



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

MAESTRÍA EN CIENCIAS DE LA PRODUCCIÓN Y
DE LA SALUD ANIMAL

ESTIMACIÓN DE EFECTOS DE INTERACCIÓN
GENOTIPO-AMBIENTE PARA CARACTERÍSTICAS DE
PRODUCCIÓN Y FERTILIDAD EN GANADO HOLSTEIN
EN MÉXICO

TESIS

PARA OBTENER EL GRADO DE MAESTRO EN CIENCIAS

PRESENTA

ALEJANDRA PELCASTRE CRUZ

TUTOR

HUGO HORACIO MONTALDO VALDENEGRO

COMITÉ TUTORAL

HÉCTOR CASTILLO JUÁREZ
FELIPE DE JESÚS RUÍZ LÓPEZ

Dedicatoria

A Héctor, mi muy amado esposo, a quien admiro y respeto con todo mi corazón, porque siempre me escucha, me apoya y me ayuda a ver mis errores con amor.

A Ale, mi adorable hija, quien es la bendición más grande que Dios dio a mi matrimonio, porque ella logra que vuelva a ser niña otra vez.

A mis padres por ser ejemplo de dedicación, esfuerzo y trabajo.

A mis hermanos, por todo el amor que siempre nos tendremos.

A todos los amigos que en su momento me apoyaron, ya sea con su tiempo, conocimiento, o simplemente con su amistad y empatía durante este proceso: Lilia, Karina, Adimelda, Toño, Sergio.

Agradecimientos

A mi tutor, el Dr. Hugo Horacio Montaldo Valdenegro, por confiar en mi cuando nadie más lo hizo, por compartir conmigo tanto conocimiento y darme su valioso tiempo, porque sus palabras siempre me impulsaron a seguir adelante y esforzarme más, porque siempre ha sido paciente para aclararme cualquier duda (por necia que sea la pregunta), por su apoyo desmesurado.

Mi más sincero agradecimiento al Dr. Héctor Castillo Juárez y al Dr. Felipe de Jesús Ruíz López, por todo su apoyo, su tiempo y sus buenos consejos.

Gracias al Dr. Carlos Vásquez Peláez, Dr. Mauricio Valencia Posadas, Dr. Glafiro Torres Hernández y al Dr. Pedro Ochoa Galván, por sus valiosos comentarios para mejorar este trabajo.

A la UNAM y al CONACYT, porque gracias a ambas instituciones pude continuar con mi formación profesional.

Resumen

PELCASTRE CRUZ ALEJANDRA. Estimación de Efectos de Interacción Genotipo-Ambiente para Características de Producción y Fertilidad en Ganado Holstein en México. (Dirigida por: HUGO HORACIO MONTALDO VALDENEGRO, HÉCTOR CASTILLO JUÁREZ Y FELIPE DE JESÚS RUÍZ LÓPEZ).

Para evaluar efectos de interacción genotipo-ambiente se estimaron correlaciones genéticas (r_g) entre México, Canadá y EEUU, y entre niveles altos y bajos para diferentes descriptores ambientales de hato en México, para producción de leche, producción de grasa, producción de proteína, porcentaje de proteína, porcentaje de grasa, edad al primer parto, e intervalo entre partos, en ganado Holstein. Las r_g México-Canadá para producción de proteína (0.91), porcentaje de grasa (0.88) y porcentaje de proteína (0.89), fueron menores ($P < 0.05$) a las r_g Canadá-EEUU (0.96-0.99). Las r_g México-EEUU para porcentaje de grasa (0.89) y porcentaje de proteína (0.90), fueron menores ($P < 0.05$) a las r_g Canadá-EEUU (0.99). Las r_g México-Canadá para edad al primer parto (0.33 a 0.48) fueron menores a la unidad ($P < 0.05$). Las r_g México-Canadá para intervalo entre partos (0.48 a 0.75) fueron menores ($P > 0.05$) que el valor absoluto de las r_g intervalo entre partos en México-tasa de preñez de las hijas en EEUU (0.64 a 0.84). Las r_g entre niveles ambientales en México se estimaron entre 0.63 y 1.00 para características de producción y composición de la leche, entre -0.12 y 0.79 para edad al primer parto y entre 0.73 y 1.00 para intervalo entre partos. Para todos los descriptores ambientales hubo efectos de interacción genotipo-ambiente para edad al primer parto. Para los descriptores ambientales número de registros promedio por año, relación grasa:proteína y promedio de producción de leche hubo efectos de interacción genotipo-ambiente para intervalo entre partos. Las interacciones genotipo-ambiente fueron más importantes para las características reproductivas que para las de producción de leche. Los niveles ambientales

formados por la edad al primer parto y la relación grasa:proteína tuvieron los mayores efectos de interacción genotipo-ambiente. Los resultados se pueden explicar por el elevado nivel ambiental de la población Holstein de registro en México y su distribución geográfica.

Palabras clave: Interacción genotipo-ambiente, producción de leche, fertilidad, Holstein, México, Canadá, Estados Unidos, correlaciones genéticas, descriptores ambientales.

Abstract

PELCASTRE CRUZ ALEJANDRA. Estimated Effects of Genotype-Environment Interaction For Milk Yield and Fertility Traits For Holstein Cattle In Mexico (Directed by: HUGO HORACIO MONTALDO VALDENEGRO, HÉCTOR CASTILLO JUÁREZ AND FELIPE DE JESÚS RUÍZ LÓPEZ).

