

**Parámetros y tendencias genéticas de variables de crecimiento para bovinos  
Rimosinuano en México**  
**Genetic parameters and trends of growth traits for Rimosinuano cattle in  
Mexico**

Ricardo E. Martínez Rocha<sup>1</sup>

Rodolfo Ramírez Valverde<sup>1</sup>

Rafael Núñez Domínguez<sup>1</sup>

José G. García Muñiz<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidad Autónoma Chapingo, Departamento de Zootecnia. Posgrado en Producción Animal. Chapingo, México

Autor para correspondencia: Rodolfo Ramírez Valverde, E-mail: rodolfov@correo.chapingo.mx

**Resumen**

**Introducción:** Los bovinos Rimosinuano son originarios de Colombia, pero en México hay ganaderos dedicados a su cría desde hace dos décadas. Su población en México es pequeña y no se encontraron estudios que documenten aspectos elementales para establecer un programa de mejoramiento genético en esta población. El objetivo de este estudio fue estimar los parámetros genéticos de pesos al nacimiento (PN) y al destete ajustado a 240 d (PD), así como documentar las tendencias genéticas para estas dos características en la población Rimosinuano de México.

**Método:** La base de datos provino de la “Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Rimosinuano y Criollo Lechero Tropical, A. C.”. La información utilizada incluyó 895 registros de PN y 517 de PD. El pedigrí incluyó 4,537 animales nacidos entre 1950 y 2016. Los análisis fueron realizados mediante el programa ASReml, preliminarmente usando modelos univariados para identificar los mejores, mediante la prueba de razón de verosimilitudes. El modelo animal

bivariado para ambas características incluyó los efectos fijos de grupo contemporáneo (año-hato-época-sexo), la covariable edad de la madre al parto, lineal y cuadrática, y la covariable lineal de la proporción de genes Romosinuano. Los efectos aleatorios fueron los genéticos aditivos directos y la interacción semental por grupo contemporáneo para ambas características, más los genéticos aditivos maternos para PD. Las tendencias genéticas fueron estimadas mediante regresión lineal simple del promedio de los valores genéticos sobre el año de nacimiento de los animales.

**Resultados:** Las estimaciones de heredabilidad para efectos directos fueron  $0.19 \pm 0.09$  y  $0.21 \pm 0.12$ , para PN y PD. La heredabilidad materna para PD fue  $0.04 \pm 0.05$ . La proporción de la varianza fenotípica explicada por la interacción semental por grupo contemporáneo fueron  $0.21 \pm 0.05$  y  $0.11 \pm 0.08$  para PN y PD. La correlación genética entre PN y PD fue alta y positiva ( $0.69 \pm 0.28$ ). Las tendencias genéticas para PN y PD no fueron diferentes de cero ( $P > 0.05$ ).

**Conclusión:** Las estimaciones de heredabilidad para PN y PD reflejan variabilidad genética suficiente para implementar un programa de selección en estas características.

**Palabras clave:** bovinos criollos; correlación genética; heredabilidad; peso al destete

## Abstract

**Introduction:** Romosinuano cattle is a breed originated in Colombia, but in Mexico there are organized breeders since two decades ago. This breed has a small population size in Mexico and no published studies documenting basic aspects to establish a breeding program were found. The objective of this study was to estimate genetic parameters for birth weight (BW) and weaning weight adjusted to 240 d (WW), as well as to document genetic trends for both traits, in the Romosinuano cattle population of Mexico.

**Method:** The database was provided by “Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Lechero Tropical A. C”. A total of 895 and 517 records of BW and WW were used. The pedigree included 4,537 animals born between 1950 and 2016. Analyses were carried out with the ASReml program. Preliminarily, univariate models were used to identify the best one for each trait, through the likelihood ratio test. The bivariate animal model included the fixed effects of contemporary group (year-herd-season-sex), calving age as linear and quadratic covariate, and the linear covariate proportion of Romosinuano gene. The random effects were direct additive genetic and sire by contemporary group interaction for both traits, plus maternal

additive genetic for WW. Genetic trends were estimated using linear regression of average breeding values on birth year of the animals.

**Results:** Estimations of direct heritability for BW and WW were  $0.19 \pm 0.09$  and  $0.21 \pm 0.12$ . Maternal heritability for WW was  $0.04 \pm 0.05$ . The proportion of phenotypic variance explained by the interaction of sire by contemporary group were  $0.21 \pm 0.05$  and  $0.11 \pm 0.08$ , for BW and WW, respectively. The genetic correlation between BW and WW was strong and positive ( $0.69 \pm 0.28$ ). Genetic trends for BW and WW were not different from zero ( $P > 0.05$ ).

**Conclusion:** The heritability estimates for BW and WW showed enough genetic variability to implement a selection program for these traits.

