth and size. These results suggest that stature, udder attachment, teat placement and final score should be employed in selection programs and selection indexes have to be developed for the Mexican Holstein population.

KEY WORDS: Conformation traits, Holstein Cattle, Animal model, Heritabilities, Genetic correlations.

REFERENCIAS

1. Burnside E B, McClintock A E, Hammond K. Type, production and longevity in dairy cattle: a review. *Animal Breeding Abstracts* 1984; 52:711.
2. Brotherstone S, Hill W G. Dairy herd life in relation to linear traits and production. 1. Phenotypic and genetic analyses in pedigree type classified herds. *Anim. Prod.* 1991a; 53:279.
3. Brotherstone S, Hill W G. Dairy herd life in relation to linear traits and production. 2. Genetic analyses in pedigree and non-pedigree cows. *Anim. Prod.* 1991b; 53:289.
4. Misztal I, Short F H, Lawlor T J, Vanraden P M. Multiple -trait estimation of variance components of yield and type traits using an animal model. *J. Dairy Sci.* 1992; 75:544.
5. Short T H, Lawlor T J. Genetic parameters of conformation traits, milk yield, and herd life in Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1992; 75:1987.
6. Ducrocq V. Genetic parameters for type traits in the French Holstein breed based on a multiple-trait animal model. *Livest. Prod. Sci.* 1993; 36:143.
7. Dekkers C M. Theoretical basis for genetic parameters of herd life and effects on response to selection. *J. Dairy Sci.* 1993; 76:1433.
8. Veerkamp R F, Hill W G, Stott A W, Brotherstone S, Simm G. Selection for longevity and yield in dairy cows using transmitting abilities for type and yield. *Animal Science* 1995; 61: 189.
9. Pollack E J, Van der Werf J, Quass R L. Selection bias and multiple trait evaluation . *J. Dairy Sci.* 1984; 67:1590.
10. Van Vleck D, Nuñez-Domínguez R. Evaluaciones genéticas de toros y vacas lecheras con el modelo animal. *Agrociencia* 1992; 2:33.
11. Banks B D, Mao I L, Walter J P. Robustness of restricted maximum likelihood estimator derived under normality as applied to data with skewed distributions. *J. Dairy Sci.* 1985; 68:1785.
12. Sosa F C F. Multivariate estimation of variance and covariance components using restricted maximum likelihood in dairy cattle. Massey University , Ph. D. Thesis, 1992.
13. Van der Werf J H J, Meuwissen T H E, De Jong G. Effects of correction for heterogeneity of variance on bias and accuracy of breeding value estimation for Dutch dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 1994; 77:3174.
14. Jairath L K, Hayes J F, Cue R I. Multitrait restricted maximum likelihood estimates of genetic and phenotypic parameters of lifetime performance traits for Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1994; 77:303.
15. ICAR (International Committee for Animal Recording). International Agreement of recording practices. 1995. Rome.
16. Patterson H D, Thompson R. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. *Biometrika* 1971; 58:545.
17. Meyer, K. DFREML - A set of programs to estimate variance components under an individual animal model. *Proc. Of the Animal Model Workshop, J. Dairy Sci.* 1988; 71 (supp. 2):33.
18. Boldman K G, Kriese L A, Van Vleck L D, Van Tassel C P, Kachman S D. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. U. S. Department of Agriculture, Agricultural Research Services. 1995.
19. Henderson C R. Applications of linear models in animal breeding. Univ. Guelph. 1984.
20. Colleau J J, Beaumont C, Regaldo D. Restricted maximum likelihood (REML) estimation of genetic parameters for type traits in Normande cattle breed. *Livest. Prod. Sci.* 1989; 23:47.
21. Pérez N M I, Ruiz L F de J. Estimación de parámetros genéticos para algunas características de conformación de ubre y puntos finales en ganado Holstein de registro en México. *Téc. Pecu. Méx.* 1998; 36: 25.
22. Thomas C L, Vinson W E, Pearson R E, Norman H D. Components of genetic variance and covariance for linear type traits in Jersey cattle. *J. Dairy Sci.* 1985; 68:2989.
23. Klei L, Pollack E J, Quass R L. Genetic and environmental parameters associated with linearized type appraisal scores. *J. Dairy Sci.* 1988; 71:2744.

PARAMETROS GENETICOS DE CONFORMACION BOVINOS HOLSTEIN MEXICO

24. Foster W W, Freeman A E, Berger P J. Association of type traits scored linearly with production and herd life of Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1989; 72:2651.
25. Brotherstone S, MacManus C M, Hill W G. Estimation of genetic parameters for linear and miscellaneous type traits in Holstein-Friesian dairy cattle. *Livest. Prod. Sci.* 1990; 26:177.
26. Smothers C D, Pearson R E, Hoeschele I. Herd final score and its relationships to genetic and environmental parameters of conformation traits of United States Holsteins. *J. Dairy Sci.* 1993; 76:1671.
27. Diers H, Swalve H. Estimation of genetic parameters and breeding values for linear scored type traits. *World Review of Animal Production* 1990; 25:67.
28. Lund T, Miglior F, Dekkers J C M, Burnside E B. Genetic relationships between clinical mastitis, somatic cell count, and udder conformation in Danish Holsteins. *Livest. Prod. Sci.* 1994; 39:243.
29. Klassen D J, Monardes H G, Jairath L, Cue I R, Hayes J F. Genetic correlations between lifetime production and linearized type in Canadian Holstein. *J. Dairy Sci.* 1992; 75:2272.
30. Meyer K, Brotherstone S, Hill W G. Inheritance of linear type traits in dairy cattle and correlations with milk production. *Anim. Prod.* 1987; 44:1.
31. Brotherstone, S. Genetic and phenotypic correlations between linear type traits and production traits in Holstein-Friesian dairy cattle. *Anim. Prod.* 1994; 59:183.
32. Schaeffer L R. Estimates of variance components for Holsteins -type sires. *Can. J. Anim. Sci.* 1983; 63:763.