To estimate effects of genotype-environment interaction, genetic correlations (r_g) were estimated between Mexico, Canada and the US, and between high and low levels for several herd environmental descriptors within Mexico, for milk yield, fat yield, protein yield, fat percentage, protein percentage, age at first calving and calving interval in Holstein cattle. The r_g Canada-Mexico for protein yield (0.91), fat percentage (0.88) and protein percentage (0.89) were lower ($P < 0.05$) than the r_g Canada-US (0.96 to 0.99). The r_g US-Mexico for fat percentage (0.89) and protein percentage (0.90), were lower ($P < 0.05$) than the r_g Canada-US (0.99). The r_g Canada-Mexico for age at first calving (0.33 to 0.48) were lower than unity ($P < 0.05$). The r_g Canada-Mexico for calving interval (0.48 to 0.75) were lower ($P > 0.05$) than the absolute value of the r_g calving interval in Mexico-daughter pregnancy rate in the US (0.64 to 0.84). The r_g between environmental levels within Mexico, were between 0.63 and 1.00 for yield and composition traits, between -0.12 and 0.79 for age at first calving, and between 0.73 and 1.00 for calving interval. For all environmental descriptors there were genotype-environment interaction effects for age at first calving. For the environmental descriptors average number of records per year, fat:protein ratio, and average milk yield, there were genotype-environment interaction effects for calving interval. Genotype-environment interactions were more important for reproductive traits than for milk production traits. Environmental descriptor levels formed by age at first calving and fat:protein ratio had the greatest genotype-environment interaction effects. The results can be explained by the high environmental level of the registered Holstein population in México and its geographical distribution.

Key words: Genotype-environment interaction, milk yield, fertility, Holstein, Mexico, Canada, United States, genetic correlations, environmental descriptors.

Contenido

Dedicatoria	i
Agradecimientos	ii
Resumen.....	iii
Abstract	v
Lista de Cuadros.....	ix
1. Introducción	1
1.1. Producción de leche en México	1
1.2. Interacciones Genotipo por Ambiente	2
1.2.1. Estimación de correlaciones genéticas entre diferentes ambientes.....	3
1.3. Estudios de correlaciones genéticas generales entre países.....	4
1.4. Correlaciones genéticas que involucran niveles ambientales	5
1.5. Justificación.....	9
1.6. Objetivos.....	10
1.7. Hipótesis	11
2. Materiales y Métodos.....	12
2.1. Características estudiadas	12
2.2. Estimación de correlaciones genéticas entre países	12
2.2.1. Evaluaciones genéticas de Estados Unidos.....	14
2.2.2. Evaluaciones genéticas de Canadá.....	14
2.2.3. Evaluaciones genéticas de México	15
2.2.3.1. Información de pedigrí.....	15
2.2.3.2. Datos.....	15
2.2.3.3. Modelos estadísticos	18
2.3. Estimación de correlaciones genéticas entre niveles ambientales en México.....	18
2.4. Localización geográfica de los hatos y normales meteorológicas.....	19
2.5. Descripción de los niveles ambientales.....	20

3.	Resultados.....	23
3.1.	Parámetros genéticos.....	23
3.2.	Correlaciones genéticas entre países para características de producción y composición de leche	25
3.3.	Correlaciones genéticas entre países para características de fertilidad	27
3.4.	Correlaciones genéticas para características de producción y composición de leche entre niveles ambientales en México	30
3.5.	Correlaciones genéticas entre niveles ambientales para edad al primer parto	38
3.6.	Correlaciones genéticas entre niveles ambientales para intervalo entre partos	40
4.	Discusión	42
4.1.	Parámetros genéticos para ganado Holstein en México.....	42
4.2.	Correlaciones genéticas entre características de producción y composición de la leche para ganado Holstein en México y Estados Unidos o Canadá	44
4.3.	Correlaciones genéticas entre niveles ambientales para características de producción y composición de la leche	46
4.4.	Correlaciones genéticas entre características reproductivas en ganado Holstein en México y Estados Unidos ó Canadá.....	48
4.5.	Correlaciones genéticas entre niveles ambientales para características reproductivas.....	49
5.	Conclusiones.....	51
6.	Referencias.....	54

Lista de Cuadros

Cuadro 1. Estadísticos descriptivos para características productivas, de composición y de fertilidad de vacas Holstein en México	17
Cuadro 2. Estadísticos descriptivos para cada descriptor ambiental por nivel y en total	21
Cuadro 3. Correlaciones observadas entre descriptores ambientales por hato (arriba de la diagonal) y número de pares de hatos incluidos en el cálculo de la correlación (debajo de la diagonal).....	22
Cuadro 4. Parámetros genéticos estimados de las características estudiadas para ganado Holstein en México	24
Cuadro 6. Correlaciones observadas entre evaluaciones genéticas y correlaciones genéticas entre México y Canadá para edad al primer parto para la población en estudio, con diferentes porcentajes de confiabilidad mínima en las evaluaciones mexicanas.....	27
Cuadro 8. Parámetros genéticos para producción de leche en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental.....	33
Cuadro 9. Parámetros genéticos para producción de grasa en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental.....	34
Cuadro 10. Parámetros genéticos para producción de proteína en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental.....	35
Cuadro 11. Parámetros genéticos para porcentaje de grasa en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental.....	36
Cuadro 12. Parámetros genéticos para porcentaje de proteína en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental.....	37
Cuadro 13. Parámetros genéticos para edad al primer parto en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental.....	39
Cuadro 14. Parámetros genéticos para intervalo entre partos en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental.....	41

1. Introducción

1.1. Producción de leche en México

México ocupó en 2007 el tercer lugar de América Latina en volumen de producción de leche de bovino, después de Brasil y Argentina y el lugar decimoséptimo a nivel mundial (FAO, 2007). La producción de leche de bovino en México se realiza en alrededor de 789 mil unidades de producción y representó en 2006 el 21% del valor de la producción pecuaria en México, generando más de 200 mil empleos permanentes remunerados (SAGARPA, 2007).