**Keywords:** creole cattle; genetic correlation; heritability; weaning weight

Recibido en 27/07/2018

Aceptado en 04/09/2018

## Introducción

El comportamiento productivo del ganado bovino en regiones tropicales generalmente es menor que en zonas templadas, debido parcialmente a las limitantes ambientales, como la menor calidad del alimento y la presencia de estrés por calor y humedad, lo que ocasiona mayor gasto de energía en el animal para el intercambio de calor hacia el exterior y la reducción de la ingesta de alimento (Finch, 1986). Los desafíos de varios de los sistemas de producción animal en las áreas tropicales, no sólo consisten en incrementar la producción de los animales sino también su resistencia a enfermedades y climas extremos, y a la escasez de agua y forraje. Los recursos genéticos bovinos con adaptación a climas cálidos son principalmente las razas de *Bos indicus*; sin embargo, algunas razas *Bos taurus*, como las denominadas criollas, pueden ser una alternativa viable en climas tropicales y su comportamiento productivo puede ser similar o superior que el de razas cebuínas (Hammond *et al.*, 1996).

En general, las razas criollas de América Central, del Caribe y Sudamérica, incluyendo al Romosinuano, han mostrado adaptación a los retos ambientales de zonas tropicales y subtropicales del mundo (De Alba, 2011). Las razas criollas bovinas han evolucionado en condiciones adversas, lo que surge que son animales que poseen genes para adaptación en frecuencias distintas a las de razas exóticas, por lo que es conveniente caracterizar, conservar y utilizar de manera sostenible estos recursos (Núñez-Domínguez *et al.*, 2016).

La raza Romosinuano es una raza criolla desarrollada en Colombia, que actualmente se encuentra en otros países de América, principalmente en Costa Rica, Estados Unidos, Venezuela y México (De Alba, 2011). Una característica sobresaliente en este ganado es su resistencia al estrés por calor y a la alta humedad, así como a contingencias que se presentan en las zonas tropicales de América, como la presencia de parásitos externos e internos, plagas y enfermedades (Scharf *et al.*, 2010; Carroll *et al.*, 2011, 2012).

Domínguez-Viveros *et al.* (2009) mencionan que es importante identificar animales superiores genéticamente, para lograr una mejor eficiencia productiva y de características deseables en el producto final. En México, existen ganaderos organizados dedicados a la cría de Romosinuano desde 1998 (De Alba, 2011), actualmente con hatos ubicados en Campeche, Michoacán, Tabasco, Tamaulipas y Veracruz; sin embargo, no se encontraron estudios que sirvan como base para establecer programas de mejoramiento genético. El conocimiento de parámetros genéticos es necesario para evaluar las posibilidades de mejoramiento genético de la raza Romosinuano en México. El objetivo de este estudio fue estimar parámetros y tendencias genéticas de variables de crecimiento en la población de ganado Romosinuano que se encuentra en México.

## **Método**

### **Origen y características de los datos**

La información genealógica y productiva utilizada en este estudio provino de la “Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Criollo Lechero Tropical A. C. (AMCROLET)”, donde se tomaron los datos de la identificación del animal y de sus padres, sexo, criador, fecha de nacimiento, y los datos productivos de peso al nacimiento y al destete. Los registros de comportamiento provienen de ranchos ubicados en áreas tropicales de México (estados de Veracruz y Tabasco), en donde los animales son alimentados únicamente con base en pastoreo de praderas (principalmente *Brachiaria brizantha* y *Cynodon plectostachyus*). Los becerros son destetados aproximadamente a los ocho meses de edad.

Las características estudiadas fueron los pesos al nacimiento (PN) y al destete ajustado a 240 días (PD). Los registros de pesos usados en los análisis fueron obtenidos de animales nacidos entre 2002 y 2016, provenientes de cuatro unidades de producción. Se depuró la base de datos, eliminando animales con errores en sus fechas de nacimiento, con padres desconocidos, muy alejados de la media general de cada característica ( $\pm 3\sigma$ ), que no pertenecieran a un grupo contemporáneo (GC = año, hato, época, sexo) y pertenecientes a GC que no presentaran conectividad genética entre ellos; esto último fue determinado usando el programa AMC (Roso y Schenkel, 2006). La información final utilizada incluyó 895 registros de PN y 517 de PD. Las edades de las madres al parto variaron entre 1.7 y 17.7 años. El archivo de pedigrí tuvo información desde 1950 hasta 2016, con un total de 4,537 animales. Una descripción general con los estadísticos obtenidos de los registros se muestra en el Cuadro 1.

**Cuadro 1.** Estructura y estadísticos descriptivos de la información analizada.

<b>Concepto</b>	<b>Peso al nacimiento</b>	<b>Peso al destete</b>
Registros de crecimiento, No.	895	517
Grupos contemporáneos, No.	119	73
Sementales, No.	78	56
Madres, No.	648	251
Media $\pm$ D.E., kg	27.1 $\pm$ 4.9	147.2 $\pm$ 27.6

## Análisis estadístico

Las estimaciones de componentes de varianza fueron obtenidas por máxima verosimilitud restringida (REML), usando el programa ASReml (Gilmour *et al.*, 2015). Con el propósito de establecer el modelo de mejor ajuste para análisis univariados de PN y PD, se realizaron pruebas de significancia para identificar efectos fijos y aleatorios importantes.

Para seleccionar los efectos fijos en las características evaluadas, los modelos iniciales incluyeron el grupo contemporáneo, la covariable edad de la madre al parto (efectos lineal y cuadrático), y la covariable lineal de la proporción de genes Romosinuano (0.5 a 1). La significancia de los efectos ( $P < 0.05$ ) fue realizada mediante la prueba del Estadístico de Wald del programa ASReml (Gilmour *et al.*, 2015).

