

Inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos de evaluación genética de bovinos Jersey y Suizo Americano en México

Inclusion of inbreeding coefficients into genetic evaluation models for Jersey and Brown Swiss cattle in Mexico

Agustín Ruíz-Flores^a, Carlos Alberto García-Munguía^a, Rafael Núñez-Domínguez^a, Rodolfo Ramírez-Valverde^a, Rufino López-Ordaz^a, José Guadalupe García-Muñiz^a

RESUMEN

Se estudió el efecto de incluir el coeficiente de consanguinidad del animal (F) en los modelos para la evaluación genética de bovinos mexicanos Jersey y Suizo Americano de registro. El modelo sin el efecto de consanguinidad que incluyó el efecto fijo de hato-año-estación y los aleatorios genético directo y de ambiente permanente, se comparó con otro donde además se incluyó F como covariable. Las características analizadas en Jersey fueron las producciones por lactancia de leche (PL), grasa (PG) y proteína (PP), y los porcentajes de grasa (%G) y proteína (%P) en leche; mientras que en Suizo Americano sólo se analizó la PL. Los pedigrís incluyeron 21,026 animales Jersey y 101,861 Suizo Americano. El cambio más notorio correspondió a los valores genéticos predichos (VGP) para %P en Jersey; los VGP para las demás características fueron similares en ambas razas. Los porcentajes de coincidencia entre los 100 sementales superiores evaluados con ambos modelos variaron de 90 a 98 %. Los coeficientes de regresión de los VGP y de exactitudes obtenidos con el modelo sin el efecto de la consanguinidad sobre los del modelo con el efecto de consanguinidad fluctuaron alrededor de 1.0 en ambas razas. Los estimados de las varianzas genéticas y de h^2 obtenidos con ambos modelos fueron similares para todas las características. No se considera necesaria la inclusión de F en los modelos para evaluar genéticamente las poblaciones estudiadas; sin embargo, se recomienda realizar nuevamente este estudio cuando el promedio de F sea mayor que el actual.

PALABRAS CLAVE: Coeficiente de consanguinidad, Evaluación genética, Bovinos, Jersey, Suizo Americano.

ABSTRACT

The inclusion of the inbreeding coefficient (F) into the models to predict breeding values (BV) for Jersey (J) and Brown Swiss (BS) Mexican registered dairy cattle was studied. The conventional model including the fixed effect of herd-year-season, and the genetic additive and permanent environmental random effects was compared to an alternative model that additionally included F. Traits analyzed in J were the yields per lactation of milk (MY), fat (FY) and protein (PY), and the percentages of fat (%F) and protein (%P) in milk. In BS only MY was analyzed. The analyses were done using an animal model and the MTDFREML program; pedigree files included 21026 and 101861 animals in J and BS. Several criteria to compare results from the alternative models were used. The most notorious change was for the BV for %P in J; the BV for the other traits they were similar in both breeds. Coincidence among the top 100 sires from the two models ranged from 90 to 98 %. Regression coefficients of BV and their accuracies from the conventional model on the BV and their accuracies from the alternative model were around 1.0 in both breeds. The estimates of the genetic variance and h^2 obtained with both models remained essentially the same for all traits in both breeds. The results suggest that the inclusion of F into the models to evaluate genetically Jersey and Brown Swiss purebred Mexican dairy cattle is not necessary. However, it is required to perform this evaluation when the average for F is higher than it is today.

KEY WORDS: Inbreeding coefficient, Genetic evaluation, Jersey, Brown Swiss.

Recibido el 18 de octubre de 2010. Aceptado el 9 de marzo de 2011.

^a Posgrado en Producción Animal, Departamento de Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo, Carretera México-Texcoco km 38.5. Chapingo, Estado de México. 56230. arf@correo.chapingo.mx. Correspondencia al primer autor.

En algunos estudios se ha encontrado que no incluir la covariable del coeficiente de consanguinidad del animal (F) en el modelo para la evaluación genética puede sesgar la predicción de los valores genéticos (VG)^(1,2). Tohidi y Torshizi⁽³⁾ recomiendan incluir F en el modelo para la evaluación genética de las producciones de leche y grasa en bovinos Holstein, ya que observaron que al ignorarlo, aumentaron las diferencias entre los valores genéticos predichos (VGP). Por el contrario, al evaluar el efecto de incluir los coeficientes de consanguinidad del animal y de la madre en los modelos para predecir los VG de características productivas y reproductivas en bovinos Piedmontese, se concluyó que no fue necesario incluir estos coeficientes⁽⁴⁾. En bovinos lecheros se encontraron resultados similares^(5,6).

La consanguinidad puede tener un efecto doble. Por una parte, influye directamente en los supuestos del modelo genético, por ejemplo, cuando se ignora F en la construcción de la inversa de la matriz de relaciones aditivas (A), la varianza de los VG de los animales consanguíneos se sobrestimarán por la covarianza entre los VG de los padres, y se reducirá la varianza de muestreo mendeliano entre la progenie de animales consanguíneos. Por otra parte, la consanguinidad deprime el comportamiento fenotípico de los animales, y así probablemente los resultados de la evaluación⁽⁶⁾. La consanguinidad también puede influir en la estimación de la varianza del error de predicción (VEP). Al respecto, al comparar dos métodos para estimar la VEP con un modelo animal, se observó un mayor sesgo conforme el promedio de consanguinidad aumentó⁽⁷⁾.