En la década de 1990 la tasa media de crecimiento anual de la producción nacional de leche fue de 2.46%. Entre 2006 y 2009 la tasa media de incremento fue de 5%. En 2006, México produjo 10.1 millones de litros de leche. En 2009 la producción aumentó a 10.6 millones de litros (SIAP-SAGARPA., 2010b).

En 2006 alrededor del 72% de la producción de leche provenía de sistemas de producción especializados y con algún tipo de organización e integración económica. En 2009, diez estados en México aportaron de manera conjunta 64% de la producción nacional, éstos fueron Jalisco, Chihuahua, Coahuila, Durango, Veracruz, Guanajuato, México, Hidalgo, Puebla y Chiapas. La región con mayor volumen de producción de leche en el país es la templada con 47.8%, le sigue la árida y semiárida con 36.2% y finalmente la tropical húmeda y seca con 16% (SAGARPA, 2007).

Para 2008 se estimó que la población de bovinos lecheros era de 2.3 millones de cabezas (SIAP-SAGARPA., 2010a) y aproximadamente el 50% de esta población se encontraba principalmente en hatos Holstein manejados en sistemas de producción en estabulación (Montaldo et al., 2009). Por otra parte, el Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP) espera que la población nacional de ganado lechero sea de 2.6 millones de cabezas para 2018, y que la producción de leche llegará a 13.7 millones de litros en ese mismo

año. En cuanto al consumo, estima que pasará de 11.8 mil millones de litros en 2009 a 14.6 en 2018. Debido a la demanda existente, con un crecimiento mayor al de la oferta, México enfrenta un déficit y actualmente se importan grandes volúmenes de leche y productos lácteos (SAGARPA-AFPC-FAPRI, 2009).

El mejoramiento genético de la raza Holstein en México en los últimos 30 años se ha basado principalmente en la importación de animales, semen y embriones de Estados Unidos, Canadá y recientemente de Europa y Oceanía (Powell y Wiggans, 1991, Valencia et al., 1999). El sistema oficial de registros lecheros de la Asociación Holstein en México, ubicada en Querétaro, México, tuvo en 2008 aproximadamente 42,000 vacas en control de producción de leche, grasa y proteína, utilizadas para hacer las evaluaciones genéticas. El número de vacas oficialmente registradas representa aproximadamente el 4.9% de vacas en hatos especializados (Montaldo et al., 2010). Las evaluaciones genéticas para producción de leche en ganado Holstein mexicano se llevan a cabo desde 1998 por la Asociación Holstein de México (Valencia et al., 1999) una vez por año, tanto para producción de leche, grasa y proteína, como para porcentajes de grasa y proteína y características de conformación, utilizando modelos de repetibilidad de una sola característica (Montaldo et al., 2010).

1.2. Interacciones Genotipo por Ambiente

Debido al uso de la inseminación artificial y a la globalización económica, el mejoramiento genético del ganado lechero se ha convertido en forma creciente en un negocio internacional y por lo tanto existe un intercambio de semen de toros Holstein a nivel global (Powell et al., 1994). Esto es de particular importancia para Latinoamérica, en donde la importación de semen es la principal estrategia genética utilizada para mejorar la productividad del ganado bovino lechero. Lo anterior implica que en estos países, la selección de los reproductores se realiza, en muchos casos, en ambientes distintos a aquellos en los cuales los genotipos son utilizados (Jakobsen et al., 2009).

En un modelo genético simple para una característica cuantitativa, el fenotipo es considerado como el resultado de la suma de efectos genéticos y ambientales independientes. Si existe, en cambio, una variación adicional debida a la acción combinada de los efectos del genotipo y del ambiente, no predecible a partir de sus efectos por separado (Dickerson, 1966), la independencia entre ambos efectos se pierde y el modelo genético simple ya no es el adecuado para ajustar los datos (Falconer y Mackay, 1996). Por lo anterior se añade al modelo el efecto de interacción genotipo por ambiente (IGA) para solucionar el problema. Cuando las correlaciones genéticas estimadas para una misma característica, pero medida en diferentes ambientes, son menores a la unidad, hay indicios de la presencia de interacciones genotipo por ambiente (Falconer y Mackay, 1996).

Las interacciones genotipo-ambiente pueden afectar la eficiencia de los programas de selección, reduciendo la respuesta a la selección de las características económicamente importantes en poblaciones que producen bajo condiciones ambientales diferentes a aquellas en las cuales fueron seleccionados (Montaldo, 2001). Por lo tanto, al reconocerse la existencia de interacciones genotipo-ambiente, se puede enfrentar el problema de cómo optimizar los programas de mejoramiento genético para varios ambientes (Mulder et al., 2006).

1.2.1. Estimación de correlaciones genéticas entre diferentes ambientes

Los procedimientos para estimar las correlaciones genéticas entre características en diferentes ambientes son análogos a los utilizados para la estimación de las correlaciones genéticas entre dos características en el mismo ambiente, pero considerando que normalmente las características no son medidas en el mismo animal en los ambientes diferentes. En lugar de eso, normalmente se tienen grupos de parientes de los animales (principalmente mediohermanas paternas en el caso de ganado lechero) en cada ambiente y la correlación genética es obtenida a partir del parecido entre parientes en

diferentes ambientes (Falconer, 1952, Robertson, 1959, Yamada, 1962, Hazel, 1943).

Para varios genotipos medidos en dos ambientes la correlación genética puede ser estimada a partir de los componentes genéticos de varianza y covarianza correspondientes a los dos ambientes (Dickerson, 1966). Un método utilizado por Interbull, consiste en incluir las evaluaciones de los toros en distintos países y considerarlas en un modelo como características diferentes, incluyendo las relaciones genéticas entre los sementales (Schaeffer, 1994).

