

Impacto de las evaluaciones genéticas en las tendencias genéticas de bovinos Jersey y Suizo Americano en México

Impact of genetic evaluations on the genetic trends of Jersey and Brown Swiss cattle in Mexico

Neon Larios-Sarabia¹

Rodolfo Ramírez-Valverde¹

Rafael Núñez-Domínguez¹

José G. García-Muñiz¹

Agustín Ruíz-Flores¹

¹ Universidad Autónoma Chapingo, Departamento de Zootecnia, Posgrado en Producción Animal

Autor para correspondencia: José G. García-Muñiz, E-mail: jgarciamappa@hotmail.com

Resumen

Introducción: El hato bovino lechero especializado nacional presenta pocas estimaciones de tendencias genéticas estimadas en años recientes. Esta falta de información limita la evaluación del progreso genético obtenido y la estimación del impacto de las evaluaciones genéticas (EG) nacionales. Los objetivos del estudio fueron cuantificar el progreso genético de las poblaciones bovinas lecheras Jersey y Suizo Americano, antes y después de la implementación de las EG nacionales, así como analizar las principales causas del cambio genético estimado.

Método: Se utilizaron las bases de datos genealógicos y productivos de las respectivas asociaciones nacionales de criadores de ganado de registro. Se analizaron los valores genéticos de producción de leche (PL) ajustada a 305 y 210 días de lactancia, para los años de 1994-2015 y 1986-2016, para Jersey y Suizo Americano, respectivamente. Las tendencias genéticas se estimaron mediante la regresión ponderada por el número de animales de los valores genéticos sobre los años de nacimiento. Para analizar el progreso genético, las tendencias se estimaron por

periodos (considerando el inicio de las EG nacionales), rutas de selección, origen de los padres, hatos y por promedios ponderados de los sementales.

Resultados: En ambas razas las tendencias genéticas generales y por periodo para PL fueron significativamente diferentes de cero ($p<0.001$). En Jersey la tendencia fue $-21.3 \text{ kg año}^{-1}$ para el periodo completo, con una tendencia positiva antes de las EG nacionales (28.1 kg año^{-1}) y negativa ($-49.0 \text{ kg año}^{-1}$) después de éstas. En Suizo Americano la tendencia general fue 2.4 kg año^{-1} ; antes de las EG nacionales fue positiva, pero de baja magnitud (3.2 kg año^{-1}); después de las EG la tendencia se redujo aún más (0.43 kg año^{-1}). En ambas razas el mejoramiento genético antes y después de las EG nacionales no cambió su estructura en cuanto a las rutas de selección o el origen de los progenitores. Las mayores diferencias entre los promedios ponderados y los no ponderados fueron en aquellos años de mayor progreso genético, a diferencia de los últimos 10 años. También, se encontraron hatos con diferentes objetivos de selección a la mayoría de los criadores de la raza, y su exclusión (Jersey) o inclusión (Suizo Americano) del hato nacional de registro contribuyó con la caída del progreso genético para PL en el segundo periodo.

Conclusión: El progreso genético para PL de las poblaciones estudiadas ha sido bajo en Suizo Americano y negativo en Jersey, en ambas razas éste se redujo después del inicio de las EG nacionales, por lo que éstas no han tenido un impacto positivo determinante en el progreso genético para PL en estas poblaciones. Los resultados indican la necesidad de reestructurar el programa nacional de mejoramiento genético de las poblaciones estudiadas, con la participación conjunta de los actores involucrados en el sector.

Palabras clave: valor genético; mejoramiento genético; producción de leche; bovinos

Abstract

Introduction: The national specialized dairy herd has few estimates of genetic trends made in recent years. This lack of information limits the evaluation of both the genetic progress obtained and the estimation of the impact of national genetic evaluations (GE). The aims of this study were to estimate the genetic progress for Jersey and Brown Swiss dairy cattle populations, before and after the implementation of the national GE, and to analyze the main causes of the estimated genetic change.

Method: The genealogical and productive databases of the respective national associations of registered dairy cattle breeders were used. Breeding values for milk yield (MY), adjusted to 305

and 210 days in lactation, were analyzed for the periods 1994-2015 and 1986-2016, for Jersey and Brown Swiss, respectively. Genetic trends were estimated by weighted regression by the number of animals of breeding values over the years of birth. To analyze the genetic progress, trends were estimated by periods (considering the year of start of the national GE), selection paths, origin of parents, herds, and by weighted averages of the sires' breeding values.

Results: In both breeds the general and per period genetic trends for MY were significantly different from zero ($p<0.001$). For Jersey, the trend for the whole period was $-21.3 \text{ kg year}^{-1}$, with a positive trend before the national GE ($28.1 \text{ kg year}^{-1}$) and negative ($-49.0 \text{ kg year}^{-1}$) after them. For the Brown Swiss breed, the general trend was 2.4 kg year^{-1} ; before the national GE the genetic trend was positive but of low magnitude (3.2 kg year^{-1}); after the GE the genetic trend was reduced even further ($0.43 \text{ kg year}^{-1}$). In both breeds the genetic improvement before and after the national GE did not affect their structure in terms of the selection paths or origin of parents. The largest differences between weighted and unweighted averages were for those years with high genetic progress, unlike the last 10 years that showed the lowest genetic progress. Also, herds with selection objectives different to the majority of herds were found, and their exclusion (Jersey) or inclusion (Brown Swiss) from the national registered herd contributed significantly to decline the genetic progress for MY in the second period.

Conclusion: The genetic improvement of MY for the populations studied has been positive but low for Brown Swiss and negative for Jersey. The genetic progress in both breeds decreased after the implementation of the national GE, so they have not had a positive impact on genetic improvement of MY in these populations. The results indicate the need to restructure the national genetic improvement program of the dairy populations studied, with the joint participation of the actors involved in the sector.

Keywords: breeding value; genetic improvement; milk production; bovine

Recibido en: 09-12-2019

Aceptado en: 19-02-2020

Introducción

El progreso genético de una población puede cuantificarse estimando la respuesta a la selección o la tendencia genética. Esta última evalúa los cambios genéticos obtenidos a través de los años por el proceso de selección. Para los criadores de ganado, es imprescindible conocer las tendencias genéticas de la población en un programa de mejoramiento genético, con el fin de evaluar y dar seguimiento al progreso genético obtenido, y en su caso, ajustar los objetivos de selección que maximicen dicho progreso (Domínguez-Viveros *et al.*, 2003; Missanjo *et al.*, 2012).

Diversos estudios en varios países han estimado tendencias genéticas en razas bovinas lecheras con programas estructurados de mejoramiento genético, como Holstein (Pezeshkian *et al.*, 2016; Konkruea *et al.*, 2017; Kudinov *et al.*, 2018), Gyr (Canaza-Cayo *et al.*, 2016) y Jersey (Nizamani y Berger, 1996). Así mismo, con el fin de indagar sobre el origen del progreso genético, se han reportado diferentes formas de calcular las tendencias genéticas tales como por períodos (Canaza-Cayo *et al.*, 2016), por vías de selección (Nizamani y Berger, 1996; Canaza-Cayo *et al.*, 2016), por origen de los animales (Pezeshkian *et al.*, 2016; Konkruea *et al.*, 2017), con promedios ponderados por el número de progenie (Toledo *et al.*, 2014; Canaza-Cayo *et al.*, 2016; Pezeshkian *et al.*, 2016) e, incluso, a nivel de hatos (Sarakul *et al.*, 2011).