En México la población de bovinos Jersey es relativamente pequeña; Larios-Sarabia *et al.*⁽⁸⁾ mencionan que 63 % del total posee algún grado de consanguinidad. El promedio de F en el total de animales fue 1.7, y 2.8 % en los consanguíneos. En Suizo Americano se identificaron 25,027 animales consanguíneos⁽⁹⁾, 25 % del total; el promedio de F fue 1.5 ± 4.5 en la población completa y 5.8 ± 7.5 % en la consanguínea.

Las poblaciones mexicanas de ganado Jersey y Suizo Americano se evalúan genéticamente desde 2004⁽¹⁰⁾, y el coeficiente de consanguinidad no se incluye en

In several studies non inclusion of the inbreeding coefficient covariable (F) into the genetic evaluation model can tilt breeding values (VG) prediction^(1,2). Tohidi and Torshizi⁽³⁾ recommend the inclusion of the inbreeding coefficient (F) into genetic evaluation models for milk and fat yield in Holstein cattle, because they observed that not taking it into account increased differences between predicted breeding values (VGP). On the contrary, when inclusion of inbreeding coefficients of both dam and animal into the models for prediction of breeding values for reproductive and growth traits in Piedmontese cattle was performed, it was concluded that it was not necessary⁽⁴⁾. Similar results were found for dairy cattle^(5,6).

Inbreeding can produce a double effect. On the one hand, it can directly influence breeding model assumptions, as when F is not taken into account in construction of the inverse of the additive relationships matrix (A), variance of the VG for inbred animals shall be overestimated because of the covariance among VG of the parents, and the variance of the mendelian sampling shall diminish among the progeny of inbred animals. On the other hand, inbreeding depresses phenotypic performance of animals, and probably the evaluation results⁽⁶⁾. Inbreeding can influence prediction error variance (VEP), too. On this regard, comparing two methods to estimate VEP with an animal model, a greater bias was obtained as inbreeding percentage increased⁽⁷⁾.

Jersey cattle population in Mexico is relatively small, and Larios-Sarabia *et al.*⁽⁸⁾ mention that 63 % of it show some degree of inbreeding. F average for the whole population was 1.7 % and 2.8 % in inbred animals. A total of 25,027 inbred animals were identified in the Brown Swiss breed⁽⁹⁾, 25 % of the total, the F average for the whole population was 1.5 ± 4.5 % and 5.8 ± 7.5 % for inbreds.

Mexican Jersey and Brown Swiss populations are being evaluated genetically since 2004⁽¹⁰⁾ and inbreeding coefficient is not included in the models being used. The purpose of the present study was to study the effect of inclusion of inbreeding coefficient into the models for genetic evaluation of

los modelos utilizados. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de la inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos para evaluar genéticamente las producciones por lactancia de leche, grasa y proteína; y porcentajes de grasa y proteína en leche de bovinos Jersey, y producción de leche por lactancia en Suizo Americano.

La información analizada de bovinos Jersey fue parte de la base de datos productivos y genealógicos de la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Jersey de Registro, A.C; los registros de comportamiento productivo corresponden a registros de producción de lactancias ocurridas entre 1998 y 2008 en ranchos localizados en siete estados del país. La información de Suizo Americano fue facilitada por la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro, A. C; este ganado está ubicado en 33 ranchos, localizados en 12 Estados de México.

Las variables analizadas en Jersey fueron las producciones por lactancia ajustada a 305 d de leche (PL), grasa (PG) y proteína (PP), y los porcentajes de grasa (%G) y proteína de la leche (%P). Para Suizo Americano sólo se analizó la PL ajustada a 210 d y a equivalente maduro. Los pedigrís incluyeron 21,026 animales Jersey y 101,861 Suizos. En la edición de la información, los registros que estuvieron tres desviaciones estándar por arriba o debajo de la media fueron eliminados. Los grupos contemporáneos se formaron

milk, fat and protein yields per lactation and fat and protein content in milk in Jersey cattle; and milk yield per lactation in Brown Swiss cattle.

Jersey cattle data analyzed is part of both productive and genealogical databases of the Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Jersey de Registro A. C (Mexican Jersey pedigree breeders association). Production data correspond to lactations recorded between 1998 and 2008 in seven Mexican states. Brown Swiss data was provided by the Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro A.C (Mexican Brown Swiss pedigree breeders association), belonging to 33 farms in 12 Mexican States.

The variables analyzed for Jersey cattle were milk (PL), fat (PG) and protein (P) yield per lactation adjusted to 305 d, and fat and protein percentage in milk. Only milk yield per lactation adjusted to 210 d and mature equivalent was analyzed in Brown Swiss. Pedigrees included 21,026 Jersey and 101,861 Brown Swiss animals. When data was edited, records three standard deviations over or below the average were discarded. Contemporary groups were formed when herd, year and season effects were combined; genetic connectivity was determined through the AMC computer program⁽¹¹⁾. Descriptive statistics of data analyzed are shown in Table 1.

