



Evaluación genética para rasgos de crecimiento en ovinos Pelibuey mexicanos



Lino De La Cruz Colín ^{a,b*}

Samuel F. Walkom ^b

Andrew A. Swan ^{b†}

^a Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP). Ciudad de México, México.

^b University of New England. Animal Genetics and Breeding Unit., Armidale, NSW, Australia.

* Autor de correspondencia: delacruz.lino@inifap.gob.mx

Resumen:

El objetivo de este estudio fue estimar los parámetros genéticos de rasgos de peso de ovinos Pelibuey. Los rasgos analizados fueron peso al nacer (PN), peso al destete (PD), peso a los 120 días (P120), peso a los 150 días (P150), y peso a los 210 días (P210). Se utilizó un conjunto de datos con registros de 51,382 corderos, progenie de 1,440 sementales y 14,715 madres para realizar análisis genéticos, utilizando un modelo animal. Se ajustaron seis modelos que variaban los efectos aleatorios, incluidos los efectos genéticos, maternos y ambientales permanentes maternos. Luego, los mismos modelos base se ajustaron con el efecto aleatorio adicional de la interacción semental por rebaño. Las estimaciones de heredabilidad directa para los modelos base oscilaron entre 0.13 y 0.18 y se redujeron en todos los rasgos cuando la interacción semental por rebaño se ajustó en el modelo (0.03 a 0.11). Las correlaciones genéticas aditivas variaron de 0.49 a 0.96 y de 0.81 a 1.00 para los modelos base y los modelos de semental por rebaño, respectivamente. Se realizaron análisis de validación para estudiar la predictibilidad de los VGE de los sementales en el rendimiento de la progenie, con un procedimiento de validación cruzada desarrollado para P120. El ajuste de semental por rebaño mejoró la predictibilidad, con valores de 0.22 para todos los sementales, y de 0.43 para los sementales de enlace, cerca del valor esperado de 0.50. Las tendencias genéticas anuales estimadas fueron 0.011, 0.051, 0.060, 0.068 y 0.045 kg/año para PN, PD, P120, P150 y P210, respectivamente, para el período

comprendido entre 2010 y 2017. En general, los resultados indican que es posible realizar una evaluación genética entre rebaños para ovinos Pelibuey en México.

Palabras clave: Evaluación genética, Ovinos Pelibuey, Heredabilidad, Correlación genética, Estudio de validación, Validación cruzada.

Recibido: 09/09/2024

Aceptado: 03/07/2025

Introducción

La producción ovina en México incorpora una gran diversidad de razas, las cuales se distribuyen de acuerdo con su potencial productivo y las condiciones ambientales⁽¹⁾. Actualmente, los ovinos de pelo representan un recurso genético importante para diversificar la producción de pequeños rumiantes, demostrando ventajas de adaptación ambiental en condiciones tropicales⁽²⁾. Una de las primeras razas de ovinos de pelo introducidas en México fue la Pelibuey, que hoy en día es una característica fundamental de los diversos sistemas de producción en la industria ovina mexicana⁽³⁾. La raza Pelibuey es deseada por los productores debido a su alta adaptabilidad a los territorios tropicales y templados de México^(4,5). La raza Pelibuey es conocida por su alta fertilidad y prolificidad, ausencia de estacionalidad, tolerancia a parásitos internos y buena adaptación a una amplia gama de condiciones ambientales (lluvia, calor, frío)^(5,6), lo que la convierte en una raza ideal como raza materna en un programa de cruce de corderos de primera calidad^(7,8). Los ovinos Pelibuey mexicanos son de tamaño pequeño a mediano (35-80 kg), con alta fertilidad (> 80 %) y prolificidad que oscila entre 1.51 y 1.80 corderos por nacimiento y a menudo producen tasas de crecimiento más bajas que las razas de lana, donde una combinación de varios factores ambientales y genéticos contribuyen al rendimiento productivo y reproductivo^(9,10,11).

La tecnología genética está cambiando el sector ganadero en todo el mundo⁽¹²⁾ y la implementación de programas de cría basados en valores genéticos estimados (VGE) utilizando datos de rendimiento y pedigrí ha sido la clave para aumentar la productividad y la rentabilidad en la industria ovina^(13,14). Sin embargo, la ejecución de un programa de cría requiere un buen diseño y una definición clara de un objetivo de cría⁽¹⁵⁾. El registro preciso del pedigrí y el rendimiento son la base de un programa de cría exitoso, y las mejoras en la calidad y efectividad de los datos fortalecen la precisión de los VGE⁽¹⁶⁾. En la cría de animales, la estimación de los parámetros genéticos para los rasgos objetivos de cría es un requisito previo para establecer un programa de selección⁽¹⁷⁾. La estimación precisa de estos parámetros genéticos y, en particular, las correlaciones genéticas entre rasgos, requiere grandes conjuntos de datos intergeneracionales para cada población relevante que no siempre están disponibles⁽¹⁸⁾.

La producción ovina en México ha contribuido de manera importante a abordar la pobreza rural, proporcionando ingresos significativos para muchos productores⁽¹⁹⁾. No obstante, durante un largo período, el manejo del rebaño ha seguido prácticas tradicionales sin la adopción de programas modernos de mejoramiento genético⁽²⁰⁾, lo que en combinación con otros factores como una amplia gama de sistemas de producción y una mala definición de los objetivos de cría⁽²¹⁾, ha dado lugar a una baja productividad en el sector⁽²²⁾. De esta manera, es muy recomendable el establecimiento de programas de mejora genética, que han sido clave para aumentar la rentabilidad de los ovinocultores en todo el mundo. Sin embargo, el éxito de estos programas depende del uso de herramientas genéticas disponibles para realizar evaluaciones genéticas; incluyendo modelos de evaluación sensatos, buena calidad de datos y una serie de estrategias efectivas para aumentar la adopción y difusión de los valores genéticos estimados⁽²³⁾.

En el caso de la industria ovina mexicana, existe una brecha de conocimiento sobre los beneficios del uso de herramientas genéticas modernas y el registro del desempeño de rasgos económicamente importantes, y esto ha afectado el desarrollo de programas sistemáticos de cría para mejorar la raza. La industria ovina mexicana, después del establecimiento de los sistemas de registro de datos, ha podido realizar evaluaciones genéticas principalmente para rasgos de crecimiento, que son relativamente fáciles de recopilar y económicamente importantes⁽²⁴⁾. No obstante, estas evaluaciones se han abordado de manera irregular y hay una falta de información sobre los parámetros genéticos de rasgos de crecimiento y reproductivos, los cuales son importantes y podrían usarse para estimar los valores genéticos para realizar programas de cría⁽²⁵⁾.

Actualmente, la raza Pelibuey es la tercera raza más prevalente en los registros del libro genealógico nacional, con 51,382 animales en el conjunto de datos de la Unidad Nacional de Ovinocultores (UNO) desde 2018. Históricamente, esta raza ha liderado los registros del libro genealógico y, al igual que las otras razas, se ha intentado establecer una evaluación genética oficial para los rasgos de crecimiento y reproducción⁽²⁶⁾. Sin embargo, hasta la fecha no se ha realizado ningún esfuerzo para establecer una evaluación genética para esta raza. En consecuencia, la comprensión y el interés en las herramientas genéticas entre los criadores de Pelibuey se han quedado atrás de otras razas y países.