Las razas Holstein, Suizo Americano y Jersey constituyen principalmente el hato bovino lechero especializado nacional y los estudios sobre tendencias genéticas en estas poblaciones muestran ganancias genéticas de baja magnitud. Para producción de leche por lactancia (PL) en Holstein se reportaron valores de 29 kg año^{-1} (1970-1997; Valencia *et al.*, 1999), posteriormente para el periodo 2007 a 2011 también se reportó un incremento en los valores genéticos (Toledo *et al.*, 2014). En Jersey se encontraron tendencias genéticas positivas pero pequeñas para PL y producción de grasa por lactancia, con 10.67 y 0.21 kg año^{-1} , respectivamente (1990-2008; Larios, 2009). Estas pocas estimaciones realizadas en períodos no tan recientes limitan la evaluación del progreso genético obtenido y del impacto de las evaluaciones genéticas nacionales en las principales poblaciones de bovinos productores de leche en México.

Las primeras evaluaciones genéticas (EG) realizadas en México para poblaciones de bovinos lecheros iniciaron en 1999, en ganado Holstein, por el Centro Nacional de Investigación en Fisiología y Mejoramiento Animal del INIFAP (Valencia *et al.*, 1999). En 2004, la Universidad Autónoma Chapingo inició las EG para las razas Jersey y Suizo Americano

(Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). La implementación de estas EG es un paso importante en el mejoramiento genético de las poblaciones bovinas mexicanas, y a más de una década de llevarlas a cabo, se esperarían avances significativos en el progreso genético de esas poblaciones.

Se ha documentado que gran parte de la investigación sobre mejoramiento genético en México se ha enfocado en temas relacionados con EG en bovinos. Sin embargo, hasta antes de este estudio no existía una evaluación del progreso genético para producción de leche de las poblaciones Jersey y Suizo Americano, como resultado de la implementación de evaluaciones genéticas (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014a; Larios-Sarabia *et al.*, 2019). En este escenario, los objetivos de la presente investigación fueron cuantificar el progreso genético de las poblaciones bovinas lecheras Jersey (JE) y Suizo Americano (SA), antes y después de la implementación de las EG nacionales; además de analizar las principales causas del cambio genético estimado.

Método

Origen y características de los datos

Se utilizaron las bases de datos genealógicos y productivos de la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Jersey de Registro A. C. y la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro. Para JE la información de pedigrí incluyó 22,480 animales nacidos entre 1953 y 2016, 1,623 sementales y 11,011 vientres con crías registradas. Los registros de comportamiento productivo considerados en el análisis fueron 11,925, provenientes de 6,499 vacas nacidas entre 1992 y 2015 en 24 hatos. Para SA, el pedigrí fue 165,947 animales nacidos entre 1929 y 2017, e incluyó 5,441 sementales y 59,817 vientres con crías registradas, además de 9,420 registros productivos de 5,923 vacas nacidas entre 1984 y 2015 en 202 hatos.

Se analizó la PL ajustada a 305 (PL305) y 210 (PL210) días para JE y SA, respectivamente. Los registros de PL ajustados fuera del intervalo de confianza de $\pm 3\sigma$ se

descartaron del análisis. El grupo contemporáneo (GC) se definió combinando los efectos de hato, año y época de parto (lluvias y seca); y para PL210, además se incluyó régimen alimenticio. Posteriormente se determinó la conectividad entre GC usando el programa AMC (Roso y Schenkel, 2006), con el fin de descartar del análisis los GC no conectados genéticamente. El número final de observaciones y GC utilizados en la estimación de componentes de covarianza, parámetros y valores genéticos se presentan en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Estadísticos descriptivos y número de grupos contemporáneos (nGC) para producción de leche ajustada a 305 (PL305) y 210 (PL210) días.

Table 1. Descriptive statistics and number of contemporary groups (nGC) for lactation milk yield adjusted to 305 (PL305) and 210 (PL210) days.

Característica	N	Promedio	Desv. Est.	Mínimo	Máximo	nGC
PL305 (kg)	11,419	6,854.2	2,273.0	908.5	13,841.0	151
PL210 (kg)	8,565	3,380.4	970.1	800.9	6,682.4	722

Estimación de componentes de covarianza y valores genéticos

Para estimar los parámetros genéticos y predecir los valores genéticos de los animales, se utilizó el programa de máxima verosimilitud restringida, sin el uso de derivadas y multivariado ASReml (Gilmour *et al.*, 2015). Para el análisis de las características se utilizó el modelo animal univariado siguiente:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{W}\mathbf{p} + \mathbf{e}$$

Donde \mathbf{y} es el vector de registros de comportamiento para la variable estudiada; \mathbf{b} es el vector de efectos fijos, que incluyó el GC, y los efectos lineal y cuadrático de edad de la vaca al parto; \mathbf{u} es el vector de efectos genéticos aditivos directos; \mathbf{p} es el vector de efectos de ambiente permanente de la vaca; \mathbf{e} es el vector de efectos residuales; \mathbf{X} , \mathbf{Z} , y \mathbf{W} son las matrices de incidencia que asocian los vectores correspondientes con \mathbf{y} . La heredabilidad estimada para PL fue 0.23 ± 0.02 y 0.22 ± 0.03 , para JE y SA, respectivamente.

Estimación de tendencias

Las tendencias genéticas y fenotípicas se estimaron con el procedimiento REG del programa SAS (SAS, 2017), mediante regresión ponderada por el número de animales de los valores genéticos y productivos de los animales, sobre los años de nacimiento, respectivamente. Para analizar el progreso genético obtenido, también se estimaron tendencias genéticas por períodos, vías de selección, origen, hatos y por promedios ponderados de los sementales. Se analizaron los datos productivos de 1994-2014 y 1990-2013, y los valores genéticos de 1994-2015 y 1986-2016, para JE y SA. Los estadísticos descriptivos de los datos utilizados se presentan en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Estadísticos descriptivos de los valores fenotípicos (kg) y genéticos (kg) usados en la estimación de tendencias genéticas para producción de leche por lactancia¹.

Table 2. Descriptive statistics of phenotypic (kg) and genetic (kg) values used in estimating genetic trends for lactation milk yield¹.

Tendencias ²	Jersey			Suizo Americano		
	N	Promedio	Desv. Est.	N	Promedio	Desv. Est.
Fenotípica	11,350	6,856.11	2,274.59	8,560	3,379.29	968.67
Genética	14,581	86.11	416.50	142,220	45.76	62.84
<i>Por períodos</i>						
Anterior a las EG	8,824	198.97	373.52	42,777	66.88	57.86
Posterior a las EG	5,757	-86.88	419.65	99,443	36.67	62.71
<i>Por vía de selección</i>						
PT	201	113.21	449.63	2,458	55.05	75.28
PV	643	135.95	427.44	3,390	51.90	70.55
MT	455	134.22	398.09	29,328	40.53	67.17
MV	5,467	90.23	363.16	36,827	37.39	63.91
<i>Por origen de padres</i>						
Nal-Nal	3,554	-65.40	513.43	58,687	38.44	62.66
Ext-Nal	7,164	176.12	399.92	66,413	55.40	64.30
Ext-Ext	2,333	72.50	297.53	11,220	44.67	53.77
<i>Por sementales</i>						
No ponderados	2,428	125.87	475.80	13,393	48.67	81.44
Ponderados	12,525	114.72	703.67	82,120	57.07	96.32

¹ **Jersey** = Producción ajustada a 305 d; **Suizo Americano** = Producción ajustada a 210 d.

² **EG** = Evaluaciones Genéticas; **PT** = Padres de Toros; **PV** = Padres de Vacas; **MT** = Madres de Toros; **MV** = Madres de Vacas; **Nal** = Origen de parente nacional; y **Ext** = Origen de parente extranjero.