Por otra parte, se puede obtener una aproximación de la correlación genética basada en las evaluaciones genéticas de sementales y sus respectivas confiabilidades en distintos países (Calo et al., 1973).

1.3. Estudios de correlaciones genéticas generales entre países

Actualmente, el Servicio Internacional de Evaluación de Sementales (Interbull, por sus iniciales en inglés) utiliza la evaluación de múltiples características a través de países (MACE por sus iniciales en inglés), con este método, incorpora información de hijas de toros de diferentes países miembros, considerando a cada país como una característica diferente (Schaeffer, 1994). Se considera que entre los países incluidos en Interbull existen algunas correlaciones menores a la unidad, lo que se debe a múltiples factores, tales como distinta definición de las características en cada país, distintos modelos de evaluación genética y también a interacciones genotipo por ambiente (Jakobsen et al., 2009).

Se han estimado correlaciones genéticas entre 0.85 y 1.00 para características de producción de leche entre Estados Unidos y varios países de Europa Occidental (Weigel et al., 2001, Kearney et al., 2004, Mulder et al., 2004).

Con información de Interbull Powell y Sieber (1992) transformaron datos de evaluaciones de diferentes países para producción de leche y estimaron las

correlaciones observadas, cuando transformaron datos de Canadá a Estados Unidos como 0.94, cuando transformaron datos de Estados Unidos a Canadá como 0.90, cuando transformaron datos de Estados Unidos a México como 0.91 y cuando transformaron datos de Canadá a México como 0.91.

Como un método alternativo al MACE, se hizo una estimación de las evaluaciones genéticas de toros pertenecientes a 17 países miembros de Interbull, de tal manera que no se consideraron las fronteras entre los diferentes países. Así se estimaron las correlaciones genéticas para producción de leche en un rango entre 0.78 y 0.96, para producción de grasa en un rango entre 0.77 y 0.95, y para producción de proteína variando entre 0.77 y 0.94 (Weigel et al., 2001).

1.4. Correlaciones genéticas que involucran niveles ambientales

Al considerar que dentro de países pueden existir ambientes diferentes de producción, o bien que entre países pueden haber ambientes semejantes, los ambientes deben ser definidos y delimitados adecuadamente (Goddard, 1985, Weigel y Rekaya, 2000, Calus et al., 2002, Hammami et al., 2009b, Zwald et al., 2001).

Para estimar correlaciones genéticas entre países, en un estudio (Cienfuegos-Rivas et al., 1999) usando datos de México y Estados Unidos, formaron dos niveles ambientales (alto y bajo), basados en la desviación estándar de la producción de leche por hato-año. Las correlaciones genéticas para producción de leche entre los niveles ambientales en México y la población de Estados Unidos se encontraron entre 0.61 y 0.71 y fueron diferentes de la unidad ($P < 0.0001$). Las correlaciones genéticas entre los niveles ambientales en México y el nivel bajo de Estados Unidos estuvo en un rango entre 0.69 y 0.93, la correlación genética más grande fue entre el nivel bajo de Estados Unidos y el alto en México.

Las respuestas a la selección en México al utilizar sementales Holstein seleccionados en Estados Unidos, evaluados por la regresión de las desviaciones

de las hijas sobre el valor genético del semental, se estimó como 0.78 (Stanton et al., 1991), mientras que las respuestas observadas en Estados Unidos han sido cercanas a 1 (Powell y Norman, 1984).

Utilizando niveles ambientales basados en producción de leche como descriptor ambiental del hato, se estimaron correlaciones genéticas de 0.89, 0.90 y 0.89 para producción de leche entre EEUU y el nivel bajo de Brasil, entre EEUU y el nivel alto de Brasil y entre EEUU y ambos niveles de Brasil, respectivamente. Para producción de grasa las correlaciones genéticas se estimaron como 0.72, 0.88 y 0.86 entre los mismos niveles de Brasil y EEUU (Costa et al., 2000).

En otro estudio, en el que se incluyó información de producción de leche de primera lactancia de ganado Holstein de Australia, Austria, Bélgica, Canadá, República Checa, Estonia, Finlandia, Alemania, Hungría, Irlanda, Israel, Italia, Países Bajos, Nueva Zelanda, Sudáfrica, Suiza y Estados Unidos; se estimaron las correlaciones genéticas para producción de leche entre diferentes regiones, definidas a partir de las medias de cada país para 13 variables relacionadas con clima, manejo de hato y origen genético. Estas variables fueron: pico de producción, días al pico de producción, persistencia de la curva de lactancia, tamaño de hato, día de parto, desviación estándar de la producción de leche, porcentaje de genes provenientes de Norte América, porcentaje de animales con lactaciones completas, relación grasa:proteína, habilidad de transmisión predicha para producción de leche del toro, temperatura máxima (calculada como el promedio de la temperatura ambiental máxima diaria durante el mes más cálido del año, considerada como método de estimar el estrés calórico en vacas en una región particular) y finalmente, promedio de precipitación pluvial (calculado como el promedio anual en cada región, usado como indicador de humedad). Las variables que presentaron correlaciones genéticas para producción de leche más alejadas de la unidad fueron: temperatura (0.89), tamaño de hato (0.79), PTA de semental para leche (0.89), porcentaje de genes de toros Holstein de Norte América (0.83), pico de producción de leche (0.84),

relación grasa:proteína (0.90) y desviación estándar de producción de leche (0.90) (Zwald et al., 2001, 2003).