Para seleccionar los efectos aleatorios a incluir en el modelo final, se utilizaron modelos iniciales univariados donde se incluyeron los efectos: genético aditivo directo, genético aditivo materno (ignorando y considerando la correlación entre efectos directos y maternos), ambiente permanente, grupo contemporáneo (en lugar de éste como efecto fijo), interacción de semental por grupo contemporáneo, e interacción de semental por hato. Para considerar significativo un efecto, se realizaron pruebas de proporción de verosimilitudes ( $-\log L$ ) que se basan en las diferencias entre los logaritmos de las funciones de verosimilitud estimadas en el programa y comparadas con el valor de Chi-cuadrada con  $p$  grados de libertad, donde  $p$  es igual a la diferencia en el número de parámetros entre los modelos (Domínguez-Viveros *et al.*, 2009).

Con base en los efectos significativos de análisis preliminares, se realizó un análisis final con el modelo animal bivariado para PN y PD, con el fin de estimar los componentes de varianza y parámetros genéticos. La notación matricial para el modelo fue:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u_1 \\ u_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & N_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} m_1 \\ m_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} s_1 \\ s_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Donde  $\mathbf{y}$  es vector de observaciones,  $\mathbf{b}$  es vector de efectos fijos,  $\mathbf{u}$  es vector de efectos aleatorios genéticos aditivos directos,  $\mathbf{m}$  es vector de efectos aleatorios genéticos aditivos maternos (sólo en PD),  $\mathbf{s}$  es vector de efectos aleatorios para la interacción semental por grupo contemporáneo, y  $\mathbf{e}$

es vector de efectos residuales;  $X$ ,  $Z$ ,  $N$  y  $W$  son matrices de incidencia para su vector correspondiente; y los subíndices 1 y 2 corresponden a las características de PN y PD, respectivamente. Las suposiciones del modelo fueron:

$$\begin{pmatrix} y \\ u \\ m \\ s \\ e \end{pmatrix} \sim N \left( \begin{bmatrix} Xb \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} V & ZG & NM & WS & R \\ GZ' & G & 0 & 0 & 0 \\ NM' & 0 & M & 0 & 0 \\ SW' & 0 & 0 & S & 0 \\ R & 0 & 0 & 0 & R \end{bmatrix} \right)$$

Donde  $V = ZGZ' + NMN' + WSW' + R$ ,  $G = A \otimes G_0$ ,  $M = A \otimes M_0$ ,  $S = I_s \otimes S_0$ ,  $R = I_e \otimes R_0$ ,  $A$  es la matriz de relaciones genéticas aditivas entre los animales,  $G_0$  es la matriz de (co)varianzas para los efectos genéticos aditivos directos entre PN y PD,  $M_0$  es la matriz de (co)varianzas para los efectos genéticos aditivos maternos,  $S_0$  es la matriz de (co)varianzas para la interacción semental por grupo contemporáneo entre PN y PD,  $R_0$  es la matriz de (co)varianzas para los efectos residuales entre ambas características,  $I_s$  es la matriz identidad de orden igual al número de interacciones semental por grupo contemporáneo,  $I_e$  es la matriz identidad de orden igual al número de registros, y  $\otimes$  es el producto Kronecker.

Las tendencias genéticas para las estimaciones de PN y PD directo, y de PD materno fueron calculadas mediante regresión lineal del promedio de los valores genéticos sobre el año de nacimiento de los bovinos, utilizando el procedimiento REG del paquete estadístico SAS (SAS, 2013). Los animales con registro en el pedigrí fueron nacidos desde el año 1950; sin embargo, dado que antes de 1998 (año del establecimiento legal de AMCROLET) se tuvieron pocos o ningún registro en años específicos, las tendencias genéticas se reportan sólo para animales nacidos durante el periodo de 1998 a 2016.

## Resultados y discusión

En los modelos univariados, para ambas características, los estimadores de varianza genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ) y heredabilidad directa ( $h_d^2$ ) se redujeron al introducir el efecto genético materno al modelo, aunque el valor de  $-\log L$  no se redujo, tendencias que fueron similares a las observadas por Meyer (1992). Para PN, cuando se consideró la covarianza entre los efectos genéticos directos y maternos en el modelo, no hubo un cambio significativo en el valor de  $-\log L$  y para PD no se obtuvo la convergencia; esto último podría indicar que los datos no fueron suficientes para estimar los componentes de (co)varianza en algunos modelos. Las estimaciones finales de (co)varianzas y parámetros genéticos obtenidas en el análisis bivariado se muestran en el Cuadro 2.

**Cuadro 2.** Valores estimados de (co)varianzas, y parámetros genéticos y ambientales para pesos al nacimiento (PN) y al destete (PD) de la raza Romosinuano en México.