¹ **Jersey** = Production adjusted to 305 d; **Brown Swiss** = Production adjusted to 210

d.

² **EG** = Genetic Evaluations; **PT** = Sires of Bulls; **PV** = Sires of Cows; **MT** = Dams of Bulls; **MV** = Dams of Cows; **Nal** = Origin of sire national; and **Ext** = Origin of sire foreigner.

Los resultados de las primeras EG nacionales (sumario de sementales) para ambas razas se publicaron en 2004. Se consideró el 2006 como año de referencia para evaluar el impacto de las EG nacionales, dado que a partir de 2006 los animales nacidos en 2004 estarían disponibles como candidatos para ser seleccionados. Por consiguiente, tomando como referencia 2006, se definieron los periodos anterior y posterior a la implementación de las EG nacionales. Las tendencias genéticas por cada una de las cuatro vías de selección (Rendel y Robertson, 1950) se calcularon para: padres de toros (PT), padres de vacas (PV), madres de toros (MT) y madres de vacas (MV). Las tendencias por origen de los padres se realizaron clasificando a cada animal en tres grupos principales: hijos de ambos progenitores nacionales (Nal-Nal), hijos de ambos progenitores extranjeros (Ext-Ext), e hijos de un progenitor nacional y uno extranjero (Ext-Nal); en JE también se estimaron por origen de los padres de las vacas (PV y MV), clasificándolas como de origen nacional (Nal) o extranjero (Ext) de acuerdo con la nacionalidad de los padres.

El promedio no ponderado proporciona una estimación del mérito genético de los toros o vacas disponibles como reproductores, en cambio, el promedio ponderado se interpreta como una medida representativa del valor genético de los toros o vacas utilizados como progenitores de toros o vacas (Nizamani y Berger, 1996). Así, las diferencias entre los promedios ponderados y no ponderados ayudan a explicar las diferencias en el uso de toros y la representación de vacas por año en la población. Estas diferencias indican el tipo de toros y vacas que fueron elegidos predominantemente como progenitores en la población, y su impacto en los promedios genéticos anuales (Koonawootrittriron *et al.*, 2009). El promedio ponderado del valor genético de los sementales se estimó mediante:

$$\bar{X}_{ij} = \sum_{i=1}^n n_{ij} \hat{S}_i / n_{.j}$$

Donde \bar{X}_{ij} es el promedio ponderado del valor genético del i -ésimo semental en el j -ésimo año; n_{ij} el número de hijas del i -ésimo semental en el j -ésimo año; y \hat{S}_i el valor genético del i -ésimo semental (Hintz *et al.*, 1978).

Para el análisis de tendencias genéticas entre los hatos, éstos se agruparon con base en los coeficientes de regresión de cada hato (b) y el periodo de registro de animales (debido a que no todos los hatos presentaron animales en todos los años), posteriormente se obtuvo la tendencia genética de cada grupo.

Resultados y discusión

Tendencias fenotípicas

Las tendencias fenotípicas por año de nacimiento para PL fueron diferentes de cero ($p<0.0001$); en JE fue negativa (-132.7 ± 4.5 kg año $^{-1}$) y en SA fue positiva (51.3 ± 2.1 kg año $^{-1}$). En México, Valencia *et al.* (1999) estimaron ganancias anuales en Holstein de 151 kg año $^{-1}$ para el periodo 1970-1997. En Costa Rica (Vargas y Gamboa, 2008) encontraron para JE cambios anuales de 76.4 kg año $^{-1}$. Otros estudios en Holstein presentaron tendencias mayores en Irán (Yaeghoobi *et al.*, 2011) y Costa Rica (Vargas y Gamboa, 2008); aunque también se reportaron valores menores en Irán (Pezeshkian *et al.*, 2016) y Tailandia (Sarakul *et al.*, 2011; Konkruea *et al.*, 2017). En general, las tendencias fenotípicas en este estudio para SA estuvieron dentro del rango de tendencias publicado en otras poblaciones; sin embargo, para JE fue en un extremo negativo.

Las tendencias negativas en JE podrían atribuirse a factores ambientales adversos como enfermedades, alimentación deficiente, condiciones climáticas adversas, entre otras (Katok y Yanar, 2012). Sin embargo, también podrían atribuirse a cambios en la selección de reproductores, orientados explícitamente a mejorar características asociadas negativamente con volumen de producción de leche. En un estudio de caracterización del mejoramiento genético

realizado por criadores de JE en México, Larios-Sarabia *et al.* (2011) mencionan que los criadores manifestaron considerar como criterios más utilizados en la selección de reproductores, aquellos relacionados con características de conformación externa de los animales.

Tendencias genéticas

Las tendencias genéticas por año de nacimiento para PL en los periodos completos estudiados fueron -21.3 ± 0.6 y 2.4 ± 0.02 kg año $^{-1}$ (Fig. 1), y representan -0.31 y 0.07% del promedio fenotípico de las poblaciones JE y SA, respectivamente. En JE la tendencia fue positiva (28.1 ± 1.3 kg año $^{-1}$) antes de las EG nacionales. Sin embargo, ésta descendió considerablemente después de las EG de los animales (-49.0 ± 1.8 kg año $^{-1}$), afectando y haciendo negativa la tendencia del periodo general. Lo anterior sugiere posibles énfasis en selección para características diferentes a PL (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b), y poco uso de las EG de sus animales por parte de los criadores en fechas posteriores al inicio de las EG para PL305. Por su parte, en SA antes de las EG, el progreso, aunque positivo, fue de baja magnitud (3.2 ± 0.04 kg año $^{-1}$); posterior a las EG, las tendencias genéticas se redujeron aún más (0.43 ± 0.1 kg año $^{-1}$), por lo que el efecto de contar con EG en la tendencia general fue bajo. Las tendencias genéticas generales y por periodos fueron diferentes de cero ($p < 0.001$), con mayor variabilidad en la respuesta anual para JE que para SA. En general, estos resultados sugieren ausencia de impacto en PL para estas poblaciones, aun disponiendo de EG en sus animales. Lo anterior no es tan extraño, dada la utilización de estas razas para producir derivados de la leche, y considerando su ventaja de alta producción en componentes de la leche.

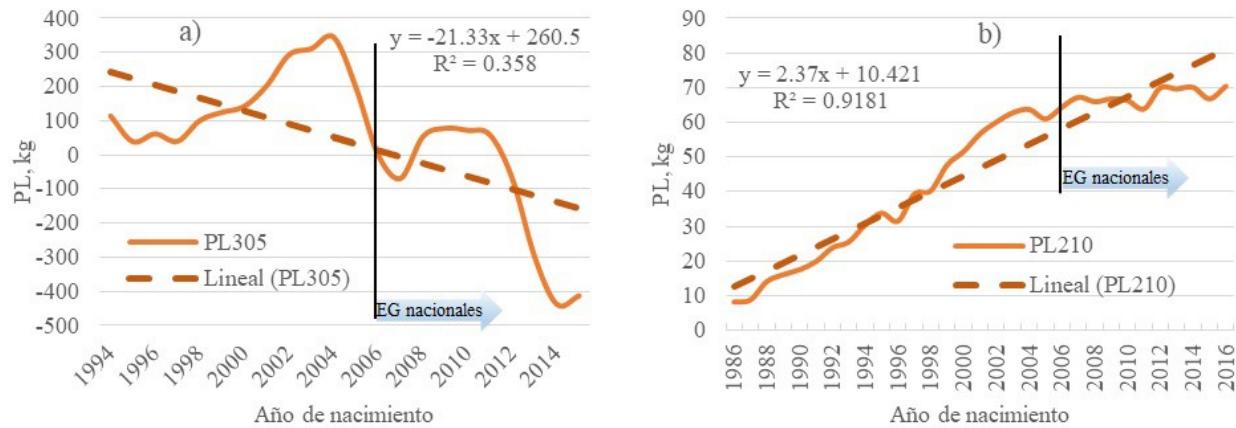


Fig. 1. Tendencias genéticas para producción de leche por lactancia (PL), ajustadas a 305 (PL305) y 210 (PL210) días en poblaciones de bovinos Jersey (a) y Suizo Americano (b) de México.