En un estudio para evaluar la existencia de interacciones genotipo por ambiente en Estados Unidos, los hatos se clasificaron de acuerdo a tres descriptores ambientales: el primero fue la desviación estándar de producción de leche del hato, el segundo una combinación de la desviación estándar y la media de la producción de leche del hato y el tercer criterio fue la media por hato para peso corporal al primer parto dividida entre la edad al primer parto. Las correlaciones genéticas estimadas entre los niveles ambientales alto y bajo, para producción de leche, producción de grasa, producción de proteína, porcentaje de proteína, porcentaje de grasa y conteo de células somáticas por lactancia fueron todas >0.97 , por lo que concluyeron que los valores genéticos y el ordenamiento de los sementales fueron semejantes en los dos ambientes de producción (alto y bajo) para estas características (Castillo-Juárez et al., 2000, Castillo-Juárez et al., 2002).

En un estudio con ganado Holstein en Sicilia, se definieron dos ambientes de hato (alto y bajo) en función de los siguientes descriptores ambientales: desviación estándar de producción de leche dentro de hato-año, producción al pico de lactancia y prácticas de manejo dirigidas al mejoramiento de la producción de leche. Las correlaciones genéticas entre ambos niveles ambientales para producción de leche, grasa y proteína fueron 0.63, 0.66 y 0.48 respectivamente (Raffrenato et al., 2003).

En ganado Guernsey y cruza en Australia, Canadá, Estados Unidos y Sudáfrica, se definieron 15 descriptores ambientales basados en el manejo del hato, la constitución genética del hato (definida como porcentaje de cruza) y características climáticas para datos de primeras lactancias. A pesar de haber encontrado que cinco de los descriptores ambientales estudiados (tamaño de hato, días al pico de producción, persistencia edad al primer parto, patrón de parto y tasa de maduración) causaron interacción genotipo-ambiente, se

concluyó que solamente la producción máxima de leche, la desviación estándar de la producción de leche dentro de hato y la precipitación pluvial anual se deben considerar en las evaluaciones genéticas internacionales, debido a que las correlaciones genéticas entre los niveles de los tres últimos descriptores ambientales mencionados fueron suficientemente bajas (0.85, 0.90 y 0.91, respectivamente) (Fikse et al., 2003).

En Nueva Zelanda se definieron ambientes con base en producción de grasa más proteína por hato (como indicador de nivel de alimentación), índice de temperatura-humedad (como indicador del grado de estrés calórico), tamaño de hato (como medida de el estrés compuesto por la competencia) y altitud a la cual se localizaba el hato sobre el nivel del mar (Bryant et al., 2007).

En México (Valencia et al., 2004), fueron estimados componentes de varianza genética aditiva, de ambiente permanente y de ambiente temporal para diferentes regiones, periodos de tiempo y hatos-año de acuerdo al nivel de desviación estándar de producción de leche en ganado Holstein, detectaron diferentes grados de heterogeneidad de varianzas en función del criterio de clasificación del registro.

En México, considerando ambientes determinados por la zona geográfica: norte (zona árida), central (zonas áridas y zonas templadas) y sur (zona templada y zona subtropical), estimaron las correlaciones genéticas entre Norte-Centro, Norte-Sur y Centro-Sur como 0.73, 0.38 y 0.93, respectivamente, se encontraron evidencias de IGA para producción de leche genotipo por zona entre Norte-Sur, con base en los resultados de las correlaciones genéticas (Valencia et al., 2008).

Otros descriptores ambientales utilizados para clasificar a los hatos por niveles ambientales que han sido considerados por diferentes autores son el tamaño de hato, producción promedio de proteína por hato, coeficiente de variación para producción de proteína por hato por día de prueba, índice de temperatura humedad, temperatura, producción por hato, precipitación pluvial

anual y edad al primer parto (Andersen-Ranberg et al., 2005, Fikse et al., 2003, Hayes et al., 2003).

Los trabajos mencionados indican que existen diferentes alternativas de clasificación de hatos basadas en el agrupamiento de ambientes a partir de distintos descriptores ambientales.

1.5. Justificación

Las interacciones genotipo-ambiente pueden afectar la eficiencia de los programas de selección reduciendo la respuesta en el mejoramiento de las características en animales produciendo bajo condiciones ambientales diferentes a aquellas en las cuales fueron seleccionados (Montaldo, 2001). Al estimar las correlaciones genéticas entre países o entre niveles ambientales, se puede evaluar la presencia de IGA, lo cual ayuda a mejorar la precisión de las evaluaciones genéticas e incrementar las respuestas a la selección, al considerar estos efectos de interacción en los modelos estadísticos o hacer programas de evaluación genética y de mejoramiento genético dentro de ambientes (Powell et al., 2005, Mulder et al., 2006).

En algunas poblaciones de ganado Holstein se han estudiado diferentes descriptores ambientales tales como país, zona geográfica, tamaño de hato, promedio de producción de proteína, coeficiente de variación para producción de proteína, altitud, temperatura, producción de leche, precipitación pluvial, pico de producción, persistencia de la curva de producción, edad al primer parto, tasa de desecho y temperatura mensual máxima, para determinar su influencia en la existencia de IGA para características de importancia económica (Fikse et al., 2003, Zwald et al., 2003, Valencia et al., 2008, Montaldo et al., 2009, Bryant et al., 2007).

Prácticamente todos los estudios sobre interacción genotipo por ambiente se han realizado en áreas templadas, con pocas investigaciones entre países

tropicales y templados. Sin embargo, la existencia de IGA aparece cuando las diferencias entre ambientes son grandes (Hammami et al., 2009b).

Se han realizado algunos estudios sobre IGA en ganado Holstein en México en los que se incluyen la estimación de correlaciones genéticas entre países y entre niveles ambientales basados en diferentes descriptores ambientales, como región geográfica y nivel de producción de leche (Cienfuegos-Rivas et al., 2006, Valencia et al., 2008, Montaldo et al., 2009), pero no existen resultados sobre producción o contenidos de grasa y proteína, ni de fertilidad en México, ni entre México y Canadá, ni entre México y Estados Unidos.