Los objetivos de este estudio fueron desarrollar un análisis para estimar los valores genéticos para rasgos de peso utilizando datos de la industria de Pelibuey, y validar el análisis evaluando aspectos que incluyen un ligamiento entre rebaños y estrategias de agrupación contemporánea, lo que podría informar el desarrollo de evaluaciones de rutina para la raza.

Material y métodos

Datos de crecimiento de Pelibuey

La UNO proporcionó datos e información genealógica para el período comprendido entre 2000 y 2018. Se recolectaron registros de rasgos de crecimiento desde el nacimiento hasta los 210 días de edad de 127 rebaños distribuidos en ocho regiones ambientales de México: Noroeste, Centro Norte, Noreste, Pacífico Centro, Centro, Golfo Centro, Pacífico Sur y Sureste. El mayor número de registros fue para la región Pacífico Centro (15,306) y el más bajo fue para el Centro Norte (1,201). La información climática, incluida la temperatura promedio anual y la precipitación para las diferentes regiones de México, se muestra en el Cuadro 1.

Cuadro 1: Información climática para diferentes regiones de México

Región	Estados	Clima	T° (°C)	Pp (mm)	Contrib. Pelibuey (%) ¹
Noroeste	Sinaloa	Subhúmedo, semiseco	25	790	5.59
Centro Norte	Aguascalientes, Chihuahua, Zacatecas	Semiseco, subhúmedo, muy seco	17	512	2.68
Noreste	Nuevo León, San Luis Potosí, Tamaulipas	Semicálido húmedo, subhúmedo, templado seco, cálido semiseco	21.5	793	6.35
Pacífico Centro	Jalisco, Michoacán	Semicálido subhúmedo, cálido subhúmedo	20	850	34.10
Centro	Tlaxcala, Hidalgo, Estado de México, Querétaro, Guanajuato	Templado, templado subhúmedo, semicálido semiseco, semifrío	16	728	11.30
Golfo Centro	Tabasco, Veracruz	Cálido húmedo y subhúmedo	25	2,025	12.76
Pacífico Sur	Chiapas, Guerrero	Subhúmedo y subhúmedo tropical, cálido semiseco	25	1,585	11.80
Sureste	Yucatán	Cálido subhúmedo, semiseco muy cálido	26	1,100	15.42

Fuente de información⁽²⁷⁾.

T°= temperatura; Pp= precipitación. ¹ Contribución a los registros en el libro genealógico nacional de Pelibuey.

El conjunto de datos final comprendió información de 51,382 corderos, la progenie de 1,440 sementales y 14,715 madres con un pedigrí total de 53,235 durante 12 generaciones. La depuración de datos y la estadística descriptiva se realizaron en el lenguaje de programación estadística R⁽²⁸⁾. Los datos de todos los rasgos se filtraron para excluir faltantes de sementales, madres, tipo de nacimiento y crianza, y edad en el momento de la medición. Además, el

conjunto de datos se filtró para eliminar los grupos contemporáneos donde solo se representaba 1 semental y se registraban menos de 3 animales. En el Cuadro 2 se muestra un resumen de las estadísticas descriptivas y el número de registros, sementales, madres, rebaños y el número de grupos contemporáneos.

Cuadro 2: Estructura de datos y resumen de estadísticas descriptivas para rasgos de crecimiento

Componente	PN	PD	P120	P150	P210
Número de registros	21,102	17,517	12,054	11,649	4,294
Media	3.02	16.6	27.63	33.63	39.45
Desviación estándar	0.66	3.86	6.82	8.08	9.73
Coefficiente de variación	21.85	23.25	24.68	24.03	24.66
Número de sementales	988	892	589	576	359
Número de madres	9,215	7,892	5,249	5,118	2,549
Número de rebaños	127	122	70	68	50
Número de grupos contemporáneos	1,084	1,007	679	668	357

PN= peso al nacer (kg); PD= peso al destete (kg); P120= peso a 120 d (kg); P150= peso a 150 d (kg); P210= peso a los 210 d de edad (kg).

Conectividad genética entre rebaños Pelibuey

La conectividad genética entre rebaños es importante para aumentar la precisión en la estimación de los valores genéticos de los animales en una evaluación genética⁽²⁹⁾. La raza Pelibuey en México presentó niveles moderados de ligamiento entre rebaños (Cuadro 3). De los 992 sementales en el conjunto de datos de Pelibuey, el 87 % están representados en un solo rebaño. Los sementales con progenie entre rebaños (132) tuvieron 5,507 descendientes, lo que representa el 26 % de la descendencia total.

Cuadro 3: Resumen de ligamiento para toda la población, para la progenie nacida a partir del año 2000

Sementales representados en un rebaño	860 (87 %)
Progenie de sementales representados en un rebaño	15,695 (74 %)
Sementales de enlace representados en múltiples rebaños	132 (13 %)
Progenie de sementales de enlace	5,507 (26 %)

Estimación de parámetros genéticos

Los parámetros genéticos se estimaron a partir de un modelo animal, utilizando el software ASReml 4.1⁽³⁰⁾ en una serie de análisis univariados y multivariados entre rasgos de peso. Los rasgos analizados fueron peso al nacer (PN), peso al destete (PD), peso a los 120 días (P120), peso a los 150 días (P150) y peso a los 210 días (P210). Los grupos contemporáneos (GC) se definieron por el rebaño de nacimiento, el año de nacimiento y la estación. Las estaciones fueron invierno (diciembre a febrero), primavera (marzo a mayo), verano (junio a agosto) y otoño (septiembre a noviembre). Para los animales nacidos en la temporada de invierno que comprendió de diciembre a febrero, los animales nacidos en diciembre se asignaron al año siguiente.

Los efectos fijos incluyeron sexo, tipo de nacimiento, tipo de cría, edad de la madre y edad del animal en el momento de la medición. El sexo se ajustó como factor con dos niveles (masculino y femenino). El tipo de nacimiento y el tipo de crianza se ajustaron de forma independiente y se codificaron con tres niveles, definidos como único, gemelo y trillizo (3+). La frecuencia de camadas de cuatrillizos o mayores fue muy baja, por lo que se agruparon con la clase de trillizos. La edad de la madre se ajustó como un factor con ocho categorías, que incluyó edades mayores de 8+ años agrupadas en la subclase de 8 años, y 5.4 % asignadas a una subclase “desconocida”.

La selección del modelo de efectos aleatorios significativos para cada rasgo de peso se realizó comparando una serie de análisis univariados utilizando la prueba de razón de verosimilitud (LRT), criterio de información de Akaike (AIC) y criterio de información bayesiano (BIC). Se probaron seis modelos base con una combinación de efectos aleatorios que incluyeron efectos directos, efectos maternos, efectos genéticos directos-maternos correlacionados y efectos ambientales permanentes maternos, seguidos de los mismos modelos con el efecto aleatorio adicional de semental por rebaño. Además, el efecto de grupos contemporáneos se ajustó como aleatorio, lo que puede ser beneficioso cuando los grupos contemporáneos son pequeños⁽³¹⁾. La selección del modelo final fue un equilibrio entre estos tres criterios con aspectos cualitativos; también se consideró descartar los análisis con estimaciones extremadamente negativas de la correlación entre los efectos genéticos directos y maternos. Los componentes de varianza de los análisis univariados para los modelos base más informativos y los modelos de semental por rebaño se utilizaron en los análisis de validación.