Fig. 1. Genetic trends for lactation milk yield (PL), adjusted to 305 (PL305) and 210 (PL210) days in Jersey (a) and Brown Swiss (b) cattle populations of Mexico.

En la misma población JE, pero sólo para el periodo 1990-2008, Larios (2009) publicó incrementos de 10.7 kg año^{-1} , mientras que en Costa Rica Vargas y Gamboa (2008) estimaron 7.9 kg año^{-1} (1987-2007). En otras poblaciones bovinas lecheras de registro y comerciales también se han publicado tendencias positivas bajas ($<20 \text{ kg año}^{-1}$); en Tailandia con Holstein y cruzas (Koonawootrittriron *et al.*, 2009; Sarakul *et al.*, 2011; Konkruea *et al.*, 2017), Irán con Holstein (Yaeghoobi *et al.*, 2011; Naderi, 2016; Pezeshkian *et al.*, 2016), Polonia con Holstein (Kruszyński *et al.*, 2013), Costa Rica con Holstein (Vargas y Gamboa, 2008), y Brasil con Girolando (Canaza-Cayo *et al.*, 2015; 2016). Por el contrario, en México Valencia *et al.* (1999) reportaron ganancias anuales de 29 kg año^{-1} en Holstein, y en Rusia Kudinov *et al.* (2018) estimaron 55.8 kg año^{-1} en las poblaciones Black and White y Holstein.

Valores de tendencias genéticas mucho mayores para JE se han reportado en Canadá, con 48.4 kg año^{-1} (2005-2015; CDN, 2018), y los EE. UU., con 77.0 ± 3.7 (1960-1987; Nizamani y Berger, 1996) y 77.6 kg año^{-1} (1994-2016; AIPL, 2018). En SA se estimaron tendencias de 28.2 kg año^{-1} en Canadá (2005-2015; CDN, 2018), y 66.3 kg año^{-1} en los EE. UU. (1979-2016; AIPL, 2018). En estos países con programas de mejoramiento genético bien establecidos se reportan mejoras considerables, que contrastan con los pequeños aumentos estimados en México. Considerando que los parámetros genéticos (h^2) estimados en las poblaciones del presente estudio (0.23 y 0.22 para JE y SA) muestran una variabilidad genética suficiente para mejorar PL

mediante programas de selección, se podría asumir que existe un cierto potencial para el mejoramiento genético de estas poblaciones bovinas lecheras; sin embargo, los resultados obtenidos sugieren que los criadores han priorizado características diferentes a PL como criterios de selección, existiendo poco impacto y uso de las EG.

La tendencia genética para PL en las poblaciones mexicanas estudiadas fue positiva, pero baja en SA y negativa en JE, debido a que el progreso genético en ambas razas se redujo después del inicio de las EG nacionales (periodos 2006-2015 en JE y 2006-2016 en SA), y para JE el descenso fue considerable; lo que muestra que las EG nacionales no han tenido un impacto positivo en el progreso genético de PL en las razas estudiadas. Al contrario de estos resultados, en otras poblaciones sí se han documentado efectos positivos de programas de mejoramiento genético para PL. Por ejemplo, en Brasil con Girolando (Canaza-Cayo *et al.*, 2016) y en Tailandia con Holstein y cruzas (Konkruea *et al.*, 2017) se reportaron impactos positivos.

En la Fig. 1 se muestra el progreso bajo pero constante de SA, aunque a partir de 2005 el progreso tendió a reducirse; en cambio, JE mostró un cambio radical en los objetivos de selección a partir de 2005, lo que resultó en la tendencia general negativa. En este aspecto, Larios-Sarabia *et al.* (2011) encontraron que casi el total de leche de estos hatos se comercializaba a la industria para su transformación, aunque sólo en la mitad recibían algún premio o castigo por calidad. Es posible que el cambio en los objetivos de selección se haya dado hacia la concentración de componentes de leche, dada la creciente importancia económica de los sólidos totales en leche, potenciando así las ventajas de esta raza en estos aspectos. Cabe destacar que en JE sólo en 2008 se realizaron EG para características de componentes de leche (grasa y proteína) y para 12 rasgos de conformación.

Tendencias genéticas por vías de selección

De acuerdo con las rutas en que pueden transmitirse los genes a la siguiente generación (Cuadro 3), en JE, sólo las rutas de selección de padres y madres de vacas (PV y MV) las tendencias fueron significativas ($p<0.001$) y con dirección negativa, de éstas la ruta MV presentó tendencias significativas, positiva en el periodo anterior a las EG y negativa posterior a las EG; por lo que la selección de madres de vacas en los hatos explica la tendencia general. En la raza SA todas las rutas de selección fueron significativas ($p<0.001$) y de valor similar (Cuadro 3), por lo que no se observan diferencias entre las rutas en su contribución a la tendencia general; además, el

mejoramiento logrado en todas las rutas se debió básicamente a lo conseguido en el primer periodo, ya que en el segundo las tendencias fueron no significativas. En general, en ambas razas el mejoramiento genético antes y después de las EG nacionales fue similar para las diferentes vías de selección, por lo que la consideración de éstas no cambió la estructura del mejoramiento genético, pero sí tuvo un impacto negativo aparente en el progreso genético en la ruta MV de JE y en las cuatro de SA.

El programa de mejoramiento genético de JE en los EE. UU. mostró que la ruta PT tuvo la mayor ganancia genética para PL, explicada por la selección más intensa (Nizamani y Berger, 1996). Por su parte, el programa para Girolando en Brasil indicó que la mejora genética en PL de los últimos años se debió principalmente a la selección más intensa en las rutas PV y MT (Canaza-Cayo *et al.*, 2016). En este estudio, para JE el mejoramiento que se da por la vía de MV discrepa con los resultados encontrados en los hatos, donde prácticamente no hay selección de reemplazos y el criterio para seleccionar (o comprar) hembras es por características de conformación externa (Larios-Sarabia *et al.*, 2011). Los resultados entre los estudios con distintas razas muestran diferentes pesos para las rutas de selección, indicando diferencias en la estructura de mejoramiento genético en las diferentes poblaciones.

Cuadro 3. Tendencias genéticas¹ estimadas para producción de leche por lactancia² en poblaciones de bovinos Jersey y Suizo Americano en México, antes (AEG) y después (DEG) de las evaluaciones genéticas.

Table 3. Genetic trends¹ estimated for lactation milk yield² in populations of Jersey and Brown Swiss cattle in Mexico, before (AEG) and after (DEG) the genetic evaluations.