Estimadores	PN	PD
Varianza genética aditiva directa, $\text{kg}^2$	3.27 (1.25)*	121.97 (76.23)
Varianza genética aditiva materna, $\text{kg}^2$	---	22.34 (30.61)
Varianza de la interacción SxGC** ( $\sigma_{sxgc}^2$ ), $\text{kg}^2$	3.70 (0.87)	68.25 46.74)
Varianza residual, $\text{kg}^2$	10.39 (1.21)	379.08 (57.35)
Varianza fenotípica ( $\sigma_p^2$ ), $\text{kg}^2$	17.37 (1.00)	591.67 (51.10)
Heredabilidad directa	0.19 (0.08)	0.21 (0.12)
Heredabilidad materna	---	0.04 (0.05)
$\sigma_{sxgc}^2/\sigma_p^2$	0.21 (0.05)	0.11 (0.08)

\* Valores dentro de paréntesis representan los errores estándar respectivos.

\*\* SxGC = semental por grupo contemporáneo.

### Heredabilidad directa

Para PN se estimó un valor de heredabilidad directa ( $h_d^2$ ) con igual magnitud que la reportada por Ossa *et al.* (2014) para esta raza en Colombia (0.19), y ligeramente menor que la estimación (0.25) obtenida por Martínez y Pérez (2006). Considerando valores publicados para otras razas criollas, el estimador en este estudio también fue menor que los reportados por Ossa *et al.* (2008)



en la raza Costeño con Cuernos (0.28) y por Martínez *et al.* (2009b) para la raza Blanco Orejinegro (0.38); sin embargo, el valor obtenido en este estudio fue superior al estimado por Martínez *et al.* (2009a) en Sanmartinero (0.15). Para estimaciones de heredabilidad de PN en México, se han encontrado valores mayores en Charolais (0.22; Ríos *et al.*, 2007) y Simmental (0.40; Rosales-Alday *et al.*, 2004); y valores menores han sido reportados por Ramírez-Valverde *et al.* (2007) en Tropicarne (0.07).

En el presente estudio, la estimación de  $h_a^2$  para PD fue ligeramente mayor que la estimada para PN (Cuadro 2); sin embargo, este valor (0.21) fue menor que el publicado como promedio (0.24) de valores provenientes de varios estudios con bovinos para carne en el mundo (Ríos, 2008). El valor obtenido en este estudio fue mayor que el reportado por Ossa *et al.* (2014) para esta misma raza (0.13), pero menor que el reportado por Martínez y Pérez (2006) también para la misma raza (0.25); además, también resultó ser mayor que el valor estimado por Martínez *et al.* (2009b) para la raza criolla Blanco Orejinegro (0.18), similar a la estimación (0.21) para Costeño con Cuernos (Martínez *et al.*, 2006), pero menor que el estimado (0.32) en la raza Sanmartinero (Martínez *et al.*, 2009a). En comparación con otros estudios realizados para otras razas bovinas en México, la estimación de  $h_a^2$  del presente estudio para PD fue mayor que la reportada por Domínguez-Viveros *et al.* (2009) en Brangus (0.20) y Salers (0.13), pero menor que las estimadas por Segura-Correa *et al.* (2012) en Suizo Europeo (0.40), y por Ríos *et al.* (2007) en Charolais (0.33).

Algunos valores estimados para este parámetro difieren más por la diferencia en los modelos utilizados, que por la diferencia en variabilidad genética que se encuentra en cada población, ya que la  $h_a^2$  también es afectada por la magnitud de todos los componentes de varianza incluidos en el modelo. Otra razón por la cual los resultados pueden ser diferentes, es debida al número de observaciones para la característica estudiada y el método de estimación. La estimación de  $h_a^2$  para PD obtenida en el presente estudio resultó ser moderada, aunque de suficiente magnitud para mejorar esta característica a través de selección.

## **Heredabilidad materna**

La heredabilidad materna ( $h_m^2$ ) de PN no se presenta en este estudio, debido a que la varianza genética materna no tuvo efecto significativo ( $P > 0.05$ ) al incluirse en el modelo preliminar. Algunos autores han reportado que en razas bovinas hay poco o nulo efecto materno en el peso del becerro al nacer. Para Romosinuano, Ossa *et al.* (2014) estimaron una  $h_m^2$  de 0.003 en Colombia, y Martínez y Pérez (2006) reportaron un valor de 0.05. Martínez *et al.* (2006) publicaron una estimación de  $h_m^2$  de 0.01 en la raza Costeño con Cuernos.

La estimación de  $h_m^2$  para PD resultó baja comparada con la media de este parámetro (0.17) reportada por Ríos (2008), con información proveniente de varios estudios con bovinos para carne en el mundo. En estudios similares con esta raza en Colombia, Ossa *et al.* (2014) obtuvieron un valor de  $h_m^2$  más alto (0.08) que el de este estudio. En otras razas criollas como Blanco Orejinegro (Martínez *et al.*, 2009b), Costeño con Cuernos (Martínez *et al.*, 2006) y Sanmartinero (Martínez *et al.*, 2009a) también se han reportado valores relativamente bajos de  $h_m^2$  (0.05, 0.05 y 0.11, respectivamente). Comparando el valor obtenido de  $h_m^2$  con el obtenido en estudios con otras razas de bovinos para carne en México, el estimado en el presente estudio fue igual al reportado por Domínguez-Viveros *et al.* (2009) para Salers (0.04) y similar al de Pardo Suizo (0.05) reportado por Segura-Correa *et al.* (2012); sin embargo, fue menor a los valores estimados en razas como Simmental (0.19; Rosales-Alday *et al.*, 2004) y Charolais (0.17; Ríos *et al.*, 2007). Considerando las similitudes entre valores de  $h_m^2$  en razas criollas, la estimación de este parámetro para bovinos Romosinuano es congruente con lo esperado, lo que significa que el ambiente materno (producción de leche principalmente) no tiene un efecto determinante en el crecimiento predestete de los bovinos Romosinuano. Sin embargo, debido al error estándar obtenido en  $h_m^2$ , es recomendable realizar futuras estimaciones con un mayor número de registros y evaluar los posibles cambios en los parámetros y la estabilidad de los valores genéticos de los animales.