Models used to evaluate the effect of inclusion of inbreeding coefficient were: model without

Cuadro 1. Estadísticos descriptivos de los datos utilizados en el análisis

Table 1. Descriptive statistics of data used in the present study

Breed	Variable	Number of lactations	Min	Max	Mean	Standard deviation
Jersey	PL	5,119	2,020.0	14,880.0	7,659.2	2,620.0
	PP	4,719	60.0	572.0	286.8	97.2
	PG	4,994	12.0	723.0	338.3	132.0
	%P	4,719	2.0	5.5	3.66	0.5
	%G	4,919	2.5	6.6	4.53	0.68
Brown Swiss	PL	4,626	1560.0	7763.0	3989.9	1100.8

PL, PP, PG, %P and %G= Milk, fat, and protein yield (kg) per lactation, and protein and fat content (%) in milk, respectively.

al combinar los efectos de hato, año y estación; la conectividad genética entre hatos fue determinada con el programa AMC⁽¹¹⁾. En el Cuadro 1 se presentan estadísticos descriptivos de los datos analizados.

Los modelos utilizados para evaluar el efecto de la inclusión del coeficiente de consanguinidad fueron: el modelo sin el efecto de consanguinidad que incluyó el efecto fijo de grupo contemporáneo, y los efectos aleatorios genético aditivo directo, de ambiente permanente de la vaca y residual; y el modelo con el efecto de la consanguinidad que adicionalmente incluyó el efecto fijo de la covariable coeficiente de consanguinidad del animal (F). La representación matricial de los modelos es:

$$y = Xb + Za + Wpe + e$$

$$y = X_{(F)}b + Za + Wpe + e$$

donde, **y** es el vector de registros de las variables analizadas; **b**, **a**, **pe** y **e** son los vectores de efectos fijos; de efectos aleatorios de valores genéticos aditivos directos, ambiente permanente de la vaca y residuales, respectivamente; **y** **X**, **Z** y **W** son matrices de incidencia que asocian los vectores correspondientes con **y**; **X**_(F) es la matriz **X** con una columna adicional para el coeficiente de consanguinidad del animal. Suponiendo normalidad, las esperanzas y varianzas son:

$$E[y] = Xb, E[a] = E[pe] = E[e] = 0, y$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I_V\sigma_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

donde, **A** es la matriz de relaciones genéticas aditivas; **I** es una matriz identidad; V es el número de vacas; N es el número de animales con registro, y σ_a^2 , σ_{pe}^2 , y σ_e^2 son las varianzas genética aditiva, de ambiente permanente, y residual. Los análisis para estimar los coeficientes de consanguinidad y las varianzas, y predecir los valores genéticos y sus

inbreeding effect which included the fixed effect of contemporary group, the additive genetic, permanent environmental of the cow, and residual random effects; and the alternative model that additionally included the fixed effect of the covariable inbreeding coefficient. The matrix representation of the models is:

$$y = Xb + Za + Wpe + e$$

$$y = X_{(F)}b + Za + Wpe + e$$

where, **y** represents the records vector of analyzed variables; **b**, **a**, **pe** and **e** represent the fixed effects, the random effects of additive genetic values, and permanent environmental and residual effect vectors, respectively; **X**, **Z** and **W** represent incidence matrices that associate the corresponding vectors to **y**; **X**_(F) represents the **X** matrix with an additional column for the inbreeding coefficient of the animal. Assuming a normal distribution, expected values and variances are:

$$E[y] = Xb, E[a] = E[pe] = E[e] = 0, \text{ and}$$

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I_V\sigma_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

where, **A** represents the additive genetic relationship matrix; **I** is an identity matrix, V represents the number of cows, N represents the number of animals with records, and σ_a^2 , σ_{pe}^2 , and σ_e^2 represent additive and permanent environmental and residual variances, respectively. Analyses to estimate inbreeding coefficients and variances, and to predict breeding values and their accuracies were performed through the MTDFREML software⁽¹²⁾.

Statistical criteria⁽¹³⁾ to determine the inclusion of F into the models for genetic evaluation were, 1) estimates of Pearson's product-moment correlation coefficient and rank correlation of Spearman for VGPs, and for accuracies from both models; 2) coincidence percentage for 100 sires with the highest VGP from models under comparison; 3) estimates of linear regression coefficients of VGP and their

exactitudes, se realizaron con el programa MTDFREML⁽¹²⁾.

Los criterios estadísticos⁽¹³⁾ para decidir la inclusión de F en los modelos para la evaluación genética fueron: 1) los estimados de las correlaciones producto-momento de Pearson y de rango de Spearman, entre los VGP y entre las exactitudes obtenidas con ambos modelos; 2) el porcentaje de coincidencia para los 100 sementales con los mayores VGP con los modelos en comparación; 3) los estimados de los coeficientes de regresión lineal de los VGP y sus exactitudes obtenidas con el modelo sin el efecto de consanguinidad sobre los obtenidos con el modelo que lo incluyó; 4) los estimados de las varianzas de los efectos genético aditivo directo, de ambiente permanente y residual, así como las heredabilidades obtenidas con ambos modelos. Adicionalmente, se estimaron los rangos de los VGP para las poblaciones completa y consanguínea, y el efecto de la consanguinidad en las variables

accuracies from the model without inbreeding on those from the model which included this coefficient; 4) estimates of variance of direct additive genetic, permanent environmental, and residual random effects and heritability obtained through both models. In addition, the ranges of VGP for both whole and inbred populations were estimated, and the inbreeding effect on the studied variables was assessed through the linear regression estimate for each variable on F.