Tendencia	Jersey			Suizo Americano		
	General	AEG	DEG	General	AEG	DEG
Por ruta de selección³						
PT	-10.0±5.5ns	-6.5±10.4ns	1.3±30.2ns	2.5±0.2*	3.7±0.3*	-0.3±1.3ns
PV	-10.0±2.8*	6.2±4.7ns	-10.2±13.7ns	2.5±0.2*	3.5±0.2*	-0.6±1.2ns
MT	4.1±4.2ns	16.4±6.9*	-26.9±21.5ns	2.6±0.1*	3.0±0.1*	-0.3±0.4ns
MV	-8.8±1.0*	15.5±2.0*	-22.9±3.8*	2.7±0.1*	3.06±0.1*	0.5±0.4ns
Por origen del nacimiento de los progenitores⁴						
Nal-Nal	-55.2±1.2*	21.8±3.4*	-88.8±3.0*	3.4±0.0*	3.6±0.1*	0.7±0.2*
Nal-Ext	-18.2±0.9*	34.6±2.2*	-1.3±2.4ns	1.4±0.0*	3.0±0.1*	0.3±0.1*
Ext-Ext	0.0±1.5ns	5.0±2.7ns	-26.7±8.1*	1.7±0.1*	2.8±0.1*	-0.2±0.5ns

¹ Coeficiente de regresión y su error estándar (kg año^{-1}), y nivel de significancia: * $p<0.05$; y

ns = no significativo.

² Producción de leche ajustada a 305 (Jersey) y 210 días (Suizo Americano).

³ **PT** = Padres de Toros; **PV** = Padres de Vacas; **MT** = Madres de Toros; y **MV** = Madres de Vacas.

⁴ **Nal** = Origen de padre nacional, y **Ext** = Origen de padre extranjero.

¹ Regression coefficient with standard error (kg year⁻¹), and level of significance:

* p<0.05; and

ns = not significant.

² Lactation milk yield adjusted to 305 (Jersey) and 210 days (Brown Swiss).

³ **PT** = Sires of Bulls; **PV** = Sires of Cows; **MT** = Dams of Bulls; and **MV** = Dams of Cows.

⁴ **Nal** = Origin of sire national; and **Ext** = Origin of sire foreigner.

Dado el aparente impacto contraproducente de las EG nacionales para ambas razas encontrado en este estudio, otros factores pueden estar limitando el potencial del beneficio de la implementación de las EG en México. Se ha documentado en hatos de criadores JE que la selección de animales es reducida, con escaso uso de las EG nacionales y la comercialización de material genético no es la actividad principal de los criadores (Larios-Sarabia *et al.*, 2011).

A pesar de que las EG presentan ventaja ante la evaluación visual, la cual oculta efectos ambientales diferentes entre animales (Ramírez-Valverde *et al.*, 2016), en México aún existe una cultura de seleccionar animales por características fenotípicas externas, arraigadas a prácticas del pasado que limitan el uso de las EG. En JE se documentó que el criterio de selección (o compra) de reproductores contempla características de conformación externa (Larios-Sarabia *et al.*, 2011). Aunque la selección con base en su juzgamiento en pista (apariencia externa) de los animales tiene una asociación con los resultados de las EG nacionales, esta relación es de baja magnitud, por lo que la selección de animales por su apariencia externa se recomienda sólo como una herramienta complementaria a la selección con base en las EG (Ramírez-Valverde *et al.*, 2016).

Tendencias genéticas por origen de los progenitores

El origen y desarrollo de las razas estudiadas se ha basado principalmente en las importaciones de animales vivos, semen y embriones de los EE. UU. y Canadá (Larios-Sarabia *et al.*, 2011; Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b); aunque en los últimos años, el número de animales extranjeros registrados en México se ha reducido considerablemente. En la Fig. 2, se muestra que el comportamiento de los promedios de los valores genéticos entre grupos de origen, en JE no presentaron diferencias entre ellos; en cambio, en SA los promedios de padres de origen extranjero fueron mayores que los de padres nacionales durante el primer periodo. Este comportamiento en SA muestra claramente los mayores valores genéticos promedio para PL de los animales con padres extranjeros en el primer periodo, dado que hasta 1998 se distingue una reducción de la tendencia de este grupo, con lo que las diferencias llegan a desaparecer en el segundo periodo. Los mayores valores genéticos del grupo con padres extranjeros se explican por la base genética mayor debido al progreso genético de los programas de mejoramiento de los países de origen, que benefició al progreso genético de la población nacional durante el primer periodo. Sin embargo, para el segundo periodo las políticas nacionales y la implementación de las EG promovieron la menor importación de germoplasma extranjero, lo que posiblemente afectó el progreso genético para PL de la población.

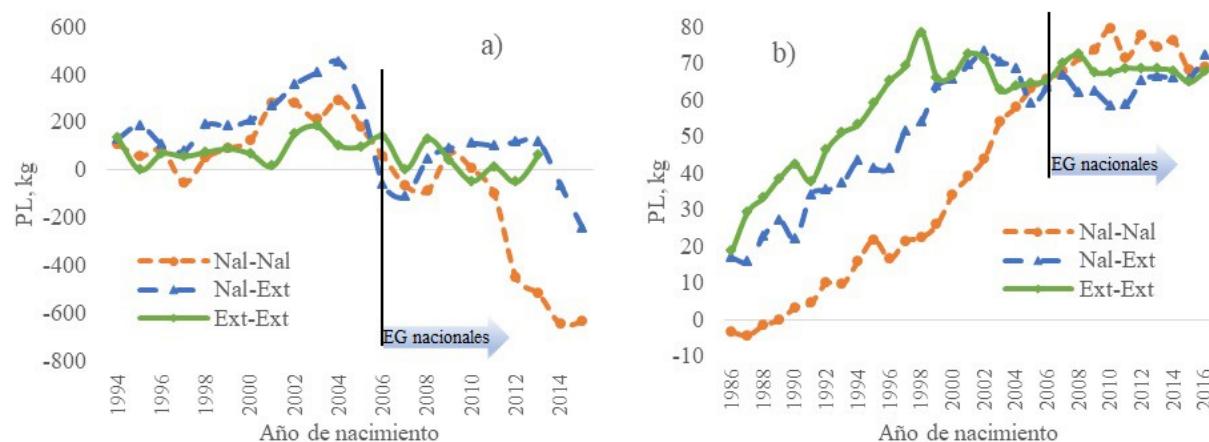


Fig. 2. Tendencias genéticas, por origen de los progenitores, para Producción de leche por Lactancia (PL); en Poblaciones de Bovinos Jersey (a); y Suizo Americano (b) de México.

Fig. 2. Genetic trends, by origin of parents, for Lactation Milk yield (PL); in Jersey (a); and Brown Swiss (b) cattle populations of Mexico.

Un comportamiento similar al obtenido en el presente estudio fue reportado por Konkruea *et al.* (2017) en una población lechera multirracial de Tailandia, donde la tendencia de vacas hijas de sementales nacionales (4.1 kg año^{-1}) fue mayor que la tendencia de hijas de sementales Holstein

importados (0.6 kg año^{-1} ; $p=0.07$), aunque con promedios más bajos de valores genéticos, con lo que la superioridad de la población de ascendencia importada se redujo a través de los años. En otra población Iraní de ganado Holstein también se reportaron tendencias genéticas de sementales nacionales (0.6 kg año^{-1}) mayores que los sementales importados (-0.7 kg año^{-1}); aunque con menores valores genéticos promedio que los importados (Pezeshkian *et al.*, 2016).

Las tendencias genéticas por grupo de origen de ambos progenitores en JE fueron negativas ($p<0.001$) para animales con ambos progenitores nacionales, y con un progenitor nacional y uno extranjero (Cuadro 3). Esto sugiere que los progenitores nacionales de las vacas son los que contribuyen mayormente a la tendencia negativa general en la población JE. Sin embargo, el análisis por periodos (antes y después de las EG) resultó en menores ganancias genéticas en el segundo periodo en los tres grupos de origen de los progenitores, aunque con mayor diferencia para cuando ambos progenitores son nacionales, mostrando el impacto negativo aparente para PL de las EG nacionales. En la raza SA las tendencias genéticas generales de los grupos por origen fueron significativas ($p<0.001$) con valores positivos pero muy bajos; y el análisis por periodos arroja ganancias genéticas menores en el segundo periodo en los tres grupos de origen de los progenitores.