### **Interacción semental por grupo contemporáneo**

La inclusión de la interacción semental x grupo contemporáneo fue significativa tanto para PN como para PD, lo que coincide con diversos estudios (Gutiérrez *et al.*, 2006; Gallegos-Ramírez *et al.*, 2011; Naser *et al.*, 2012) documentando la importancia de la inclusión de este efecto en la predicción de valores genéticos. Para el caso de PN, la proporción de la varianza fenotípica explicada por la interacción semental x grupo contemporáneo ( $s^2$ ) fue un valor muy alto (0.21). Esta estimación fue mayor que las publicadas para Asturiana de los Valles (Gutiérrez *et al.*, 2006), Brangus (Naser *et al.*, 2012) y Limousin (Van Niecker y Naser, 2006), con valores de 0.04, 0.07 y 0.13, respectivamente.

La estimación (Cuadro 2) de  $s^2$  para PD (0.11) fue menor que para PN. Sin embargo, este valor fue mayor que los publicados para Asturiana de los Valles (Gutiérrez *et al.*, 2006), Angus (Berweger *et al.*, 1999) y Brangus (Naser *et al.*, 2012), con estimaciones de 0.07, 0.07 y 0.10, respectivamente. Aunque es conocido que el mecanismo de acción en esta varianza es impreciso y más de un factor puede intervenir en esta característica, algunas razones pueden ser el trato preferencial de sementales con hembras seleccionadas (Notter *et al.*, 1992) o diferencias dentro de grupos contemporáneos no contabilizadas (Berweger *et al.*, 1999). Una de las razones posibles por las cuales  $s^2$  explicó gran parte de la varianza fenotípica en este estudio, está dada por las restricciones sanitarias para importar animales de esta raza de su país de origen, ya que esta población se maneja de manera prácticamente cerrada, por lo cual los empadres no son de manera aleatoria, dando así un trato preferencial a los sementales en algunos casos.

## **Correlación genética y ambiental entre características de crecimiento**

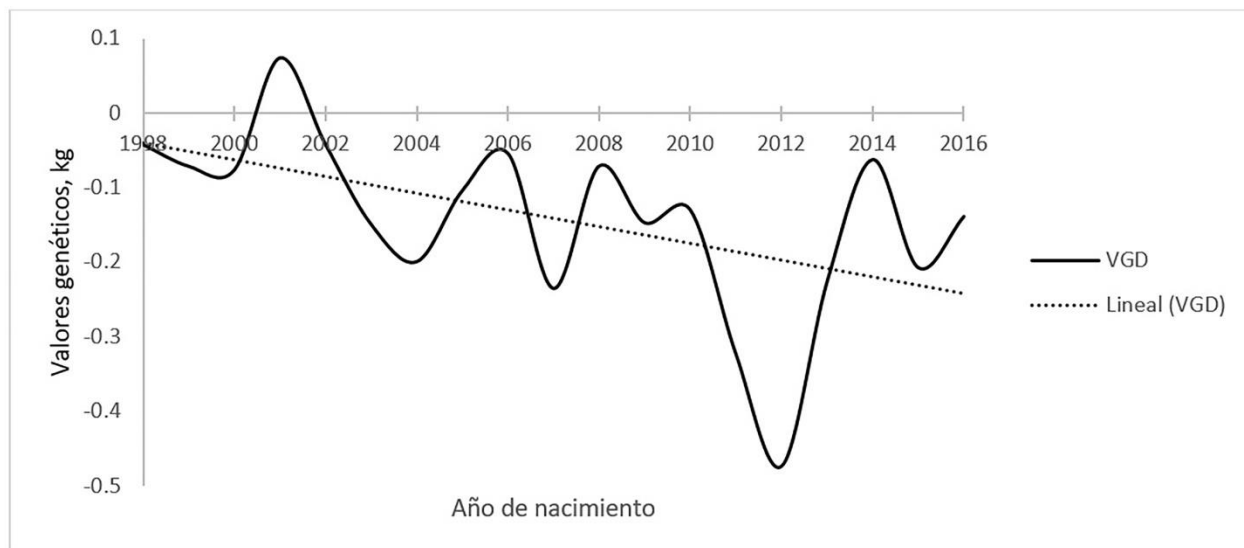
La estimación de coeficiente de correlación genética entre PN y PD ( $r_g$ ) fue  $0.69 \pm 0.28$ , la que puede ser considerada como una correlación alta. Lo anterior implica que si se realiza selección para incrementar el peso al nacer provocará también un aumento en el peso al destete y viceversa. Esta estimación fue mayor que las reportadas por Van Niecker y Naser (2006) en Limousin (0.41), y Meyer (1993) en Hereford (0.56). Valores superiores fueron reportados por Ossa *et al.* (2008) en Costeño con Cuernos (0.74), Meyer (1994) en Angus (0.76) y Naser *et al.* (2012) en