Table 2 shows the distribution of animals according to their level of F in each breed. Inbred animal proportion was 48.6 and 29.5 % for Jersey and Brown Swiss. The proportion of animals showing F greater than 10 % was 0.98 % in Jersey and 4.24 % in Brown Swiss, F average was 1.4 ± 2.4 % and 1.2 ± 2.2 % for the whole population and 2.8 ± 2.9 % and 5.1 ± 7.3 % for inbred animals in Jersey and Brown Swiss, respectively. The proportion of inbred animals estimated in the

Cuadro 2. Número y porcentaje de bovinos por nivel de consanguinidad (F) en las poblaciones bovinas mexicanas Jersey y Suizo Americano de registro, respecto a la población total y a los animales consanguíneos

Table 2. Number of animals and percentage by inbreeding coefficient (F) level in Jersey and Brown Swiss populations in Mexico relative to whole population and inbred animals

F level	Number		PT		AC	
	Jersey	Brown Swiss	Jersey	Brown Swiss	Jersey	Brown Swiss
0	10,805	71,782	51.39	70.47		
>0<2	5,129	15,983	24.39	15.69	50.18	53.14
>2<5	3,556	6,423	16.91	6.30	34.79	21.35
>5<8	1,135	2,914	5.39	2.86	11.10	9.69
>8<10	193	431	0.92	0.42	1.89	1.43
>10<12	32	79	0.15	0.08	0.31	0.26
>12<15	126	1,495	0.60	1.47	1.23	4.97
>15<18	16	101	0.08	0.09	0.16	0.33
>18<20	1	125	0.00	0.12	0.01	0.41
>20<25	11	2,077	0.05	2.04	0.11	6.90
>25<30	20	383	0.09	0.38	0.20	1.27
>30<35	0	33	0.00	0.03	0.00	0.11
>35<40	2	33	0.01	0.03	0.02	0.11
>40<45	0	2	0.00	0.00	0.00	0.00
Total	21,026	101,861	100.00	100.00	100.00	100.00

PT= percentage of animals by inbreeding coefficient level relative to the whole population; AC= percentage of animals by inbreeding coefficient relative to inbred animals.

estudiadas se cuantificó con el estimado del coeficiente de regresión lineal para cada una de las variables evaluadas sobre F.

En el Cuadro 2 se muestra la distribución de ambas razas por niveles de F. Las proporciones de animales consanguíneos fueron 48.6 y 29.5 %, para Jersey y Suizo. La proporción de animales con F mayor que 10 % fue 0.98 % en Jersey y 4.24 % en Suizo. Los promedios de F fueron 1.4 ± 2.4 y 1.2 ± 2.2 % para el total de animales y 2.8 ± 2.9 y 5.1 ± 7.3 % para los consanguíneos en Jersey y Suizo. Las proporciones de animales consanguíneos estimadas en este estudio son menores que el 96.0 % observado en bovinos Holstein del Reino Unido en 2004⁽¹⁴⁾. En otro estudio realizado en EE.UU. con bovinos Holstein, se encontró que 92.8 % de los animales fueron consanguíneos⁽⁵⁾. En bovinos Jersey mexicanos de registro nacidos entre 2001 y 2007, se estimaron promedios de F de 1.9 ± 2.6 y 2.7 ± 2.7 para las poblaciones completa y consanguínea⁽⁸⁾. En forma similar, en bovinos Suizo Americano de registro se obtuvieron promedios para F de 1.48 ± 4.50 y 5.80 ± 7.50 en las poblaciones completa y consanguínea⁽⁹⁾.

En el Cuadro 3 se muestran los estimados de los coeficientes de regresión para las variables estudiadas por cada 1.0 % de aumento en F. En

Cuadro 3. Estimados de los coeficientes de regresión lineal para las variables estudiadas sobre el coeficiente de consanguinidad del animal (kg/1% F) en bovinos Jersey y Suizo Americano de registro

Table 3. Estimates of linear regression coefficients for the studied variables on the inbreeding coefficient of animals (kg/1% F) in Jersey and Brown Swiss cattle

Variable	Jersey	Brown Swiss
PL, kg	-12.80 ± 17.09	-17.8 ± 18.2
PG, kg	-1.69 ± 2.38	
PP, kg	-0.32 ± 0.70	
%G	-0.003 ± 0.011	
%P	-0.045 ± 0.097	

PL, PP, PG, %P and %G= Milk, fat, and protein yield (kg) per lactation, and protein and fat content (%) in milk, respectively.

present study is lower than the 96.0 % estimated for Holstein cattle in the UK in 2004⁽¹⁴⁾. In another study carried out in the US with Holstein cattle, 92.8 % of animals were inbred⁽⁵⁾. In Mexican Jersey pedigree cattle born between 2001 and 2007, F averages of 1.9 ± 2.6 and 2.7 ± 2.7 were estimated for whole and inbred populations, respectively⁽⁸⁾. Similarly, in Brown Swiss pedigree cattle the following F averages were estimated, 1.48 ± 4.50 and 5.80 ± 7.50 for whole and inbred populations, respectively⁽⁸⁾.