Los efectos aleatorios evaluados incluyeron un efecto genético directo aditivo ($var(a) = A\sigma_a^2$), un efecto genético aditivo materno ($var(m) = A\sigma_m^2$), un efecto ambiental permanente materno ($var(pe) = I\sigma_{pe}^2$) y un efecto de semental por rebaño ($var(sf) = I\sigma_{sf}^2$). Cuando se ajustaron los efectos genéticos directos y maternos, también se exploró la ventaja de ajustar una covarianza genética ($cov(a, m) = A\sigma_{am}$).

La varianza fenotípica total de los modelos univariados se calculó como la suma de los componentes de la varianza ajustados en cada modelo (por ejemplo, para el Modelo 12: $\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_m^2 + \sigma_{am} + \sigma_{pe}^2 + \sigma_{sf}^2 + \sigma_e^2$, donde σ_e^2 es el componente de varianza residual). La heredabilidad del efecto genético directo se estimó como $h_a^2 = \sigma_a^2 / \sigma_p^2$, la heredabilidad del efecto genético materno como $h_m^2 = \sigma_m^2 / \sigma_p^2$, la correlación genética entre los efectos genéticos directos-maternos como $r_{am} = \sigma_{am} / \sigma_a \sigma_m$, la proporción de efectos ambientales permanentes maternos como $pe^2 = \sigma_{pe}^2 / \sigma_p^2$, la proporción de varianza fenotípica debida a la varianza de semental por rebaño como $s^2 = \sigma_{sf}^2 / \sigma_p^2$.

Los modelos preferidos definidos por este proceso de selección de modelos se utilizaron luego en análisis bivariados por pares para estimar covarianzas y correlaciones entre rasgos.

Teniendo en cuenta todos los efectos posibles, la forma multivariada general de las estructuras de varianza fue la siguiente:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ pe \\ sf \\ cg \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G_{aa} \otimes A & G_{am} \otimes A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ G_{ma} \otimes A & G_{mm} \otimes A & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & P \otimes I & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & S \otimes I & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & CG \otimes I & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & R \otimes I \end{bmatrix}$$

Donde G_{aa} es una matriz de covarianzas genéticas directas entre rasgos, G_{mm} es una matriz de covarianzas genéticas maternas y G_{am} es una matriz de covarianzas entre efectos genéticos directos y maternos. A es la matriz de relaciones de numeradores para todos los animales del pedigrí y \otimes representa la operación de la matriz del producto de Kronecker. P es una matriz de covarianzas entre los efectos ambientales permanentes maternos de los rasgos, S es una matriz diagonal de las varianzas de la interacción semental por rebaño, CG es una matriz diagonal de las varianzas de grupos contemporáneos, R es una matriz de covarianzas residuales entre rasgos e I representa matrices de identidad de orden apropiado para cada efecto aleatorio.

Estimación de valores genéticos

BLUP de rasgos múltiples

Los valores genéticos (VGE) se estimaron a partir de un modelo BLUP de rasgos múltiples utilizando los cinco rasgos en ASReml 4.1⁽³⁰⁾, con y sin (modelos base) la interacción semental por rebaño. Los BLUP se desarrollaron utilizando los parámetros genéticos del análisis univariado de la selección de modelos estadísticamente más sensatos. Las correlaciones genéticas para construir las matrices G , P y R se tomaron del análisis bivariado. El lenguaje de programación estadística R⁽²⁸⁾ se utilizó para asegurar que las matrices de covarianza de rasgos múltiples G_{aa} , P y R fueran definidas positivas.

BLUP de rasgo único

Los valores genéticos se estimaron a partir de un modelo animal de un solo rasgo (BLUP) solo para el peso a los 120 d utilizando el software ASReml 4.1⁽³⁰⁾. Para este estudio ese rasgo se eligió debido a las altas correlaciones genéticas entre rasgos de crecimiento, particularmente entre los rasgos de crecimiento posterior (P120, P150 y P210), así como al mayor número de registros en esta edad. Los BLUP se desarrollaron empleando los componentes de varianza del análisis univariado utilizando los modelos más informativos, incluyendo y excluyendo la interacción semental por rebaño. Se utilizó un procedimiento de validación cruzada del conjunto de datos del peso a los 120 d para desarrollar los BLUP de rasgo único.

Análisis de validación de valores genéticos

Se realizaron análisis de validación para estudiar la predictibilidad de los VGE de los sementales en el rendimiento de la progenie. Se utilizó un procedimiento de validación cruzada, donde el conjunto de datos se dividió en 5 partes con base en la asignación aleatoria del total de rebaños (70), se replicó 5 veces en un procedimiento de remuestreo. Secuencialmente, cada parte se definió como datos de “Validación”, y luego la estimación de los valores genéticos se realizó a partir de los datos de “Entrenamiento” combinando fenotipos de las otras cuatro partes, utilizando un modelo animal de un solo rasgo con modelos base y de la interacción semental por rebaño. Luego, el rendimiento de la progenie ajustado en los datos de validación se modeló en función de los VGE de los sementales con base en los datos de entrenamiento para todos los sementales, los sementales de enlace entre los conjuntos de datos de entrenamiento y validación, y los sementales solo en los datos de validación (sementales no vinculantes). Las regresiones del rendimiento de la progenie en función de los valores genéticos de los sementales se calcularon a partir de modelos lineales en el lenguaje de programación estadística R⁽²⁸⁾, donde el valor esperado de esta regresión es 0.5. El modelo lineal incluyó los efectos fijos del sexo, el tipo de nacimiento, el tipo de cría, la edad de la madre, la edad en el momento de la medición en el peso a los 120 días y los VGE de los sementales.

Se realizaron validaciones quintuples en tres conjuntos de datos del peso a los 120 d con diferentes niveles de calidad de datos. El conjunto de datos Q1 fue el conjunto de datos completo para el rasgo, mientras que Q2 se filtró de Q1 para considerar solo rebaños con sementales representados en al menos dos rebaños (rebaños vinculados), y Q3 se filtró de Q2 para eliminar grupos contemporáneos cuando solo se representó 1 semental y se registraron menos de 10 animales. Se utilizó la misma asignación aleatoria de rebaños a las partes entre conjuntos de datos. En el Cuadro 4 se presenta un resumen de los tres conjuntos de datos para el peso a los 120 d utilizados en los análisis de validación.

Cuadro 4: Resumen de conjuntos de datos de peso a los 120 días en ovinos Pelibuey

Conjunto de datos	Animales registrados	Número de		Número de rebaños	Grupos contemporáneos	
		Sementales	Madres		Número	Tamaño promedio
Q1	12,054	589	5,249	70	679	17.75
Q2	9,433	441	3,781	36	527	17.89
Q3	8,072	362	3,265	29	311	25.95

Q1= conjunto de datos completo; Q2= filtrado de Q1, considerado solo rebaños con sementales representados en al menos dos rebaños (rebaños vinculados), Q3= filtrado de Q2, eliminando grupos contemporáneos cuando solo 1 semental estaba representado y menos de 10 animales registrados.

Análisis de tendencias genéticas

Los valores genéticos estimados para predecir las tendencias genéticas se derivaron del BLUP de rasgos múltiples, incluyendo todo el conjunto de datos entre 2000 y 2018. Se calcularon medias anuales de VGE para PN, PD, P120, P150 y P210. Por último, las tendencias genéticas se generaron graficando todos los rasgos de peso a lo largo del tiempo.