Brangus (0.78). En el presente estudio, la estimación de la correlación de residuales ( $r_e$ ) fue baja (0.07) y menor que los valores reportados por (Ossa *et al.*, 2008) para la raza Costeño con Cuernos (0.13) y por Robinson (1996) en Angus (0.14), lo que puede sugerir que el efecto ambiental es un tanto independiente entre PN y PD. La correlación fenotípica ( $r_p$ ) también presentó un valor bajo y positivo (0.15). Dado el valor de  $h_d^2$  para PD (0.21) y la  $r_g$  (0.69) entre PN y PD, se sugiere establecer criterios de selección simples con base en el PD, con el conocimiento de que en las razas criollas no se presentan a menudo dificultades al parto (Ossa *et al.*, 2011), aunque es conveniente supervisar los cambios ocurridos en PN a través del tiempo.

## Tendencias genéticas

La tendencia de los valores genéticos anuales promedio para PN fue variable a través de los años (Figura 1), negativa (-11 g/año), pero con pendiente no diferente de cero ( $P > 0.05$ ). Este resultado es favorable, pues generalmente no es conveniente que existan modificaciones importantes en el peso al nacimiento promedio de las crías para la población, excepto cuando algunas crías en particular nacen muy débiles o se tienen problemas de partos distócicos.

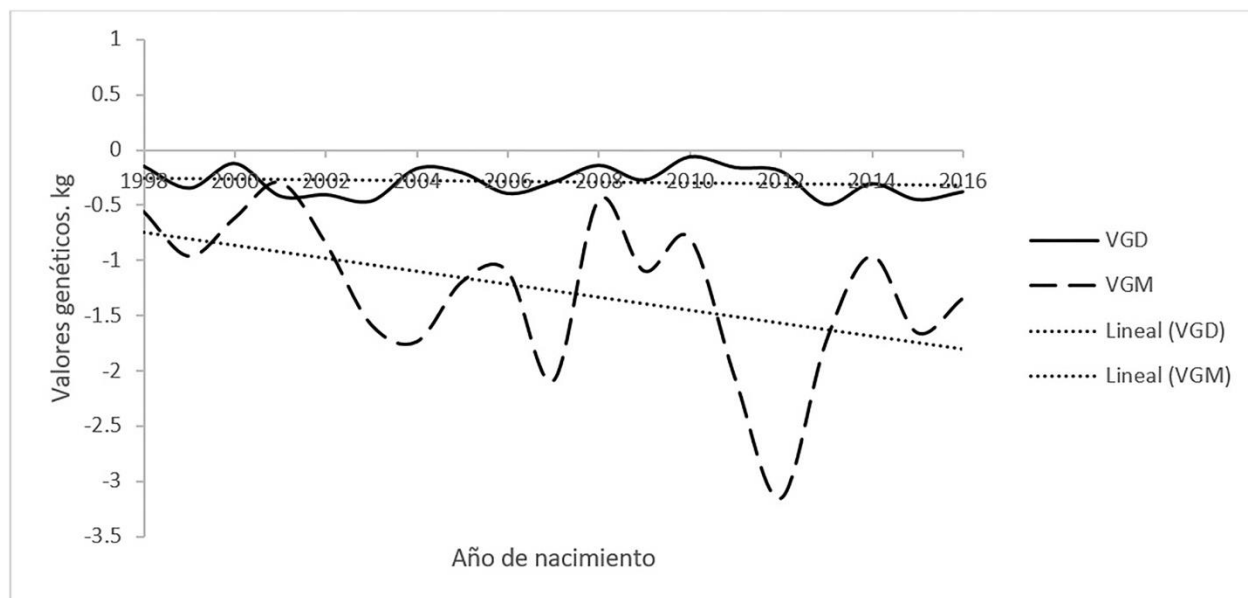
Estos resultados son similares a los valores publicados para otras razas criollas, Costeño con Cuernos (Ossa *et al.*, 2008) y Sanmartinero (Martínez *et al.*, 2009b), debido a que son poblaciones que tampoco se han sometido a programas de selección. Comparando los resultados con otras razas de bovinos para carne en México, en el caso tanto de Brangus como de Salers (Domínguez-Viveros *et al.*, 2009) se obtuvo una ligera tendencia negativa, con -9 ( $P > 0.01$ ) y -22 g/año ( $P > 0.05$ ), respectivamente, lo que los autores explican como resultado de la búsqueda de los criadores por evitar partos distócicos en ambas poblaciones.



**Figura 1.** Tendencia de los valores genéticos directos (VGD) para peso al nacimiento en bovinos Romosinuano.

Tomando en cuenta la tendencia de los valores genéticos directos y maternos para PD (Figura 2), se puede observar, que en forma similar a lo ocurrido con PN, no presentaron tendencias constantes, además que las pendientes tanto de los valores genéticos directos ( $P > 0.5$ ) como los maternos ( $P > 0.1$ ), aunque negativas (-9 y -18 g/año) no fueron diferentes de cero. En forma similar que para PN, la razón de que no se encuentre una tendencia en aumento que muestre un mejoramiento en estas características, puede ser debido a que no se ha realizado ningún programa de mejoramiento en la población Romosinuano de México, ya que recientemente se produjo la primera evaluación genética de estos animales (AMCROLET, 2017).