Regression coefficient estimates for studied variables for a 1 % increase in F are shown in Table 3. Jersey cattle showed decreases of 12.8 ± 17.1 kg in milk, 1.7 ± 2.4 kg in fat, and 0.3 ± 0.7 kg in protein per lactation, for %G and %P showed reductions, too, although proportionally smaller. In Swiss cattle, the reduction was 17.8 ± 18.2 kg for PL. The estimates obtained in the present study are within the range reported in literature, although showing high standard errors, possibly due to both a low number of records analyzed and to a low inbreeding degree in the populations studied. In Holstein cattle it was found that an 1.0 % increase in F was associated to a 27 kg, 0.9 kg and 0.8 kg reduction in milk, fat and protein mature equivalent yields in first lactation cows, respectively⁽¹⁵⁾. In another study, Wiggans *et al.*⁽⁵⁾ found reductions of 29.6 kg, 1.08 kg and 0.97 kg in milk, fat and protein yield for each 1.0 % increase in F. In Ayrshire, Guernsey, Holstein, Jersey, and Brown Swiss of first lactation cows reductions per lactation between 14.8 and 39.5 kg and from 0.78 to 1.36 kg in milk and fat yield, respectively, were found for each 1.0 % increase in F⁽¹⁶⁾.

Estimates of Pearson's product-moment, and Spearman's rank correlation coefficients for VGP and for accuracies were positive and close to 1; meaning that VGP obtained with both models were similar. When F was included into the model the greatest change was in VGP for %PG and %P in Jersey cattle (0.98 and 0.97); while for the other traits correlation estimates (> 0.99) suggest that VGP showed small changes in both breeds.

Results obtained in the present study show strong coincidence with those reported for Holstein cattle

Jersey hubo una disminución por lactancia de 12.8 ± 17.1 kg de leche, 1.7 ± 2.4 kg de grasa y 0.3 ± 0.7 kg de proteína; para %G y %P también hubo reducciones aunque proporcionalmente de menor magnitud. En bovinos Suizos la reducción fue de 17.8 ± 18.2 kg en PL. Los estimados de este estudio se encuentran dentro de la escala reportada en la literatura, aunque con errores estándar altos, posiblemente debido al número reducido de registros analizados y a los bajos niveles de consanguinidad en las poblaciones estudiadas. En bovinos Holstein se encontró que cada aumento de 1.0 % en F del animal se asoció con una disminución de 27 kg, 0.9 kg y 0.8 kg en las producciones a equivalente maduro en vacas de primera lactancia para leche, grasa y proteína⁽¹⁵⁾. En otro estudio, Wiggans *et al*⁽⁵⁾ observaron en bovinos Holstein reducciones de 29.6 kg de leche, 1.08 kg de grasa y 0.97 kg de proteína por lactancia, por cada 1 % de aumento en F. En bovinos Ayrshire, Guernsey, Holstein, Jersey y Pardo Suizo

Cuadro 4. Estimados de los coeficientes de regresión de los valores genéticos predichos y exactitudes obtenidos con el modelo que no incluyó el coeficiente de consanguinidad (1) sobre los del modelo que lo incluyó (2)

Cuadro 4. Estimates of regression coefficients of predicted breeding values and accuracies obtained through the model that did not include inbreeding coefficient F (1) on those obtained with the model that included F (2)

Raza	Variable	b ₁	b ₂
Jersey	PL	1.008	1.003
	PP	0.966	1.013
	PG	1.089	1.011
	%P	1.089	1.006
	%G	1.007	1.009
Brown Swiss	PL	0.997	0.999

PL, PP, PG, %P and %G= Milk, fat, and protein yield (kg) per lactation, and protein and fat content (%) in milk, respectively; b₁= Regression coefficient of breeding values predicted through model that included F compared to those predicted through model without F; b₂= Regression coefficient of accuracies obtained through model with F compared to those obtained through without model F.

by Tohidi and Torshizi⁽³⁾ who estimated Pearson's product-moment and Spearman's rank correlation coefficients greater than 0.997 between VGP for PL and PG, thus suggesting that F inclusion into models did not influence VG prediction. These authors attributed this result to both a low F average (0.18 %) and a high proportion of non inbred animals (91 %) in the studied population. They also pointed out that difference in VGP average for both PL and PG obtained through alternative models augmented when F increased. Results obtained in the present study are similar to those reported by Varona *et al*⁽²⁾ who compared a dominance model with another which excluded F, and estimates for correlations between VGP were greater than 0.999.

Coincidence percentages for the studied variables ranged from 90 to 98 % in both breeds, which is consistent for correlation values between VGP. This would mean that small changes should be expected when ranking VGP of outstanding sires when using either one or other model. These results concur with those obtained in Icelandic dairy cattle⁽¹⁾, where no significant effect due to F inclusion was found in ranking of evaluated animals, as averages of rank correlations for year of birth were 0.997, 0.998 and 0.996 for first, second and third lactations, respectively.