Resultados y discusión

Parámetros genéticos

En el Cuadro 5 se muestra un resumen de las estimaciones de los componentes de varianza y los parámetros genéticos para los modelos seleccionados tanto para los modelos base como para los de interacción semental por rebaño. Los efectos directos, los efectos aditivos maternos y los efectos ambientales permanentes maternos se ajustaron para PN; mientras que, para PD, P120, P150 y P210, se ajustaron los efectos aditivos directos y los efectos ambientales permanentes maternos.

La varianza fenotípica tanto para los modelos base (rango, 0.27 a 16.15) como para los de la interacción semental por rebaño (0.28 a 17.02) de los rasgos de crecimiento aumentó de PN a P210 (Cuadro 5). Las estimaciones de heredabilidad directa para los modelos base oscilaron entre 0.13 y 0.18 y se redujeron en todos los rasgos cuando se ajustó el término de la interacción semental por rebaño en el modelo (0.03 a 0.11). La estimación de la heredabilidad materna para PN fue similar tanto para el modelo base (0.03) como para el modelo que incorpora el término de semental por rebaño (0.02). La proporción de efectos ambientales permanentes maternos fluctuó entre 0.10 y 0.07 tanto en los modelos base como en los de la interacción semental por rebaño de PN a P150, pero para P210 la proporción fue de 0.17. La proporción del término de semental por de rebaño varió de 0.06 a 0.14.

La heredabilidad estimada para PN fue de 0.13 y 0.11 para el modelo base y para el de semental por rebaño (Cuadro 5). Estas estimaciones concuerdan con hallazgos anteriores en ovinos de carne australianos de múltiples razas y la raza Suffolk^(32,33). Otras estimaciones más altas se reportaron en ovinos Marino y ovinos Afshari iraníes^(34,35). Aunque se informaron heredabilidades más bajas en las razas Pelibuey (0.01) y Blackbelly (0.05)⁽³⁶⁾.

La heredabilidad estimada para PD en el modelo base fue mayor (0.18) que la heredabilidad del modelo de semental por rebaño (0.11). Se estimó una heredabilidad similar de 0.20 utilizando un modelo estándar en una evaluación genética de Pelibuey mexicano⁽²⁶⁾. Sin embargo, se observó una estimación más alta (0.39) cuando se ajustó la interacción semental por rebaño en un estudio en ovinos Merino australianos⁽³⁷⁾.

La heredabilidad directa para P120 para el modelo base fue de 0.13. Se reportaron estimaciones de heredabilidad ligeramente más altas de una evaluación genética en Pelibuey mexicano (0.17)⁽²⁶⁾ y en Katahdin (0,18)⁽³⁸⁾.

Las heredabilidades directas para P150 fueron de 0.14 y 0.08, respectivamente, para los modelos base y de la interacción semental por rebaño. Las estimaciones de los modelos base en este estudio fueron ligeramente más bajas que otras informadas a los 6 meses de edad en ovinos australianos de razas múltiples⁽³⁹⁾, en las razas Suffolk y Charollais⁽³³⁾, que oscilaron entre 0.16 y 0.32.

La heredabilidad para un P210 fue de 0.15 y 0.03 para los modelos base y los de semental por rebaño, respectivamente. No obstante, se reportaron estimaciones más altas en razas de lana (0.30), de doble propósito (0.28) y de carne (0.22)⁽⁴⁰⁾.

La heredabilidad materna para PN fue la misma para los modelos base y el modelo de la interacción semental por rebaño (Cuadro 5). Esta estimación concuerda con estimaciones en la literatura en las razas cárnicas Suffolk, Texel y Charollais, que oscilan entre 0.02 y 0.06⁽³³⁾. Los efectos ambientales permanentes maternos fueron similares tanto para los modelos base como para los de la interacción semental por rebaño, oscilando entre 0.10 y 0.07 entre rasgos a partir de PN a P150. En ambos casos, los efectos ambientales permanentes maternos se vuelven menos importantes con la edad. Sin embargo, las estimaciones para P210 aumentaron en los modelos base y en los de semental por rebaño con el mismo valor de 0.17, lo que puede deberse a un bajo número de registros y una estructura de datos deficiente. Para investigar esto más a fondo, se realizó un análisis para separar mejor los efectos directos de los maternos, filtrando el conjunto de datos para incluir solo la progenie de las madres con más de una descendencia. Aun así, la proporción de efectos ambientales permanentes maternos tanto para los modelos base como para los de semental por rebaño no fue significativamente diferente (0.13). Estas estimaciones de los efectos ambientales permanentes maternos son similares a las estimaciones en la literatura, de 0.08 para PN en ovinos Afshari iraníes⁽³⁵⁾, 0.07 para PD en ovinos Merino australianos⁽⁴⁰⁾, y 0.04 para P120 en ovinos Katahdin mexicanos⁽³⁸⁾.

La inclusión de la interacción semental por rebaño en los modelos ha mostrado una mejora significativa en la evaluación genética^(37,41,42). Esta interacción es importante en general en la evaluación entre rebaños, porque el comportamiento de los sementales entre rebaños y años tiende a ser diferente y puede variar debido a la interacción genotipo por ambiente y al trato preferencial de la progenie de sementales de inseminación artificial. El ajuste de la interacción puede ayudar a mejorar el ajuste del modelo, lo que da como resultado valores genéticos que representan un rendimiento promedio entre ambientes, pero puede conducir a la eliminación de la variación genética para rasgos con efectos maternos^(41,43). Las estimaciones de la interacción semental por rebaño en este estudio oscilaron entre 0.06 y 0.12 entre los rasgos de crecimiento. Se estimaron proporciones más bajas en ovinos Poll Dorset australianos (2-4 %)⁽⁴¹⁾, y en ovinos Merino (4 %)⁽³⁷⁾. Las estimaciones de la varianza de semental por rebaño en este estudio indican una gran variación en el rendimiento de los sementales entre granjas. Esto indica que el conjunto de datos presenta problemas relacionados con la estructura y, en el futuro, es necesario mejorar el ligamiento de los sementales.

Correlaciones genéticas

Las correlaciones estimadas entre los cinco rasgos de peso de los modelos base y los del término semental por rebaño se presentan en el Cuadro 6. Tanto las correlaciones genéticas aditivas de los modelos base como los modelos de semental por rebaño fueron positivas y moderadas a fuertes, con un rango de 0.47 a 0.96 y de 0.81 a 1.00, respectivamente.

Las estimaciones de las correlaciones genéticas tanto en los modelos base como en los de semental por rebaño entre PN y PD fueron de 0.63 y 0.97, respectivamente. A partir de P120, las correlaciones genéticas con PN disminuyeron, pero no significativamente (Cuadro 6). Se han reportado correlaciones genéticas más bajas entre PN y rasgos de crecimiento posterior en ovinos australianos de razas múltiples⁽³⁹⁾ y Merino⁽³⁴⁾.

Las correlaciones genéticas estimadas entre PD, P120, P150 y P210 tanto para los modelos base como para los de la interacción semental por rebaño oscilaron entre 0.65 y 0.95 (Cuadro 6). En otros estudios se reportaron estimaciones similares de correlaciones genéticas aditivas entre PD y peso posdestete a los 6 meses de edad. Por ejemplo, las razas de carne irlandesas oscilaron entre 0.77 y 0.99⁽³³⁾, en ovinos Merino y australianos de razas múltiples las estimaciones fueron de 0.78 y 0.74, respectivamente^(34,39).