En otras razas que se encuentran en México y en las que se han realizado programas de selección, como en Brangus y Salers, se muestran tendencias genéticas para PD de 329 ( $P < 0.01$ ) y 46 ( $P > 0.10$ ) g/año, respectivamente (Domínguez-Viveros *et al.*, 2009). Así mismo, Parra-Bracamonte *et al.* (2007) reportaron una tendencia positiva ( $P < 0.05$ ) en ganado Brahman, con incrementos del 0.05% de la media de esa población. Martínez y Pérez (2006) reportaron para la raza Romosinuano en Colombia una tendencia de aumento (161 g/año), aunque no fue diferente de cero ( $P > 0.05$ ). Lo anterior sugiere la necesidad de un programa de selección en la población de Romosinuano en México, para el mejoramiento en estas características.



**Figura 2.** Tendencia de los valores genéticos directos (VGD) y maternos (VGM) para peso al destete en bovinos Romosinuano.

## Conclusiones

Aunque las estimaciones de las heredabilidades para peso al nacimiento y peso al destete son relativamente bajas en la población de bovinos Romosinuano en México, muestran suficiente variabilidad genética para mejorar el crecimiento predestete por medio de selección con base en valores genéticos predichos. Se recomienda continuar con el registro y análisis de información en la raza, para realizar evaluaciones genéticas con una mayor cantidad de datos productivos y genealógicos.

### Agradecimientos

Se agradece a la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Criollo Lechero Tropical, A. C. (AMCROLET) por facilitar la información de sus bases de datos genealógicos y productivos para el presente estudio. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT)

por el apoyo económico otorgado al primer autor para realizar estudios de Maestría en Ciencias en la Universidad Autónoma Chapingo.

## Referencias

- AMCROLET (Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Lechero Tropical, A C). (2017). Resumen de la evaluación genética para sementales Romosinuano 2016. Boletín Técnico. Chapingo, México.
- Berweger, B. M., Moll, J., Künzi, N. (1999). Comparison of models to estimate maternal effects for weaning weight of Swiss Angus cattle fitting a sire x herd interaction as an additional random effect. *Livestock Production Science*, 60, 203-208.
- Carroll, J. A., Burdick, N. C., Reutera, R. R., Chase, C. C. Jr, Spiers, D. E., Arthington, J. D., Coleman, S. W. (2011). Differential acute phase immune responses by Angus and Romosinuano steers following an endotoxin challenge. *Domestic Animal Endocrinology*, 41, 163-173.
- Carroll, J. A., Burdick, N. C., Chase, C. C. Jr, Coleman, S. W., Spiers, D. E. (2012). Influence of environmental temperature on the physiological, endocrine, and immune responses in livestock exposed to a provocative immune challenge. *Domestic Animal Endocrinology*, 43, 146-153.
- De Alba, M. J. (2011). *El Libro de los Bovinos Criollos de América*. México: Biblioteca Básica Agricultura (BBA). México, D. F.
- Domínguez-Viveros, J., Rodríguez-Almeida, F. A., Ortega-Gutiérrez, J. A., Flores-Mariñelarena, A. (2009). Selección de modelos, parámetros genéticos y tendencias genéticas en las evaluaciones genéticas nacionales de bovinos Brangus y Salers. *Agrociencia*, 43, 107-117.
- Finch, V. A. (1986). Body temperature in beef cattle: Its control and relevance to production in the tropics. *Journal of Animal Science*, 62, 531-542.
- Gallegos-Ramírez, R., Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., Ruíz-Flores, A., Rodríguez-Almeida, F. A. (2011). Sire x environment interaction on the estimation of the genetic correlation between direct and maternal effects for beef cattle. *Agrociencia*, 45, 687-697.
- Gilmour, A. R., Gogel, B. J., Cullis, B. R., Welham, S. J., Thompson, R. (2015). *ASReml user guide release 4.1 structural specification*. Hemel Hempstead: VSN International Ltd.