Regression coefficient estimates for VGP and accuracies obtained through the model without inbreeding effect compared to the model including it, varied from 0.96 to 1.10 for VG, and from 0.97 to 1.01 for accuracies in Jersey cattle; a similar trend was observed in Brown Swiss (Table 4). These results were expected owing to the high correlation between predicted VG with both models, which indicate in both breeds that breeding values obtained through one model can forecast with a great confidence level VGs predicted with the other model.

Heritability (h²) and variance components estimates obtained with both models are shown in Table 5. In Jersey cattle, estimated values for additive breeding variance obtained through the non F inclusion model were slightly lower for both PL and PG, greater for PP, and similar for %P and

Cuadro 5. Estimados de los componentes de varianza de efectos genéticos directos (u), ambiente permanente (pe), residual (e), fenotípica (p), y proporción de la varianza de ambiente permanente entre la varianza fenotípica (pe/p) y heredabilidades (h^2) para características de producción en bovinos Jersey y Suizo Americano de registro

Table 5. Estimates of variance components of direct genetic effects (u), permanent environment (pe), residual (e), phenotypic (p), and proportion of variance of permanent environment on phenotypic variance (pe/p), and heritability (h^2) for yield traits in Jersey and Brown Swiss pedigree cattle

Breed	Variable	Model	u	pe	e	p	h^2	pe/p
Jersey	PL	1	4,189.18	2,609.00	11,624.00	18,422.18	0.23	0.14
		2	4,178.71	2,590.00	11,625.00	18,393.17	0.23	0.14
	PG	1	500.61	478.04	3,155.75	4,134.40	0.12	0.12
		2	481.51	488.57	3,153.80	4,123.88	0.12	0.12
	PP	1	331.22	268.00	2,483.26	3,082.47	0.11	0.09
		2	335.32	267.24	2,479.37	3,081.94	0.11	0.09
	%G	1	0.04	0.02	0.22	0.28	0.15	0.07
		2	0.04	0.02	0.22	0.28	0.15	0.07
	%P	1	0.05	0.00	0.15	0.20	0.24	0.00
		2	0.05	0.00	0.15	0.20	0.24	0.00
Brown Swiss	PL	1	541.00	1,061.00	3,494.00	5,096.00	0.11	0.69
		2	542.00	1,065.00	3,492.00	5,098.00	0.11	0.68

PL, PP, PG, %P and %G= Milk, fat, and protein yield (kg) per lactation, and protein and fat content (%) in milk, respectively; 1= model without inbreeding coefficient, 2= model which includes inbreeding coefficient.

de primera lactancia, se observó que por cada 1.0 % que aumentó F, se redujeron de 14.8 a 39.5 kg y de 0.78 a 1.36 kg las producciones por lactancia de leche y grasa⁽¹⁶⁾.

Los estimados de las correlaciones producto momento de Pearson y de rango de Spearman entre los VGP y entre las exactitudes fueron positivos y cercanos a la unidad, lo que significa que los VGP con ambos modelos fueron similares. Cuando F se incluyó en el modelo, el cambio más notorio fue en los VGP para %P y PG en Jersey (0.97 y 0.98), mientras que para las demás características los estimados de las correlaciones (> 0.99) sugieren que los VGP cambiaron poco en ambas razas.

Los resultados del presente estudio coinciden con los obtenidos en bovinos Holstein por Tohidi y Torshizi⁽³⁾, quienes estimaron coeficientes de las correlaciones de Pearson y de rango de Spearman

%G, when compared to those obtained through the model that included F. Residual variance estimates for all traits were similar for the two models. In Jersey cattle, the changes for permanent environmental variance estimates were of small value; lower for PL and greater for PG in the non F than in the F model; meanwhile no changes were found for %P and %G. in Jersey cattle, the greatest changes in phenotypic variance estimates between models were found for both PL and PG, being very similar for PP, %G, and %P. Estimates for h^2 and for permanent environmental proportion compared to phenotypic variance remained similar for all traits in both breeds. Variance components estimates in Brown Swiss from both models were similar.

In Hereford cattle, when comparing 12 models that differed in the effects included in them, variance and h^2 estimates were similar, regardless if F was

mayores que 0.997 entre los VGP para PL y PG, lo cual sugiere que la inclusión de F en los modelos no influyó en la predicción de los VG. Estos autores atribuyeron este resultado al bajo promedio de F en la población estudiada (0.18 %) y a la alta proporción de animales no consanguíneos (91 %); también señalaron que las diferencias en los VGP promedio para PL y PG obtenidos con los modelos alternativos, incrementaron conforme F aumentó. Los resultados obtenidos en el presente estudio son similares a los observados por Varona *et al*⁽²⁾, quienes compararon un modelo de dominancia con otro que excluyó F, los estimados de las correlaciones entre los VGP fueron superiores a 0.999.

Los porcentajes de coincidencia para las variables estudiadas variaron de 90 a 98 % en ambas razas, lo que es consistente con los valores de correlación entre los VGP. Esto implica que se esperarían cambios pequeños en la jerarquización de los VGP de los sementales sobresalientes al utilizar uno u otro modelo. Estos resultados concuerdan con los obtenidos en bovinos lecheros de Islandia⁽¹⁾, donde no se observó un efecto importante de la inclusión de F en la jerarquización, dentro de año, de los animales evaluados; los promedios de las correlaciones de rango dentro de año de nacimiento fueron 0.997, 0.998 y 0.996 para la primera, segunda y tercera lactancias.