Las correlaciones fenotípicas de los modelos base y los de semental por rebaño fueron positivas variando de 0.21 a 0.89 (Cuadro 6). Tanto en los modelos base (0.21 – 0.30) como en los modelos de semental por rebaño (0.22 – 0.31), PN tuvo bajas correlaciones genéticas fenotípicas con PD, P120, P150 y P210. Estas estimaciones concuerdan con otros hallazgos en razas australianas (0.09)⁽³⁴⁾ y (0.32)⁽³⁹⁾. Las correlaciones fenotípicas entre el PD y los rasgos de crecimiento corporal posterior tanto en los modelos base como en los de semental por rebaño fueron moderadas, variando de 0.47 a 0.53. Las estimaciones de estudios en otras razas y

diferentes sistemas de producción oscilan entre 0.52 y 0.90 en ovinos de carne Merino y australianas^(34,39).

Cuadro 6: Correlaciones estimadas a partir de los modelos base (por encima de la diagonal) y los modelos de la interacción semental por rebaño (por debajo de la diagonal) entre rasgos de crecimiento en ovinos Pelibuey

Rasgo	PN	PD	P120	P150	P210
Correlación genética aditiva					
PN		0.63 ± 0.06	0.49 ± 0.09	0.51 ± 0.09	0.47 ± 0.12
PD	0.97 ± 0.09		0.80 ± 0.04	0.66 ± 0.06	0.65 ± 0.09
P120	0.81 ± 0.13	0.95 ± 0.05		0.96 ± 0.01	0.89 ± 0.04
P150	0.83 ± 0.14	0.86 ± 0.08	1.00 ± 0.01		0.92 ± 0.03
P210	0.94 ± 0.25	0.93 ± 0.15	0.97 ± 0.39	1.00 ± 0.04	
Correlación fenotípica					
PN		0.30 ± 0.01	0.23 ± 0.01	0.21 ± 0.01	0.21 ± 0.02
PD	0.31 ± 0.01		0.52 ± 0.01	0.47 ± 0.01	0.48 ± 0.01
P120	0.23 ± 0.01	0.53 ± 0.01		0.88 ± 0.00	0.77 ± 0.01
P150	0.22 ± 0.01	0.48 ± 0.01	0.89 ± 0.00		0.86 ± 0.00
P210	0.23 ± 0.02	0.50 ± 0.01	0.77 ± 0.01	0.86 ± 0.00	
Correlación ambiental permanente materna					
PN		0.38 ± 0.06	0.35 ± 0.08	0.30 ± 0.09	0.50 ± 0.10
PD	0.32 ± 0.06		0.50 ± 0.07	0.48 ± 0.08	0.60 ± 0.08
P120	0.30 ± 0.08	0.45 ± 0.07		0.83 ± 0.04	0.70 ± 0.07
P150	0.25 ± 0.09	0.44 ± 0.08	0.81 ± 0.04		0.75 ± 0.06
P210	0.45 ± 0.10	0.56 ± 0.09	0.80 ± 0.06	0.73 ± 0.06	

PN= peso al nacer (kg); PD= peso al destete (kg); P120= peso a los 120 d (kg); P150= peso a los 150 d (kg); P210= peso a los 210 d de edad (kg).

Las estimaciones de las correlaciones ambientales permanentes maternas fueron similares tanto para los modelos base (0.30 a 0.83) como para los modelos de semental por rebaño (0.25 a 0.81) (Cuadro 6). Se encontraron bajas estimaciones de correlaciones ambientales permanentes maternas entre PN y PD, P120 y P150, las cuales variaron para los modelos base (0.30 - 0.38) y los modelos de la interacción semental por rebaño (0.25 - 0.32). Las estimaciones de correlaciones ambientales permanentes maternas entre PN y P210 fueron similares y aumentaron a 0.50 en el modelo base y 0.45 en el modelo de semental por rebaño. Las estimaciones de correlaciones ambientales permanentes maternas para los modelos base y modelos de semental por rebaño entre PD y rasgos de crecimiento posterior (0.44 - 0.60).

Validación de los valores genéticos

El objetivo de los análisis de validación fue estudiar la predictibilidad de los VGE de los sementales en el rendimiento de la progenie. Sin embargo, debido a los bajos niveles de

conectividad de los sementales entre los rebaños, el estudio de validación se complementó utilizando un procedimiento de validación cruzada en el que se mejoró la calidad del conjunto de datos al restringir el tamaño mínimo de los grupos contemporáneos y seleccionar los rebaños con mayor ligamiento, lo que puede ser más adecuado para evaluaciones genéticas precisas.

Las medias y desviaciones estándar de los coeficientes de la regresión semental-descendencia de P120 para los modelos base y los de la interacción semental por rebaño en la raza Pelibuey mexicana se muestran en el Cuadro 7. La regresión promedio del rendimiento de la progenie en función de los valores genéticos de los sementales en los conjuntos de datos Q1, Q2 y Q3 mostró una baja predictibilidad para los modelos base con todos los sementales (0.15), sementales de enlace (0.26) y sementales no vinculantes (-0.03) entre los conjuntos de datos de entrenamiento y validación, y en todos los casos la desviación por debajo del valor esperado de 0.5 demostró una sobrepredicción. No obstante, cuando se ajustó la interacción semental por rebaño, la predictibilidad mejoró con todos los sementales (0.22) y los sementales de enlace (0.43), pero fue menor para los sementales no vinculantes (-0.21).

Cuadro 7: Coeficientes de regresión (*b*) y sus desviaciones estándar para el rendimiento de la progenie en función de los valores genéticos estimados de los sementales para el rasgo de peso a los 120 días para los modelos base y los de la interacción semental por rebaño en ovinos Pelibuey

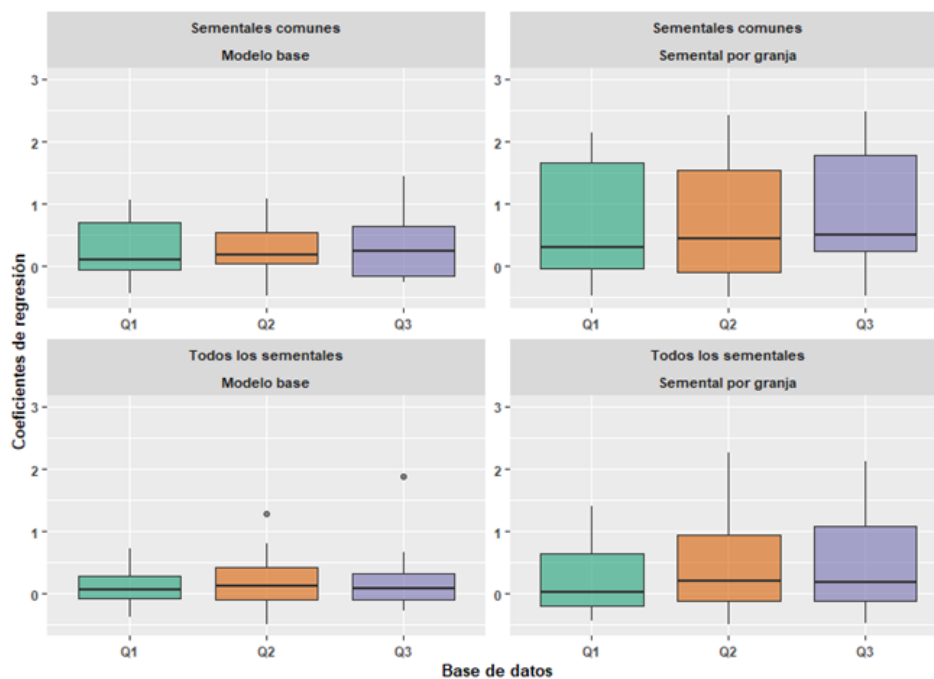
Modelo	Conjunto de datos	Coeficientes de regresión		
		Todos los sementales	Sementales comunes	Sementales no vinculantes
Modelo base				
	Q1	0.12 (0.27)	0.27 (0.45)	0.07 (0.25)
	Q2	0.18 (0.39)	0.25 (0.45)	-0.07 (0.73)
	Q3	0.15 (0.46)	0.28 (0.51)	-0.11 (0.60)
	Promedio	0.15	0.26	-0.03
Semental por rebaño				
	Q1	0.21 (0.57)	0.50 (0.96)	0.04 (0.46)
	Q2	0.24 (0.80)	0.35 (1.07)	-0.33 (1.21)
	Q3	0.21 (0.82)	0.45 (1.10)	-0.35 (1.03)
	Promedio	0.22	0.43	-0.21