En el análisis específico por el lado de las vacas (

Cuadro 4), las tendencias por origen de los progenitores nacionales indican las mayores ganancias genéticas negativas en ambas rutas, debido principalmente a las tendencias negativas del segundo periodo de estudio. Esto aun cuando en los cuatro grupos se registraron menores ganancias genéticas en el segundo periodo.

El mejoramiento genético de los hatos en SA podría haberse estado beneficiando con las importaciones de material genético. Sin embargo, una estrategia de mejoramiento genético basada sólo en la importación de germoplasma no es una buena alternativa (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). Un primer aspecto está relacionado con el criterio de selección utilizado por los criadores de registro para seleccionar el material importado, aunque difícil de definir, se sugiere estar considerando la apariencia externa de los animales o el precio del germoplasma, pero no los valores genéticos de PL u otras características evaluadas genéticamente. Lo anterior, después de que Ramírez-Valverde *et al.* (2014b) encontraron en JE y SA que la mayoría de los criadores mexicanos estuvieron importando germoplasma de valor genético menor (para PL y otras

características evaluadas genéticamente) que el promedio del país de origen y también del importador; lo que no debería ocurrir si el objetivo principal de selección en México fuese PL.

Cuadro 4. Tendencias genéticas¹ estimadas para producción de leche por lactancia en la raza Jersey, por origen de los padres de las vacas, antes (AEG) y después (DEG) de las evaluaciones genéticas.

Table 4. Estimated genetic trends¹ for lactation milk yield in the Jersey breed, by origin of sire of cow, before (AEG) and after (DEG) the genetic evaluations.

Tendencia ²	General	AEG	DEG
PV x Nal	-56.2±1.2*	21.7±3.3*	-90.8±3.0*
PV x Ext	-8.9±0.8*	35.3±1.6*	-5.2±2.3*
MV x Nal	-35.0±0.7*	28.4±1.9*	-50.2±1.9*
MV x Ext	2.9±1.8ns	4.8±3.2ns	-41.3±10.3*

¹Coeficiente de regresión y su error estándar (kg año^{-1}); y nivel de significancia: * $p<0.05$ y ns = no significativo.

² **PV** = Padres de Vacas; **MV**= Madres de Vacas; **Nal** = Origen de padre nacional; y

Ext= origen de padre extranjero.

¹ Regression coefficient with standard error (kg year^{-1}); and level of significance: * $p<0.05$ and ns = not significant.

² **PV** = Sires of Cows; **MV**= Dams of Cows; **Nal** = Origin of sire national; and **Ext** = Origin of sire foreigner.

Los inconvenientes de la estrategia de importación, además de incrementar la dependencia tecnológica, es que no todo el material genético identificado como superior en el país de origen necesariamente será el más adecuado para las condiciones de producción en México (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b; Larios-Sarabia *et al.*, 2019). El uso de germoplasma de alto valor genético importado de países con condiciones tan contrastantes (como los EE. UU.) a las de México puede reducir la respuesta esperada, especialmente para las poblaciones JE y SA mexicanas (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). Lo anterior, debido a la presencia significativa de interacción genotipo por ambiente reportada en poblaciones JE y SA, la cual se magnifica cuando las diferencias en los ambientes se incrementan (Ramírez-Valverde *et al.*, 2010; Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b).

La importación de germoplasma depende de la capacidad técnica y económica de los criadores para importar, al elegir los mejores animales candidatos de acuerdo con su entorno

(ambiental y socioeconómico) y objetivos de selección, por lo que esta estrategia conlleva un alto grado de riesgo (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b).

Con el fin de promover estrategias sustentables de mejoramiento genético en las poblaciones bovinas lecheras, Ramírez-Valverde *et al.* (2014b) recomiendan para países importadores, como México, continuar con las EG de los recursos locales (junto con los importados). Las EG nacionales permiten evaluar el germoplasma nacional y compararlo objetivamente con el importado, además de considerar objetivos de producción específicos (Larios-Sarabia *et al.*, 2011). Por otra parte, es importante considerar una posible interacción genotipo por ambiente para incluirla en el diseño de programas de mejoramiento genético, sobre todo, cuando se importe material genético de países con grandes diferencias ambientales; además de evaluar el impacto del germoplasma importado en el progreso genético y económico del país importador como México, analizando las diferentes estrategias de importación (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b).

Tendencias genéticas de sementales ponderados por progenie

En la Fig. 3 se muestran las tendencias genéticas de los sementales, ponderadas y no ponderadas por el número de hijas. Los mayores promedios ponderados respecto a los no ponderados fueron en los años de mayor progreso genético (1998-2004 en JE y 1992-2004 en SA), debido a la mayor frecuencia en el uso de sementales con mayor valor genético para PL. Posteriormente, en JE se presentaron comportamientos opuestos, lo que contribuyó a la tendencia genética general negativa; en SA no se aprecian grandes diferencias entre promedios antes y después de las EG, reflejándose en la ganancia casi nula de los 10 años más recientes. Así, la intensidad de uso de sementales de mayor valor genético para PL se reflejó en el progreso genético de la población en el primer periodo, lo cual no ocurrió después del inicio de las EG nacionales.

En otras poblaciones de ganado lechero también se estudió la frecuencia en el uso de sementales en función del valor genético para PL, mediante la comparación de los promedios ponderados y no ponderados. Koonawootrittriron *et al.* (2009) no encontraron un patrón definido

en las diferencias entre ambos tipos de promedios a través de los años (para sementales y vacas), en hatos comerciales de Tailandia. Con ello infirieron la falta de una estrategia clara para elegir a los padres y madres en pro del mejoramiento genético, es decir, el valor genético para PL no fue un criterio importante. Por su parte, Nizamani y Berger (1996) en la población JE de registro de los EE. UU. (1960-1987) encontraron las mayores diferencias entre los promedios ponderados y no ponderados para las rutas PT y PV, sugiriendo el uso más frecuente de los mejores sementales.

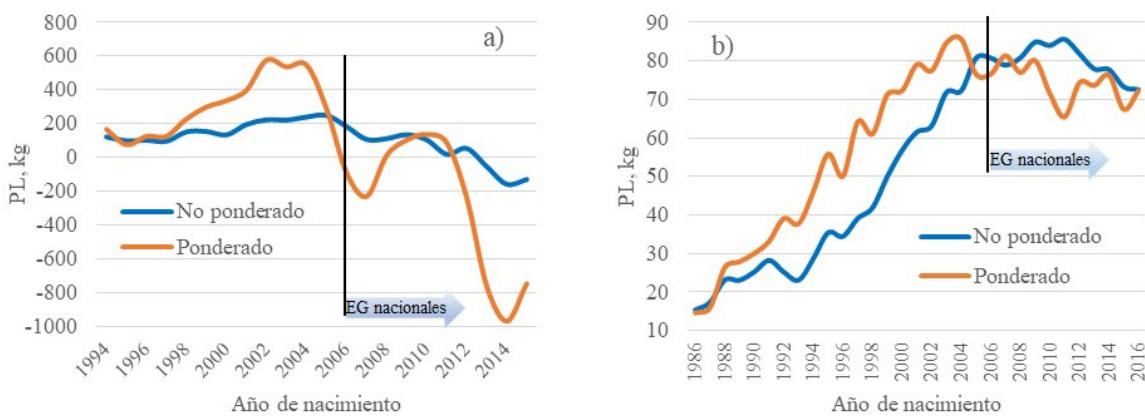


Fig. 3. Tendencias genéticas de sementales (ponderadas y sin ponderar) para producción de leche por lactancia (PL) en poblaciones de bovinos Jersey (a) y Suizo Americano (b) de México.