Tampoco se han realizado estudios sobre la posible influencia de diferentes descriptores ambientales del hato en las correlaciones genéticas para dichas características en México.

1.6. Objetivos

Estimar correlaciones genéticas entre países para producción de leche, grasa y proteína, porcentajes de grasa y de proteína, edad al primer parto e intervalo entre partos, a partir de evaluaciones genéticas de sementales Holstein en Canadá, Estados Unidos y México.

Estimar correlaciones genéticas entre niveles altos y bajos (por encima o debajo del promedio de los hatos) para los siguientes descriptores ambientales de hato en México: promedio de edad al primer parto, tamaño del hato, altitud, temperatura máxima anual, precipitación pluvial anual, intervalo entre partos, producción de grasa más proteína, relación grasa:proteína, producción de leche, temperatura del mes más cálido del año, para producción de leche, grasa y proteína, porcentajes de grasa y de proteína, edad al primer parto e intervalo entre partos.

1.7. Hipótesis

Existen interacciones genotipo-ambiente, manifestadas en correlaciones genéticas México-Canadá y México-Estados Unidos significativamente menores que las correlaciones genéticas Canadá-Estados Unidos.

Existen interacciones genotipo-ambiente debidas a diferencias ambientales de los hatos dentro de México, manifestadas como correlaciones genéticas significativamente menores a uno entre niveles altos y bajos para distintos descriptores ambientales.

Las correlaciones genéticas entre niveles ambientales en México son más altas que las correlaciones México-Canadá y México-Estados Unidos, lo que indica que los ambientes promedio entre países difieren en mayor grado que los niveles ambientales promedio altos y bajos dentro de México.

2. Materiales y Métodos

2.1. Características estudiadas

Las características incluidas en este estudio fueron producción de leche (PL), producción de proteína (PP), producción de grasa (PG), porcentaje de proteína (%P), porcentaje de grasa (%G), intervalo entre partos (IEP) y edad al primer parto (E1P).

2.2. Estimación de correlaciones genéticas entre países

Las correlaciones genéticas entre países se estimaron usando el método de Calo et al. (1973), a partir de evaluaciones genéticas de toros en México-Estados Unidos y México-Canadá con confiabilidades mínimas de 0.50 para características de producción y composición de leche y de 0.20 para características de fertilidad. La confiabilidad en el caso de México fue definida como $r^2_{T,HTP}$, mediante la siguiente expresión:

$$r^2_{T,HTP} = 1 - \frac{s_i^2}{\sigma_A^2}, \text{ (Gilmour et al., 2006)}$$

donde:

$r^2_{T,HTP}$, es la confiabilidad, definida como la correlación al cuadrado entre la habilidad real de transmisión del semental y la predicha (HTP),

s_i^2 es la varianza del error de predicción para el i-ésimo animal,

σ_A^2 es la varianza genética aditiva estimada.

Las correlaciones genéticas entre países (r_{gij}) para cada característica se estimaron a partir de la evaluación genética del toro en un primer (i) y segundo (j) país con base en la siguiente expresión:

$$r_g = \frac{r_o}{\sqrt{arel_i \times arel_j}}, \text{ (Calo et al., 1973)}$$

donde:

r_g es la correlación genética,

r_o es la correlación observada entre las evaluaciones genéticas,

$arel_i$ es la confiabilidad promedio de las evaluaciones genéticas en el país i,

$arel_j$ es la confiabilidad promedio de las evaluaciones genéticas en el país j.

Las correlaciones genéticas se compararon a partir de la suma de dos errores estándar. El error estándar de las correlaciones genéticas se estimó con la siguiente fórmula:

$$ee_{r_g} = \sqrt{\text{var}_{(r_o)} \left(\frac{1}{\sqrt{(arel_i)(arel_j)}} \right)^2},$$

donde:

ee_{r_g} es el error estándar de la correlación genética,

$\text{var}_{(r_o)}$ es la varianza de la correlación observada entre evaluaciones genéticas (Gill, 1978),

$arel_i$ es la confiabilidad promedio de las evaluaciones genéticas en el país i,

$arel_j$ es la confiabilidad promedio de las evaluaciones genéticas en el país j.

2.2.1. Evaluaciones genéticas de Estados Unidos

Las evaluaciones genéticas de Estados Unidos fueron obtenidas de un archivo disponible en el sitio de internet del Laboratorio de Mejoramiento Animal del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA-ARS, 2009) que contenía información de 202,630 toros nacidos entre 1950 y 2001, de los cuales 8,991 también tenían evaluaciones en México y entre 121 y 462 (dependiendo de la característica analizada) tienen evaluaciones con confiabilidad mayor a 0.50 en México y evaluaciones en Canadá, para características de producción y composición de leche. Para obtener las correlaciones genéticas para intervalo entre partos entre México y Estados Unidos, se utilizó la evaluación genética de la tasa de preñez de las hijas (DPR) en Estados Unidos, como característica reproductiva de referencia, ya que éste país no cuenta con evaluaciones genéticas para intervalo entre partos. Se utilizaron 747 toros con evaluaciones en Estados Unidos para DPR, con 0.20 mínimo de confiabilidad en las evaluaciones genéticas mexicanas de los toros para el intervalo entre partos.

2.2.2. Evaluaciones genéticas de Canadá

Las evaluaciones genéticas de Canadá fueron obtenidas de un archivo disponible en el sitio de internet de la Canadian Dairy Network (CDN, 2009) que contenía información de 9,084 toros nacidos de 1969 a 2006, de los cuales 2,575 tuvieron evaluaciones en México, y a su vez, entre 121 y 462 (dependiendo de la característica analizada) tuvieron evaluaciones con confiabilidad mayor a 0.50 en México y evaluaciones en Estados Unidos.