Q1= conjunto de datos completo; Q2= filtrado de Q1, considerado solo rebaños con sementales representados en al menos dos rebaños (rebaños vinculados); Q3= Filtrado de Q2, eliminando grupos contemporáneos cuando solo se representó 1 semental y se registraron menos de 10 animales.

La Figura 1 se presenta para apoyar el Cuadro 7 y muestra los valores medios de los coeficientes de regresión del rendimiento de la progenie en función de los VGE de los sementales estimados en tres conjuntos de datos para todos los sementales y sementales de enlace en los modelos base

y los de la interacción semental por rebaño. Los coeficientes de regresión para sementales no vinculantes no se incluyen en la figura.

Figura 1. Valores medios de los coeficientes de regresión del rendimiento de la progenie en función de los VGE de los sementales



De manera alentadora, estos resultados demuestran que existe un potencial real para desarrollar una evaluación genética nacional, aunque el conjunto de datos mostró algunos problemas con la estructura y el ligamiento deficiente entre rebaños, aún se logró una predictibilidad razonable para los sementales comunes entre rebaños.

Tendencias genéticas predichas

Las tendencias genéticas predichas entre 2000 y 2017 para PN, PD, P120, P150 y P210, respectivamente, se muestran en la Figura 2. Las tendencias genéticas de 2000 a 2003 fueron ligeramente negativas, pero entre 2004 y 2017, los valores genéticos medios aumentaron. Esto significa que la selección ha sido consistente en este período de evaluación.

Figura 2: Tendencias genéticas para rasgos de crecimiento en ovinos Pelibuey de 2000 a 2017



Las tendencias genéticas anuales estimadas fueron 0.011, 0.051, 0.060, 0.068 y 0.045 kg/año para PN, PD, P120, P150 y P210, respectivamente, para el período comprendido entre 2010 y 2017. Estas estimaciones fueron ligeramente más altas que los hallazgos anteriores en otras razas, que oscilan entre 0.04 y 0.12⁽⁴⁴⁻⁴⁷⁾.

La industria ovina mexicana ha hecho un esfuerzo moderado durante la última década para aumentar la adopción y difusión de herramientas genéticas. Los VGE como producto de evaluaciones genéticas no están siendo utilizados actualmente por los criadores o los compradores de carneros, y cuando han estado disponibles^(26,38,48) en el pasado, los usuarios los han encontrado confusos y han tenido una confianza limitada en su capacidad para predecir el rendimiento de la progenie. Los resultados presentados en este estudio contribuyen a aumentar la participación de la industria en los valores genéticos. Se observa que los datos de este estudio tienen sus limitaciones tanto en volumen como en calidad y, aun así, los resultados de la validación muestran una predictibilidad favorable para los rasgos de crecimiento. El análisis y los valores genéticos resultantes proporcionarán una piedra angular importante para la adopción por parte de la industria. Ser capaz de comparar la ganancia genética y dar a conocer a los sementales líderes en rasgos, incluso para solo una pequeña cantidad de rasgos, proporciona a la industria un resultado tangible de sus esfuerzos por capturar registros de pedigrí y rendimiento. A medida que la base de datos crezca para incluir más animales, rasgos y

potencialmente información genómica, los hallazgos y modelos presentados en este documento requerirán revisión.

Conclusiones e implicaciones

Las estimaciones de heredabilidad en este estudio fueron razonablemente consistentes con las estimaciones presentadas en una variedad de hallazgos anteriores, aunque ligeramente más bajas. Las estimaciones de correlación genética y fenotípica fueron positivas y de moderadas a fuertes, en concordancia con las estimaciones de estudios anteriores. El estudio de validación de los VGE de los sementales en la progenie de la descendencia mostró una buena predictibilidad cuando las interacciones sementales por rebaño se ajustaron en los modelos, con sementales de enlace entre los conjuntos de datos de entrenamiento y validación; lo que indica que es posible una evaluación genética entre rebaños cuando se incluyó el término semental por rebaño en los modelos. Las tendencias genéticas predichas en esta evaluación genética mostraron un progreso genético razonable para los rasgos de crecimiento en la población Pelibuey mexicana. Los ovinos Pelibuey en México han jugado un papel importante en la industria y han demostrado una buena adaptación a diferentes condiciones ambientales. Esta adaptabilidad es crucial para la sostenibilidad futura de la producción ovina. Para desarrollar un sistema de evaluación genética eficaz para la raza Pelibuey, será necesario un programa intensivo de inseminación artificial para fortalecer el ligamiento genético entre rebaños. Esto permitirá investigar las interacciones genotipo por ambiente (G por A), las cuales pueden estar presentes debido a que la raza se encuentra en todo México en una amplia gama de condiciones ambientales. Un paso más es explorar la evaluación genética de los rasgos reproductivos, lo que será económicamente importante para esta raza ovina materna.

Agradecimientos y conflicto de intereses

Los autores agradecen a la Unidad Nacional de Ovinocultores (UNO) en México por proporcionar un conjunto de datos para el artículo. Este trabajo se realizó como parte de una tesis doctoral titulada: “De La Cruz, CL. (2022). Un programa de mejoramiento genético para la industria ovina mexicana”. (Tesis doctoral), Universidad de Nueva Inglaterra, Armidale, Australia. Los autores afirman que no existe conflicto de intereses de ningún tipo entre la Unidad, las instituciones y los resultados publicados.

Cuadro 5: Estimaciones de la varianza de grupos contemporáneos (σ^2_{cg}), la varianza fenotípica (σ^2_p), la varianza aditiva (σ^2_a), la varianza materna (σ^2_m), la varianza ambiental permanente materna (σ^2_{pe}), la varianza de semental por rebaño (σ^2_s), la varianza residual (σ^2_e), la heredabilidad (h^2_a), la heredabilidad materna (h^2_m), efectos ambientales permanentes maternos (m^2) y efectos de semental por rebaño (s^2) sin y con la interacción semental por rebaño para rasgos de crecimiento en ovinos Pelibuey