Fig. 3. Genetic trends of sires (weighted and unweighted) for lactation milk yield (PL) in Jersey (a) and Brown Swiss (b) cattle populations of Mexico.

Utilizando poblaciones Holstein comercial y de registro mexicanas, Toledo *et al.* (2014) en los cinco años analizados (2007-2011) observaron para la población de registro, que las diferencias entre ambos promedios se redujeron al final del periodo, debido al incremento del promedio no ponderado y reducción del promedio ponderado; infiriendo que estos ganaderos seleccionan homogéneamente a los sementales de alto valor genético. En cambio, en la población comercial las diferencias entre ambos promedios se incrementaron ligeramente con los años, debido a la reducción del promedio no ponderado, con lo que sugieren que a pesar de seleccionar sementales de valor genético variado y en promedio de calidad decreciente, usaron con mayor frecuencia aquellos de mayor valor genético. Así, un programa de mejoramiento genético no sólo requiere la identificación de los mejores individuos de la población, que se logra con las EG, sino que además requiere una estrategia efectiva de difusión de ese material genético a los hatos.

Tendencias genéticas por hatos

Las razas estudiadas presentan gran adaptación a ambientes diversos, en México los hatos se manejan en diferentes climas y sistemas de producción, desde los tropicales en pastoreo hasta los templados en confinamiento total (Larios-Sarabia *et al.*, 2011; Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). El análisis por grupo de hatos muestra en JE, que el grupo de hatos de mayor contribución (por número promedio de animales registrados anualmente) presentó una tendencia genética significativa positiva alta, pero sólo con animales registrados hasta 2005 (Cuadro 5) y los siguientes dos grupos de mayor contribución presentaron una tendencia genética significativa negativa, con participación hasta 2015. Por lo anterior, la salida del primer grupo de hatos con alta población de animales registrados en 2006 provocó la caída del progreso genético de la población JE para PL en el segundo periodo. Por su parte, en SA los dos grupos de hatos de mayor contribución presentaron tendencia genética significativa positiva, aunque baja, con animales registrados en todo el periodo de estudio (Cuadro 5), y el tercer grupo de mayor contribución presentó tendencia genética significativa negativa, casi cero, y con participación a partir de 1997. Por lo anterior, la inclusión de este tercer grupo contribuyó al detrimento del progreso genético de la población SA en el segundo periodo.

Los resultados de ambas razas señalan que existieron grupos grandes de hatos con diferentes objetivos de selección a la mayoría de los mismos, y que su exclusión (JE) o inclusión (SA) en los años cercanos al inicio de las EG nacionales podrían haber contribuido en gran parte al comportamiento en las tendencias genéticas de las poblaciones lecheras en México, y con la caída del progreso genético para PL en el periodo posterior a las EG, y no como consecuencia directa de la implementación de las EG.

Las diferencias en educación, experiencia, toma de registros y decisiones entre los productores en las unidades de producción pueden crear diferencias en el mejoramiento genético entre los hatos y afectar el progreso genético de la población (Sarakul *et al.*, 2011). En Tailandia, Sarakul *et al.* (2011) agruparon hatos por tendencia genética (positiva, negativa y nula) y evaluaron las características de productores y hatos, en una muestra pequeña de hatos, encontrando diferencias significativas sólo en el grado de estudios de los productores. Las

grandes diferencias en el progreso genético entre los grupos de hatos muestran la variabilidad en los objetivos de selección entre éstos, principalmente en la población JE.

Cuadro 5. Tendencias genéticas¹ para producción de leche por lactancia², por grupos de hatos, en poblaciones de bovinos Jersey y Suizo Americano de México.

Table 5. Genetic trends¹ for lactation milk yield², by groups of herds, in Jersey and Brown Swiss cattle populations of Mexico.

Grupo	Jersey			Suizo Americano		
	b ± EE	ARA ³	Periodo	b ± EE	ARA ³	Periodo
1	85.7±3.5*	174.7	1994-2005	2.9±0.0*	1425.7	1979-2016
2	-42.0±1.5*	124.1	1994-2015	2.2±0.1*	992.0	1979-2016
3	-23.4±2.9*	58.3	1995-2015	-0.5±0.1*	575.9	1997-2016
4	9.0±5.5ns	25.4	2001-2015	2.8±0.1*	359.4	1993-2016
5	12.6±6.4*	19.4	1998-2011	0.9±0.2*	247.2	1979-2001
6	-13.2±26.7ns	10.3	2000-2005	1.1±0.4*	33.0	1990-2016
7	9.3±20.6ns	10.3	1995-2001	3.5±0.4*	26.5	1987-2014
8				-13.7±2.7*	25.7	2011-2016

¹ Coeficiente de regresión y su error estándar (kg año⁻¹); y nivel de significancia: *

p<0.05 y

ns = no significativo.

² Producción de leche ajustada a 305 (Jersey) y 210 días (Suizo Americano).

³ Animales registrados anualmente (promedio).

¹ Regression coefficient with standard error (kg year⁻¹); and level of significance: *

p<0.05 and

ns = not significant.

² Lactation milk yield adjusted to 305 (Jersey) and 210 days (Brown Swiss).

³ Animals registered annually (average).

Dado el progreso genético limitado para PL en las poblaciones lecheras estudiadas con la implementación de las EG nacionales, se requiere replantear el programa nacional de mejoramiento genético con la participación conjunta del sector gubernamental, instituciones de investigación y organizaciones de productores comprometidos con el sector bovino lechero (Valencia *et al.*, 1999). Se requiere una definición clara de objetivos y criterios de selección, así como el registro de características de comportamiento adicionales, considerando las tendencias en la demanda de leche y productos lácteos. Se necesita la asesoría y capacitación de los criadores para seleccionar animales reproductores basados en los resultados de las EG nacionales, y utilizar las características fenotípicas externas únicamente como herramienta complementaria

(Ramírez-Valverde *et al.*, 2016); además, sobre cómo seleccionar los animales importados para sus hatos (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b), y, sobre todo, concientizarlos sobre el papel que juegan como ganaderos de registro en el mejoramiento genético de la ganadería del país (Larios-Sarabia *et al.*, 2011).

Conclusiones

El progreso genético para producción de leche por lactancia (PL) de las poblaciones bovinas estudiadas ha sido de magnitud baja, positivo en Suizo Americano y negativo en Jersey. El análisis de tendencias genéticas, antes y después de implementar las evaluaciones genéticas, muestra que posiblemente las evaluaciones se han utilizado poco, por lo que no han tenido un impacto positivo determinante para el progreso genético de PL en las poblaciones estudiadas. Los resultados específicos por vías de selección, origen de los progenitores, tipos de hatos, y sementales ponderados por la progenie generada, explican parcialmente algunas de las posibles causas colaterales de la poca respuesta a la selección. En años recientes, con disponibilidad de evaluaciones genéticas nacionales para PL, se detectan posibles cambios en la política de importación de germoplasma del extranjero (disminución), y en los objetivos de selección a nivel particular de hatos por parte de los criadores hacia características diferentes a PL.

Los resultados sugieren replantear el programa nacional de mejoramiento genético de las poblaciones bovinas estudiadas con la participación conjunta de los actores involucrados en el sector. En dicho programa, deben definirse claramente los objetivos de selección consensuados y pertinentes con las tendencias en el mercado de leche y productos lácteos, además de considerar una estrategia efectiva para la diseminación de los animales de mayor valor genético, identificados en las evaluaciones genéticas nacionales, y contemplar la asesoría y capacitación de los ganaderos, dado el importante rol que tienen como criadores de registro en el desarrollo genético del hato lechero nacional.