Para edad al primer parto e intervalo entre partos, las evaluaciones canadienses fueron obtenidas de un archivo proporcionado directamente por el Canadian Dairy Network, que incluyó las evaluaciones genéticas de 4,658 toros, de los cuales 747 tuvieron evaluaciones en México con más de 20% de confiabilidad en México para edad al primer parto y 682 para intervalo entre partos. Las confiabilidades utilizadas para edad al primer parto e intervalo entre

partos en Canadá, fueron para edad al primer servicio y días abiertos respectivamente, lo que constituye una aproximación adecuada (Miglior¹, comunicación personal, 2010).

Para estimar las precisiones de los porcentajes de grasa y proteína en Canadá y en Estados Unidos, se usó un valor de heredabilidad de 0.56 (Castillo-Juárez et al., 2000) y el número efectivo de hijas calculado a partir de la confiabilidad de la producción de leche, suponiendo una heredabilidad de 0.30 para esta última característica (Nilforooshan et al., 2009b, Weigel et al., 2001, Mulder et al., 2005).

2.2.3. Evaluaciones genéticas de México

Las evaluaciones genéticas mexicanas se obtuvieron a partir del análisis de información productiva y genealógica del control lechero oficial y el registro genealógico de la Asociación Holstein de México mediante modelos univariados de repetibilidad.

2.2.3.1. Información de pedigrí

El archivo final de pedigrí incluyó 323,638 individuos (con 14,482 sementales y 158,363 madres sin registros de producción) nacidos entre 1950 y 2007. Se incluyeron en el estudio únicamente animales de registro Holstein con padre y madre identificados.

2.2.3.2. Datos

Los datos de producción de leche, grasa y proteína fueron ajustados a 305 días y equivalente maduro por la Asociación Holstein de México con los métodos utilizados por Montaldo et al. (2010). En la edición se incluyeron datos de las vacas cuya identificación coincidía con la del pedigrí, descartando registros de

¹ Ph. D. Filippo Miglior. Investigador del Departamento de Agricultura y Agroalimentación de Canadá. Canadian Dairy Network. Guelph, ON, Canada.

individuos sin fecha de nacimiento, con alguna lactancia igual a cero, con menos de 100 días en leche (Bryant et al., 2007), hatos con menos de 100 registros (finalmente se contó con un total de 102 hatos). Los valores de intervalo entre partos menores de 293 (límite biológico) ó mayores de 790 días (a más de tres desviaciones estándar de la media) se consideraron como datos faltantes, al igual que valores menores a 549 (límite biológico) o mayores a 1271 días (más de tres desviaciones estándar de la media) (Castillo-Juárez et al., 2002), para edad al primer parto.

Para producción de leche, producción de grasa y producción de proteína, los valores extremos de más de tres desviaciones estándar arriba o abajo del promedio fueron excluidos del análisis, considerándolos datos perdidos (Montaldo et al., 2010). Además, para los porcentajes de grasa y proteína, se determinaron los límites inferiores y superiores con base en la distribución que presentaban los datos y los rangos considerados permisibles para estas características (para porcentaje de grasa entre 1.9 y 5% y para porcentaje de proteína entre 2.4 y 3.8%) (Castillo-Juárez et al., 2002, Bryant et al., 2007, Welper y Freeman, 1992, Kennelly, 1996), considerándose así valores perdidos aquellos que se encontraban lejos de la mayor proporción, así mismo, se consideraron valores perdidos los valores de producción de grasa y producción de proteína correspondientes a estos valores anormales de porcentajes.

Finalmente, se eliminaron los registros correspondientes a combinaciones hatos-años-épocas de parto o hatos-años-épocas de nacimiento que no contaban con un mínimo de tres lactancias por nivel (Weigel et al., 2001).

Los números de observaciones y estadísticos descriptivos para las características estudiadas, para los datos editados, se presentan en el cuadro 1.

Cuadro 1. Estadísticos descriptivos para características productivas, de composición y de fertilidad de vacas Holstein en México

Característica	Número de registros	Media	Desviación estándar	Mínimo	Máximo	CV (%)
Producción de leche (kg)	92,981	10,955	2,901	2,000	19,320	26.48
Producción de grasa (kg)	65,880	380	101.44	62	764	26.69
Producción de proteína (kg)	65,880	344	83.11	60	618	24.14
Producción de grasa más proteína (kg)	65,880	724	177.88	125	1,366	24.56
Relación grasa:proteína (kg/kg)	65,880	1.11	0.15	0.57	1.85	13.66
Porcentaje de grasa (%)	65,880	3.41	0.49	1.91	4.90	14.25
Porcentaje de proteína (%)	65,880	3.09	0.23	2.4	3.80	7.37
Edad al primer parto (días)	42,131	771	90.05	550	1,098	11.68
Intervalo entre partos (días)	55,477	423	90.26	294	737	21.34

2.2.3.3. Modelos estadísticos

Para estimar los parámetros genéticos, los datos de producción de leche, producción de grasa, producción de proteína, porcentaje de grasa, porcentaje de proteína e intervalo entre partos, se analizaron usando modelos univariados de repetibilidad que tuvieron los efectos fijos de la combinación época de parto-número de lactancia y la combinación hato-año-época de parto. Los efectos aleatorios incluidos fueron animal, semental-hato y ambiente permanente.

Se definieron tres épocas de parto (o de nacimiento para edad al primer parto) de acuerdo a su efecto en las características estudiadas y la distribución de observaciones como: 1) enero a abril, 2) mayo a agosto y 3) septiembre a diciembre.