Los estimados de los coeficientes de regresión para los VGP y las exactitudes obtenidas con el modelo sin el efecto de la consanguinidad sobre los del modelo que lo incluyó, variaron de 0.96 a 1.10 para VG, y entre 0.97 y 1.01 para exactitudes en Jersey; una tendencia similar fue observada en Suizo (Cuadro 4). Estos resultados eran de esperarse dada la correlación alta entre los VG predichos con ambos modelos; e indican, en ambas razas, que los valores genéticos obtenidos con un modelo pueden predecir con un alto nivel de confiabilidad los VG predichos con el otro modelo.

En el Cuadro 5 se muestran los estimados de heredabilidad (h^2) y de componentes de varianza obtenidos con los modelos con y sin el efecto de consanguinidad. En bovinos Jersey los valores de

included or not⁽¹⁷⁾. In a study carried out on Piedmontese cattle, differences found in h^2 estimates went from 0.0 to 0.01 for age of first insemination, age at first calving, weight at 120 d, yearling weight in females and males⁽⁴⁾.

In general, in the present study, when progeny of inbred parents is taken into account, VGP range decreased by 7.8% in Jersey, and no changes were found in Brown Swiss. Results for Jersey differ with what is reported in other studies. In a study performed for assessing F effect on VG prediction in Braunvieh cattle, for the whole population, only 0.8 % of VGP for PL differed by more than 5.5 kg, and when F greater than 10% in parents was evaluated, 66.4 % of VGP differed by more than 5.5 kg⁽⁶⁾. These authors suggest that in genetic evaluation, progeny of inbred parents could present overestimated VGP relative to whole population.

In the present study, comparison of different criteria for including F into genetic evaluation models for the traits analyzed in both breeds, suggests that it is not necessary to include F in the models, probably due to low inbreeding levels in the Jersey and Brown Swiss Mexican populations. Other authors⁽¹⁷⁾, who did not find changes in either genetic parameters or variance components estimates obtained through models including and not including F in Hereford cattle, reached the same conclusion, and in both Piedmontese⁽⁴⁾ and Icelandic cattle⁽¹⁾, too. On the contrary, Tohidi and Torshizi⁽³⁾ recommend inclusion of F into the models for genetic evaluation for both milk and fat yield in Holstein cattle, and argue that not taking F into account in models, increases differences between VGP for the studied variables, and also that F is increasing the Holstein population they analyzed.

In brief, it is deemed not necessary to include F into genetic evaluation models for milk yield and of its components in Jersey cattle, and for milk yield in Brown Swiss cattle. However, it should be necessary a new assessment relative to F inclusion into genetic evaluation models, when inbreeding coefficient of cattle populations shows a substantial increase.

los estimados de la varianza genética aditiva obtenidos con el modelo sin F fueron ligeramente menores para PL y PG, mayores para PP, e iguales para %G y %P, en comparación con los del modelo con F; los estimados de la varianza residual para todas las características fueron similares entre modelos. En Jersey los cambios en los estimados de las varianzas de ambiente permanente para PP fueron de magnitud pequeña; para PL fue menor y para PG fue mayor con el modelo sin F en comparación con los del modelo con F, mientras que para %G y %P no hubo cambios. En Jersey los cambios más notorios en los estimados de la varianza fenotípica de un modelo a otro fueron observados para PL y PG, manteniéndose muy similares para PP, %G y %P. Los estimados de h^2 y la proporción de varianza de ambiente permanente sobre la varianza fenotípica se mantuvieron iguales para todas las características en ambas razas. En Suizo, los estimados de todos los componentes de varianza con ambos modelos fueron similares.

En bovinos Hereford, al comparar 12 modelos que difirieron en los efectos incluidos, se observó que los estimados de varianza y h^2 fueron similares, independientemente si F fue incluido o no en el modelo⁽¹⁷⁾. También en bovinos Piedmontese se encontró que las diferencias en los estimados de h^2 variaron de 0.0 a 0.01, para edad a la primera inseminación, edad al primer parto, peso a los 120 días, peso al año en hembras y peso al año en machos⁽⁴⁾.

En general, cuando se consideró la progenie de padres consanguíneos el rango para los VGP disminuyó 7.8 % en Jersey, para Suizo no hubo cambios. Los resultados para Jersey son contrarios a los observados en otras investigaciones. En un estudio realizado para evaluar el efecto de F en la predicción de los VG en bovinos Braunvieh, se observó que en la población completa, sólo 0.8 % de los VGP para PL difirieron más de 5.5 kg, y cuando se hizo la evaluación con F de los padres mayor que 10 %, 66.4 % de los VGP difirieron en más de 5.5 kg⁽⁶⁾. Estos autores sugieren que en las evaluaciones genéticas, la progenie de padres consanguíneos pudiera tener VGP sobreestimados con relación a la población completa.