Agradecimientos

Los autores agradecen a la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Jersey de Registro A. C. y la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro, por facilitar la información productiva y genealógica para este estudio; asimismo, al CONACyT por la beca otorgada al primer autor para realizar sus estudios de Doctorado en Ciencias.

Referencias

- AIPL. (2018). *Genetic evaluations available from AIPL*. Retrieved December 20, 2018, from <https://www.uscdcb.com/what-we-can-do-for-you/trends-stats/>
- Canaza-Cayo, A. W., Cobuci, J. A., Lopes, P. S., de Almeida Torres, R., Martins, M. F., dos Santos Daltro, D., Barbosa da Silva, M. V. G. (2016). Genetic trend estimates for milk yield production and fertility traits of the Girolando cattle in Brazil. *Livestock Science*, 190, 113-122. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2016.06.009>
- Canaza-Cayo, A. W., Lopes, P. S., Barbosa da Silva, M. V. G., de Almeida Torres, R., Martins, M. F., Arbex, W. A., Cobuci, J. A. (2015). Genetic parameters for milk yield and lactation persistency using random regression models in Girolando cattle. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 28(10), 1407-1418. <https://doi.org/10.5713/ajas.14.0620>
- CDN. (2018). *Heritability estimates used for genetic evaluation in Canada*. Retrieved December 20, 2018, from https://wwwcdn.ca/files_ge_articles.php
- Domínguez-Viveros, J., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., Ruíz-Flores, A. (2003). Evaluación genética de variables de crecimiento en bovinos Tropicarne. II. Tendencias Genéticas. *Agrociencia*, 37, 337-343.
- 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. UK.
- Hintz, R. L., Everett, R. W., Van Vleck, L. D. (1978). Estimation of genetic trends from cow and sire evaluations. *Journal of Dairy Science*, 61(5), 607-613.
- Katok, N., y Yanar, M. (2012). Milk traits and estimation of genetic, phenotypic and environmental trends for milk and milk fat yields in Holstein Friesian cows. *International Journal of Agriculture and Biology*, 13, 311-314.
- Konkruea, T., Koonawootrittriron, S., Elzo, M. A., Suwanasopee, T. (2017). Genetic parameters and trends for daughters of imported and Thai Holstein sires for age at first calving and

milk yield. *Agriculture and Natural Resources*, 51(5), 420-424. <https://doi.org/10.1016/j.anres.2017.12.003>

Koonawootrittriron, S., Elzo, M. A., Thongprapi, T. (2009). Genetic trends in a Holstein × other breeds multibreed dairy population in Central Thailand. *Livestock Science*, 122(2), 186-192. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.08.013>

Kruszyński, W., Pawlina, E., Szewczuk, M. (2013). Genetic analysis of values, trends and relations between conformation and milk traits in Polish Holstein-Friesian cows. *Archives Animal Breeding*, 56(1), 536-546. <https://doi.org/10.7482/0003-9438-56-052>

Kudinov, A. A., Juga, J., Mäntysaari, E. A., Strandén, I., Saksa, E. I., Smaragdov, M. G., Uimari, P. (2018). Developing a genetic evaluation system for milk traits in Russian Black and White dairy cattle. *Agricultural and Food Science*, 27(2), 85-95. <https://doi.org/10.23986/afsci.69772>

Larios-Sarabia, N., Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., García-Muñiz, J. G. (2019). Investigación asociada con las evaluaciones genéticas de bovinos productores de leche en México. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 22, 315-329.

Larios-Sarabia, N., Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., García-Muñiz, J. G., Ruíz-Flores, A. (2011). Caracterización técnica, social y económica de las empresas del hato bovino Jersey de registro en México. *Agricultura, Sociedad y Desarrollo*, 8(2), 229-247.

Larios S., N. (2009). *Caracterización del hato bovino Jersey de registro en México*. Tesis de Maestría en Ciencias. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, Méx. 125 p.

Missanjo, E. M., Imbayarwo-Chikosi, V. E., Halimani, T. E. (2012). Genetic trends production and somatic cell count for Jersey cattle in Zimbabwe born from 1994 to 2005. *Tropical Animal Health and Production*, 44(8), 1921-1925. <https://doi.org/10.1007/s11250-012-0157-6>

Naderi, Y. (2016). Estimation of genetic parameters for milk yield, somatic cell score, and fertility traits in Iranian Holstein dairy cattle. *IIOAB Journal*, 7(8), 122-129.

Nizamani, A. H., y Berger, P. J. (1996). Estimates of genetic trend for yield traits of the registered Jersey population. *Journal of Dairy Science*, 79, 487-494. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(96\)76390-7](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(96)76390-7)

- Pezeshkian, Z., Shadparvar, A. A., Joezy-Shekalglobi, S. (2016). Estimation of genetic trends for test-day milk yield by the logarithmic form of wood function using a random regression model. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 6(1), 43-51.
- Ramírez-Valverde, R., Peralta-Aban, J. A., Núñez-Domínguez, R., Ruíz-Flores, A., García-Muñiz, J. G., García-Peniche, T. B. (2010). Genotype by feeding system interaction in the genetic evaluation of Jersey cattle for milk yield. *Animal*, 4(12), 1971-1975. <https://doi.org/10.1017/S175173111000128X>
- Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., Fabián-Barrios, E. (2014a). Caracterización de las publicaciones sobre mejoramiento genético animal en México. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*, 1(1), 59-72.
- Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., Palacios-Jiménez, A. L., Jiménez-Carrasco, J. S. (2014b). Characterization of dairy cattle germplasm used in Mexico with national genetic evaluations in importing and exporting countries. *Livestock Science*, 167(1), 51-57. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.05.028>
- Ramírez-Valverde, R., Ramírez Valverde, G., Núñez-Domínguez, R., Delgadillo Zapata, R. A., Hernández León, M. (2016). Association between genetic evaluation and show-ring judging for dairy and beef cattle. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 29(1), 25-32. <https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v29n1a03>
- Rendel, J. M., y Robertson, A. (1950). Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle. *Journal of Genetics*, 50(1), 1-8.
- Roso, V. M., y Schenkel, F. S. (2006). *AMC-a computer program 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. 26-27.
- Sarakul, M., Koonawootrittriron, S., Elzo, M. A., Suwanasoppee, T. (2011). Factors influencing genetic change for milk yield within farms in Central Thailand. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 24(8), 1031-1040. <https://doi.org/10.5713/ajas.2011.10401>
- SAS. (2017). *SAS/STAT User's guide* (Release 6.4). SAS Inst. Inc., Cary, NC, USA.
- Toledo A., H. O., Ruiz L., F. J., Vázquez P., C. G., Berruecos V., J. M., Elzo, M. A. (2014). Tendencias genéticas y fenotípicas para producción de leche de ganado Holstein en dos

modalidades de control de producción. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 5(4), 471-485.

Valencia P., M., Ruíz L., F. J., Montaldo V., H., Keown, J. F., Van Vleck, L. D. (1999). Evaluación genética para la producción de leche en ganado Holstein en México. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 37(3), 1-8.

Vargas L., B., y Gamboa Z., G. (2008). Genetic trends, genotype-environment interaction and inbreeding in Holstein and Jersey dairy cattle from Costa Rica. *Técnica Pecuaria en México*, 46(4), 371-386.

Yaeghoobi, R., Doosti, A., Noorian, A. M., Bahrami, A. M. (2011). Genetic parameters and trends of milk and fat yield in Holstein's dairy cattle of west provinces of Iran. *International Journal of Dairy Science*, 6(2), 142-149.
<https://doi.org/10.3923/ijds.2011.142.149>