Rasgo	σ^2_{cg}	σ^2_p	σ^2_a	σ^2_m	σ^2_{pe}	σ^2_s	σ^2_e	h^2_a	h^2_m	m^2	s^2
Modelos base:											
PN	0.12 ± 0.01	0.27 ± 0.00	0.03 ± 0.00	0.01 ± 0.00	0.02 ± 0.00	n.a.	0.20 ± 0.00	0.13 ± 0.02	0.03 ± 0.01	0.09 ± 0.01	n.a.
PD	7.18 ± 0.37	5.97 ± 0.08	1.07 ± 0.12	n.a.	0.60 ± 0.06	n.a.	4.31 ± 0.09	0.18 ± 0.02	n.a.	0.10 ± 0.01	n.a.
P120	29.03 ± 1.70	11.40 ± 0.17	1.46 ± 0.25	n.a.	0.90 ± 0.13	n.a.	9.05 ± 0.20	0.13 ± 0.02	n.a.	0.08 ± 0.01	n.a.
P150	40.41 ± 2.31	15.26 ± 0.23	2.21 ± 0.34	n.a.	1.06 ± 0.17	n.a.	11.99 ± 0.28	0.14 ± 0.02	n.a.	0.07 ± 0.01	n.a.
P210	75.88 ± 6.01	16.15 ± 0.41	2.40 ± 0.66	n.a.	2.75 ± 0.43	n.a.	11.01 ± 0.54	0.15 ± 0.04	n.a.	0.17 ± 0.03	n.a.
Semental por rebaño:											
PN	0.11 ± 0.01	0.28 ± 0.00	0.03 ± 0.01	0.00 ± 0.00	0.02 ± 0.00	0.02 ± 0.00	0.20 ± 0.00	0.11 ± 0.02	0.02 ± 0.01	0.09 ± 0.01	0.06 ± 0.01
PD	5.97 ± 0.34	6.54 ± 0.12	0.69 ± 0.13	n.a.	0.60 ± 0.06	0.90 ± 0.10	4.35 ± 0.09	0.11 ± 0.02	n.a.	0.09 ± 0.01	0.14 ± 0.01
P120	27.07 ± 1.63	11.83 ± 0.21	0.89 ± 0.27	n.a.	0.87 ± 0.13	0.88 ± 0.15	9.19 ± 0.21	0.08 ± 0.02	n.a.	0.07 ± 0.01	0.07 ± 0.01
P150	37.49 ± 2.28	15.91 ± 0.29	1.34 ± 0.37	n.a.	1.06 ± 0.17	1.31 ± 0.22	12.20 ± 0.28	0.08 ± 0.02	n.a.	0.07 ± 0.01	0.08 ± 0.01
P210	73.55 ± 5.91	17.02 ± 0.52	0.52 ± 0.77	n.a.	2.92 ± 0.44	2.06 ± 0.46	11.53 ± 0.55	0.03 ± 0.04	n.a.	0.17 ± 0.03	0.12 ± 0.02

PN= peso al nacer (kg); PD= peso al destete (kg); P120= peso a los 120 d (kg); P150= peso a los 150 d (kg); P210= peso a los 210 d de edad (kg); n.a.= efecto aleatorio no ajustado.

Literatura citada:

1. Herrera HJG, Álvarez FG, Bárcena GR, Núñez AJM. Characterization of sheep flocks in the south of the Ciudad de México, México. *Acta Universitaria* 2019;29. <https://doi.org/10.15174/au.2019.2022>.
2. Wildeus S. Hair sheep genetic resources and their contribution to diversified small ruminant production in the United States. *J Anim Sci* 1997;75(3):630-640. <https://doi.org/10.2527/1997.753630x...>
3. Macedo-Barragán RJ, Arredondo-Ruiz V, Cervantes-Lechuga A. Head and tail morphology of Pelibuey, Katahdin and Blackbelly rams in Colima, México. *Vet México OA* 2016;3(3). <https://doi.org/10.21753/vmoa.3.3.375>.
4. Gutiérrez J, Rubio MS, Méndez RD. Effects of crossbreeding Mexican Pelibuey sheep with Rambouillet and Suffolk on carcass traits. *Meat Sci* 2005;70(1):1-5. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2004.10.017>.
5. Aguilar-Martínez CU, Berruecos-Villalobos JM, Espinoza-Gutiérrez B, Segura-Correa JC, Valencia-Méndez J, Roldán-Roldán A. Origen, historia y situación actual de la oveja Pelibuey en México. *Trop Subtrop Agroecosyst* 2017;20(3):429-439.
6. Macías C, Álvarez V, Olgún A, Molina R, Avendaño R. Ovejas Pelibuey sincronizadas con progestágenos y apareadas con machos de razas Dorper y Katahdin bajo condiciones estabuladas: producción de la oveja y crecimiento de los corderos durante el período predestete. *Arch Med Vet* 2012;44(1):29-37.
7. Pineda J, Palma JM, Haenlein GFW, Galina MA. Fattening of Pelibuey hair sheep and crossbreds (Rambouillet-Dorset × Pelibuey) in the Mexican tropics. *Small Ruminant Res* 1998;27(3):263-266. [https://doi.org/10.1016/S0921-4488\(97\)00021-7](https://doi.org/10.1016/S0921-4488(97)00021-7).
8. Hinojosa-Cuellar JA, Oliva-Hernández J, Torres-Hernández G, Segura-Corra JC, González-Garduño R. Productividad de ovejas F1 Pelibuey x Blackbelly y sus cruces con Dorper y Katahdin en un sistema de producción del trópico húmedo de Tabasco, México. *Archiv Med Vet* 2005;47(2):167-174. <https://scielo.conicyt.cl/pdf/amv/v47n2/art07.pdf>.
9. Arroyo LJ, Gallegos SJ, Villa GA, Berruecos JM, Perera G, Valencia J. Reproductive activity of Pelibuey and Suffolk ewes at 19 north latitude. *Anim Reprod Sci* 2007;102(1-2):24-30. <https://doi.org/10.1016/j.anireprosci.2006.09.025>.
10. Segura JC, Sarmiento L, Rojas O. Productivity of Pelibuey and Blackbelly ewes in Mexico under extensive management. *Small Ruminant Res* 1996;21(1):57-62. [https://doi.org/10.1016/0921-4488\(95\)00814-4](https://doi.org/10.1016/0921-4488(95)00814-4).

11. García-Chávez CA, Luna-Palomera C, Macías-Cruz U, Segura-Correa JC, Ojeda-Robertos NF, Peralta-Torres JA, *et al.* Crecimiento de corderos y productividad en ovejas Pelibuey mantenidas bajo condiciones tropicales de producción. *Rev Mex Cienc Pecu* 2020;11(3): 884-893. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v11i3.5157>.
12. Georges M, Charlier C, Hayes B. Harnessing genomic information for livestock improvement. *Nature Reviews Genetics* 2019;20(3):135-156. doi:<https://doi.org/10.1038/s41576-018-0082-2>.
13. Amer P, Byrne T, Fennessy P, Jenkins G, Martin D, Berry D. Review of the genetic improvement of beef cattle and sheep in the UK with special reference to the potential for genomics. 2015. Retrieved from <https://signetdata.com/media/2553/review-of-the-genetic-improvement-of-beef-cattle-and-sheep-in-the-uk-final-report-140515.pdf>.
14. Swan A, Banks R, Brown D, Chandler H. An update on genetic progress in the Australian sheep industry. Paper presented at the Proc Assoc Advmt Anim Breed Genet, Queensland. 2017.
15. van der Werf J. Sustainable animal genetic improvement. *E3S Web of Conferences*, 2022;335, doi:<https://doi.org/10.1051/e3sconf/202233500001>.
16. Brown D, Huisman A, Swan A, Graser H, Woolaston R, Ball A, *et al.* Genetic evaluation for the Australian sheep industry. *Proc Assoc Advmt Anim Breed Genet*. Armidale, Australia. 2007.
17. Meyer K. Estimation of genetic parameters. *Evolution Anim Breeding* 1989:161-167.
18. Safari E, Fogarty N, Gilmour A. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Prod Sci* 2005;92(3):271-289. doi:<https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.09.003>.
19. Martínez G, Muñoz R, García M, Santoyo C, Altamirano C, Romero M. El fomento de la ovinocultura familiar en México mediante subsidios en activos: lecciones aprendidas. *Agronom Mesoamericana* 2011;22(2):367-377. https://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1659-3212011000200013.
20. Galaviz R, Ramírez B, Vargas L, Zaragoza R, Guerrero R, Mellado B, *et al.* Effect of three production systems of central Mexico on growth performance of five lamb genotypes. *J Anim Plant Sci* 2014;24:1303-1308. Retrieved from <http://www.thejaps.org.pk/docs/v-24-5/05.pdf>.
21. Vélez IA, Espinosa JA, De la Cruz CL, Rangel J, Espinoza I, Barba C. Caracterización de la producción de ovino de carne del estado de Hidalgo, Mexico. *Archiv Zoot* 2016;65(251), 425-428. doi:<https://doi.org/10.21071/az.v65i251.708>.