ACKNOWLEDGMENTS

The authors wish to thank most especially Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Jersey de Registro A. C. (Mexican Jersey pedigree breeders association) and Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro, (Mexican Brown Swiss pedigree breeders association) for letting use data in their herd books and production registries for the present study, and also to CONACYT and Consejo Mexiquense de Ciencia y Tecnología for their financial support for the Master of Science studies of the second author.

End of english version

En el presente estudio, la comparación de los diferentes criterios utilizados para determinar la inclusión de F en los modelos para la evaluación genética de las diferentes características analizadas en ambas razas, sugiere que no es necesario incluir F en el modelo, probablemente debido a que los niveles de consanguinidad observados son bajos en las poblaciones de Jersey y Suizo Americano de México. A esta misma conclusión arribaron otros⁽¹⁷⁾, quienes no observaron cambios en los estimados de parámetros genéticos y componentes de varianza obtenidos con los modelos con o sin F en bovinos Hereford. Conclusiones similares se obtuvieron en bovinos Piedmontese⁽⁴⁾ y en bovinos lecheros de Islandia⁽¹⁾. Por el contrario, Tohidi y Torshizi⁽³⁾ recomendaron incluir F en el modelo para la evaluación genética de las producciones de leche y grasa en ganado Holstein; y argumentan que ignorar F en el modelo, incrementa las diferencias entre los VGP para las variables estudiadas y que F está aumentando en la población Holstein que estudiaron.

En resumen, actualmente no es necesaria la inclusión de F en los modelos para la evaluación genética de producción de leche y sus componentes en bovinos Jersey y de producción de leche en Suizo Americano. Sin embargo, se recomienda evaluar nuevamente la inclusión de F en los modelos para la evaluación genética, cuando la

consanguinidad en estas poblaciones se incrementa sustancialmente.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece a la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro y a la Asociación Angus Mexicana A. C. por facilitar la información de sus bases de datos genealógicos y productivos para el presente estudio; al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, y al Consejo Mexiquense de Ciencia y Tecnología, por el financiamiento otorgado para los estudios de maestría del segundo autor.

LITERATURA CITADA

1. Sigurdsson A, Jonmundsson JV. Inbreeding and its impact in the closed population of Icelandic dairy cattle. *Acta Agric Scand* 1995;45:11-16.
2. Varona L, Misztal I, Bertrand JK, Lawlor TJ. Effect of full sibs on additive breeding values under the dominance model for stature in United States Holsteins. *J Dairy Sci* 1998;81:1126-1135.
3. Tohidi R, Torshizi RV. Effect of inbreeding on breeding values for milk and fat yields in Iran Holstein. *Proc World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Belo Horizonte, Brazil. 2006.
4. Fioretti M, Rosati A, Pieramati C, Van Vleck LD. Effect of including inbreeding coefficients for animal and dam on estimates of genetic parameters and prediction of breeding values for reproductive and growth traits of Piedmontese cattle. *Livest Prod Sci* 2002;74:137-145.
5. Wiggans GR, VanRaden PM, Zuurbier J. Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. *J Dairy Sci* 1995;78:1584-1590.
6. Casanova L, Hagger C, Kuenzi N, Schneeberger M. Inbreeding in Swiss Braunvieh and its influence on breeding values predicted from a repeatability animal model. *J Dairy Sci* 1992;75:1119-1126.
7. Boichard D, Lee AJ. Approximate accuracy of genetic evaluation under a single-trait animal model. *J Dairy Sci* 1992;75:868-877.
8. Larios-Sarabia N, Ramírez-Valverde R, Núñez-Domínguez R, García-Muñiz JG, Ruíz-Flores A. Variabilidad genética en el hato bovino Jersey de registro en México y su potencial de mejoramiento. *Rev Mex Cienc Pecu* [En prensa].
9. Reséndiz HM. Niveles y tendencias de consanguinidad en bovinos Suizo Americano de registro en México. [Tesis licenciatura]. Chapingo, Méx: Universidad Autónoma Chapingo; 2007.
10. Núñez DR, Ramírez VR, Ruíz FA, Domínguez VJ. Resumen de evaluaciones genéticas para ganado Jersey 2004. *Boletín Técnico*. Universidad Autónoma Chapingo, México. 2004.
11. Roso VM, Schenkel FS. AMC-A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. *Proc World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Belo Horizonte, Brazil. Poster 27-26. 2006.
12. Boldman KG, Kriese LA, Van Vleck LD, Van Tassell CP, Kachman SD. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances (DRAFT). USDA, ARS. 1995.
13. SAS. User's Guide: Statistics. Version 9.1.3 Edition. SAS. Institute Inc., Cary, NC, USA. 2002.
14. Kearney JF, Wall E, Villanueva B, Coffey MP. Inbreeding trends and application of optimized selection in the UK Holstein population. *J Dairy Sci* 2004;87:3503-3509.
15. Smith LA, Cassell BG, Pearson RE. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. *J Dairy Sci* 1998;81:2729-2737.
16. Hudson GFS, Van Vleck LD. Inbreeding of artificially bred dairy cattle in the northeastern United States. *J Dairy Sci* 1984;67:161-170.
17. Ferreira GB, MacNeil MD, Van Vleck LD. Variance components and breeding values for growth traits from different statistical models. *J Animal Sci* 1999;77:2641-2650.