- Gutiérrez, J. P., Fernández, I., Álvarez, I., Royo, L. J., Goyache, F. (2006). Sire x contemporary group interactions for birth weight and preweaning growth traits in the Asturiana de los Valles beef cattle breed. *Livestock Science*, 99, 61–68.
- Hammond, A. C., Olson, T. A., Chase, Jr, C. C., Bowers, E. J., Randel, R. D., Murphy, C. N., Vogt, B. W., Tewolde, A. (1996). Heat tolerance in two tropically adapted *Bos taurus* breeds, Senepol and Romosinuano, compared with Brahman, Angus, and Hereford cattle in Florida. *Journal of Animal Science*, 74, 295-303.
- Martínez, R. A., Pérez, J. E. (2006). Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento en el ganado criollo colombiano Romosinuano. *Revista Corpoica - Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 7(1), 25-32.
- Martínez, R. A., Pérez, J. E., Herazo, T. (2006). Estimation of genetic parameters and variance components for growth traits in Costeño con Cuernos cattle in Colombian humid tropic. In: *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, pp. 32-20.
- Martínez, R. A., Onofre, G., Polanco, N. (2009a). Parámetros y tendencias para características de crecimiento en el ganado criollo Sanmartinero. *Revista Corpoica - Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 10(2), 196-204.
- Martínez, R., Gallego, J., Onofre, G., Pérez, J., Vásquez, R. (2009b). Evaluación de la variabilidad y potencial genético de poblaciones de bovinos criollos colombianos. *Animal Genetic Resources*, 44, 57-66.
- Meyer, K. (1992). Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Livestock Production Science*, 31, 179-204.
- Meyer, K. (1993). Covariance matrices for growth traits of Australian Polled Hereford cattle. *Animal Science*, 57(1), 37-45.
- Meyer, K. (1994). Estimates of direct and maternal correlations among growth traits in Australian beef cattle. *Livestock Production Science*, 38(2), 91-105.
- Neser, F. W. C., Van Wyk, J. B., Fair, M. D., Lubout, P., Crook, B. J. (2012). Estimation of genetic parameters for growth traits in Brangus cattle. *South African Journal of Animal Science*, 42(5), 469-473.
- Notter, D. R., Tier, B., Meyer, K. (1992). Sire x herd interactions for weaning weight in beef cattle. *Journal of Animal Science*, 70, 2359-2365.



- Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., Saavedra-Jiménez, L. A., García-Muñiz, J. G. (2016). La adaptabilidad de los recursos zoogenéticos criollos, base para enfrentar los desafíos de la producción animal. *Archivos de Zootecnia*, 65(251), 461-468.
- Ossa, G., Pérez, J. E., Guerra, D., González-Peña, D., Jiménez, F., Gallego, J., Polanco, N. (2008). Parámetros genéticos y tendencias genéticas de rasgos de crecimiento de la raza criolla colombiana Costeño con Cuernos. *Ciencia y Tecnología Ganadera*, 2(3), 133-139.
- Ossa S., G. A., Narváez P., H. J., Noriega M., J. G., Pérez G., J. E., Vergara G., O. D. (2014). Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento en una población de ganado criollo Romosinuano. *Livestock Research for Rural Development*, Volume 26, Article #191. Retrieved July 25, 2017, from <http://www.lrrd.org/lrrd26/10/ossa26191.html>.
- Ossa, G., Abuabara, Y., Pérez G., J. E., Martínez, G. (2011). El ganado Criollo Colombiano Costeño con Cuernos (CCC). *Animal Genetic Resources*, 48, 101-107.
- Parra-Bracamonte, G. M., Martínez-González, J. C., García-Esquivel, F. J., González-Reyna, A., Briones-Encinia, F., Cienfuegos-Rivas, E. G. (2007). Tendencias genéticas y fenotípicas de características de crecimiento en el ganado Brahman de registro de México. *Revista Científica, FCV-LUZ*, 17(3), 262-267.
- Ramírez-Valverde, R., Hernández-Alvarez, O. C., Núñez-Domínguez, R., Ruíz-Flores, A., García-Muñiz, J. G. (2007). Análisis univariado vs multivariado en la evaluación genética de variables de crecimiento en dos razas bovinas. *Agrociencia*, 41(3), 271-282.
- Ríos U., A., Martínez V., G., Tsuruta, S., Bertrand, J. K., Vega M., V. E., Montaña B., M. (2007). Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento de ganado Charolais mexicano. *Técnica Pecuaria en México*, 45(2), 121-130.
- Ríos U., Á. (2008). Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento predestete de bovinos. Revisión. *Técnica Pecuaria en México*, 46(1), 37-67.
- Robinson, D. L. (1996). Estimation and interpretation of direct and maternal genetic parameters for weights of Australian Angus cattle. *Livestock Production Science*, 45(1), 1-11.
- Rosales-Alday, J., Elzo, M. A., Montaña, M., Vega, V. E. (2004). Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento predestete en la población mexicana de Simmental. *Técnica Pecuaria en México*, 42(2), 171-180.

- Roso, V. M., Schenkel, F. S. (2006). AMC-a computer programme to assess the degree of connectedness among contemporary groups. Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, pp. 27-26.
- SAS (Statistical Analysis System) (2013). SAS/STAT User's Guide (Release 9.4). Cary, North Carolina. USA: SAS Inst Inc.
- Scharf, B., Carroll, J. A., Riley, D. G., Chase, C. C. Jr, Coleman, S. W., Keisler, D. H., Weaber R. L., Spiers, D. E. (2010). Evaluation of physiological and blood serum differences in heat-tolerant (Rimosinuano) and heat susceptible (Angus) *Bos taurus* cattle during controlled heat challenge. Journal of Animal Science, 88, 2321-2336.
- Segura-Correa, J. C., Chin-Colli, R. C., Magaña-Monforte, J. G., Núñez-Domínguez, R. (2012). Genetic parameters for birth weight, weaning weight and age at first calving in Brown Swiss cattle in Mexico. Tropical Animal Health and Production, 44(2), 337-341.
- Van Niecker, M., Neser, F. W. C. (2006). Genetic parameters for growth traits in South African Limousin cattle. South African Journal of Animal Science, 36(5, Supplement 1), 6-9.