22. Bobadilla S, Ochoa A, Perea P. Dinámica de la producción y consumo de carne ovina en México 1970 a 2019. *Agronom Mesoamericana* 2021;963-982. <https://revistas.ucr.ac.cr/index.php/agromeso/article/download/44473/47878?inline=1>.
23. Collison C, Brown D, Gill J, Chandler H, Apps R, Swan A, *et al.* A decade of sheep genetics: what have we achieved?. Proc 11th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Auckland, New Zealand. 2018.
24. Larios S, Domínguez VJ, Ramírez V, Núñez DR, Rodríguez A, García M. Tendencias genéticas de poblaciones ovinas de pelo en Mexico. *Trop Subtrop Agroecosyst* 2109;22:315-329. <https://repositorio.chapingo.edu.mx/server/api/core/bitstreams/711f9b3a-926f-496a-9e0f-f163ecffc115/content#page=65>.
25. Brown D, Bunter K, Swan A. Genetic correlations between production traits and components of reproduction in Merino sheep. Proc Assoc Advmt Anim Breed Genet. Townsville, Queensland. 2017.
26. UNO. Evaluaciones genéticas en ovinos. Catálogo de sementales de alto valor genético. 2015. <https://www.uno.org.mx/catalogos/catalogoovinosunoenero2016.pdf>.
27. Zepeda V. Las regiones climáticas de México. Universidad Nacional Autónoma de México. 2005(2).
28. R Core Team R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. 2021. <https://www.R-project.org/>.
29. Brown D, Ball A, Huisman A, Swan A, Atkins K, Graser H, *et al.* Sheep genetics Australia: A national genetic evaluation system for Australian sheep. Proc 8th World Cong Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte, Brazil. 2006.
30. Gilmour AR, Gogel BJ, Cullis BR, Welham SJ, Thompson R. ASReml user guide release 4.1 Functional Specification. VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES, UK. 2015.
31. Schaeffer LR. Contemporary groups are always random. 2009; Generic In: Guelph: APS. 1:6.
32. Brown DJ, Swan AA, Gill JS, Ball AJ, Banks RG. Genetic parameters for liveweight, wool and worm resistance traits in multi-breed Australian meat sheep. 1. Description of traits, fixed effects, variance components and their ratios. *Anim Production Sci* 2016;56(9):1442-1448. <https://doi.org/10.1071/AN14787>.

33. Fitzmaurice S, Conington J, Fetherstone N, Pabiou T, McDermott K, Wall E, *et al.* Genetic analyses of live weight and carcass composition traits in purebred Texel, Suffolk and Charollais lambs. *Animal* 2020;14(15):899-909. <https://doi.org/10.1017/S1751731119002908>.
34. Huisman AE, Brown DJ. Genetic parameters for bodyweight, wool, and disease resistance and reproduction traits in Merino sheep. 2. Genetic relationships between bodyweight traits and other traits. *Australian J Exp Agr* 2008;48(9):1186-1193. <https://doi.org/10.1071/EA08120>.
35. Latifi M, Mohammadi A. Analysis of genetic parameters and genetic trends for early growth traits in Iranian Afshari sheep. *Biotech Anim Husbandry* 2018;34(3):289-301. <https://doi.org/10.2298/BAH1801001G>.
36. Rodriguez HV, Vega MV, Germano CR, Parraguirre LC, Valencia de Ita MDLA, Romero AO. Evaluation of genetic parameters of growth of Pelibuey and Blackbelly sheep through pedigree in Mexico. *Animals* 2022;12(6):691. <https://doi.org/10.3390/ani12060691>.
37. Swan AA, Brown DJ. A simple bootstrapping procedure to validate the MERINOSELECT model for weaning weight. Paper presented at the Proc Assoc Advmt Anim Breed Genet 2007;17:24-26.
38. Manzanilla PCIV, Torres VJA, Borrayo ZA, Ríos UA, Baeza RJJ, Martínez VG, Vega MV, Montañó BM. Estimación de parámetros genéticos para características de crecimiento en borregos Katahdin usando diferentes modelos. *Rev Mex Cienc Pecu* 2012;3(4):487-500.
39. Brown DJ, Swan AA. Genetic parameters for liveweight, wool and worm resistance traits in multi-breed Australian meat sheep. 2. Genetic relationships between traits. *Anim Prod Sci* 2016;56(9):1449-1453. <https://doi.org/10.1071/AN14788>.
40. Safari E, Fogarty NM, Gilmour AR. A review of genetic parameter estimates for wool, growth, meat and reproduction traits in sheep. *Livestock Prod Sci* 2005;92(3):271-289. <https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.09.003>.
41. Brown DJ, Swan AA, Johnston JD, Graser UH. Sire by flock-year interactions for body weight in Poll Dorset sheep. *Proc Assoc Advmt Anim Breed Genet* 2009;18:48-51.
42. Li L, Swan AA, Brown DJ, van der Werf JHJ. Genotype by environment interaction in Australian maternal and terminal sheep. *Proc Assoc Advmt Anim Breed Genet* 2019;23:234-237.
43. Meyer K. Estimates of genetic parameters for weaning weight of beef cattle accounting for direct-maternal environmental covariances. *Livestock Prod Sci* 1997;52(3):187-200. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(97\)00144-9](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(97)00144-9).

44. Baneh H, Ahmadpanah J. Genetic evaluation of body weight traits in Iranian native Ghezel sheep. *Genetika* 2018;50(1):275-284. <https://doi.org/10.2298/GENSR1801275B>.
45. Hossein NG. Bayesian estimates of genetic changes for body weight traits of Moghani sheep using Gibbs sampling. *Trop Anim Health Prod* 2012;44(3):531-536.
46. Mohammadi H, Moradi SM, Moradi SH. Genetic analysis of ewe productivity traits in Makooei sheep. *Small Ruminant Res* 2012;107(2-3):105-110. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2012.04.019>.
47. Mokhtari MS, Rashidi A. Genetic trends estimation for body weights of Kermani sheep at different ages using multivariate animal models. *Small Ruminant Res* 2010;88(1):23-26. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2009.11.003>.
48. De La Cruz CL, Gutierrez, GJ. Evaluacion genetica en ovinos de la raza Hampshire, mediante un esquema de sementales de referencia. Folleto Tecnico No. 7. Pachuca de Soto, Hidalgo: Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agricolas y Pecuarias. 2009:98.