Para analizar la edad al primer parto se utilizó un modelo animal que incluyó como efecto fijo la combinación de hato-año-época de nacimiento en lugar de hato-año-época de parto. Los efectos aleatorios incluidos fueron animal y semental-hato.

Los análisis se realizaron mediante el procedimiento AI-REML implementado en el programa ASREML (Gilmour et al., 2006).

2.3. Estimación de correlaciones genéticas entre niveles ambientales en México

Las correlaciones genéticas entre los niveles ambientales altos y bajos de cada descriptor ambiental en México fueron obtenidas para cada característica estudiada mediante modelos bivariados con efectos similares a los mencionados previamente en la sección 2.2.3.3.

El modelo más completo en notación matricial fue:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Donde \mathbf{y}_1 y \mathbf{y}_2 son los vectores de observaciones; \mathbf{b}_1 y \mathbf{b}_2 son los vectores de los efectos fijos; \mathbf{X}_1 y \mathbf{X}_2 son las matrices de incidencia que relacionan los efectos fijos con las observaciones; \mathbf{a}_1 y \mathbf{a}_2 son los vectores de los efectos aleatorios de los animales; \mathbf{Z}_1 y \mathbf{Z}_2 son las matrices de incidencia que relacionan los efectos aleatorios de los animales con las observaciones; \mathbf{p}_1 y \mathbf{p}_2 son los vectores de los efectos de ambiente permanente; \mathbf{W}_1 y \mathbf{W}_2 son las matrices de incidencia que relacionan los efectos aleatorios de ambiente permanente con las observaciones; \mathbf{e}_1 y \mathbf{e}_2 son los vectores de efectos residuales.

Las matrices de esperanzas y (co)varianzas de los vectores aleatorios se representan de la siguiente manera:

$$E \begin{bmatrix} y \\ a \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X\beta \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad V \begin{bmatrix} a \\ pe \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{A} & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{P} & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{R} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_0 & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{I}_2 \otimes \mathbf{P}_0 & 0 \\ 0 & 0 & \sum \otimes \mathbf{R}_{ko} \end{bmatrix}$$

Donde \mathbf{P}_0 y \mathbf{G}_0 denotan un escalar en el caso de modelos univariados, o matrices de 2x2 de varianzas y covarianzas entre características para el caso de modelos bivariados; \mathbf{R}_{ko} es la matriz de varianzas y covarianzas residuales en el caso de modelos univariados, o es la suma directa de las matrices de varianzas y covarianzas residuales en el caso de modelos bivariados. \mathbf{A} es la matriz numerador de relaciones, \mathbf{I}_1 e \mathbf{I}_2 son matrices de identidad y \otimes es el producto Kronecker.

2.4. Localización geográfica de los hatos y normales meteorológicas

Se utilizó el software Google Earth 5 (Maps/Earth, 2009) para obtener las coordenadas geográficas de los hatos en estudio y con ellas se localizó la estación meteorológica más cercana a cada hato en el sitio de internet del Sistema Meteorológico Nacional (SMN-CONAGUA, 2009), de donde se obtuvieron las normales meteorológicas de cada estación, así como la altitud sobre el nivel

del mar. La distancia promedio entre cada hato y la estación meteorológica más cercana fue de 8 km, con un rango de 2 a 33 km.

2.5. Descripción de los niveles ambientales

En este estudio se utilizaron los siguientes descriptores ambientales de hato: altitud sobre el nivel del mar (ALT), edad promedio al primer parto (EDP), intervalo promedio entre partos (IEP), número de registros promedio por año (TPH), temperatura máxima promedio anual (TMA), temperatura del mes más cálido por año (TMC), precipitación pluvial anual (PPA), promedio de producción de leche (PLH), promedio de relación grasa:proteína (producción de grasa dividida entre producción de proteína) (RGP) y promedio de producción de grasa más proteína (PGP).

Los hatos se asignaron a dos grupos: alto y bajo, de acuerdo al valor del descriptor del hato con respecto a la media de todos los hatos; por encima y debajo de la media, respectivamente, excepto para intervalo entre partos y edad al primer parto, para los cuales el nivel alto es el que se encontraba por debajo de la media y el bajo, por arriba. De modo que en esta escala, el nivel alto fue el más deseable para todos los descriptores ambientales.

En el cuadro 2 se muestran las medias y desviaciones estándar de cada descriptor ambiental por nivel (alto ó bajo) y en el cuadro 3 se muestran las correlaciones entre los descriptores ambientales estudiados.

Cuadro 2. Estadísticos descriptivos para cada descriptor ambiental por nivel y en total

Descriptor ambiental	Nivel ambiental*						Total		
	Alto			Bajo					
	Media	Desviación estándar	Hatos (n)	Media	Desviación estándar	Hatos (n)			
Promedio de edad al primer parto (días)	760	28	58	847	44	44	799	56	102
Tamaño promedio del hato (n)	252	128	34	34	28	68	106	129	102
Altitud (msnm)	2,052	185	55	1,664	292	47	1,874	308	102
Temperatura máxima anual(°C)	27	1	62	25	1.2	40	26	1.8	102
Precipitación pluvial anual (mm)	780	126	43	516	90	59	628	169	102
Intervalo entre partos (días)	405	21	52	447	25	45	425	31	97
Relación grasa:proteína (kg/kg)	1.15	0.042	40	1.04	0.035	41	1.1	0.065	81
Producción de grasa más proteína(kg)	743	55	44	561	68	37	660	109	81
Producción de leche (kg)	11,358	1,020	56	8,465	1,186	46	10,053	1,812	102
Temperatura del mes más cálido (°C)	31.8	1.6	60	28.2	1.7	42	30.3	2.4	102

* Niveles ambientales altos y bajos determinados de acuerdo al valor medio para cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental.

Cuadro 3. Correlaciones observadas entre descriptores ambientales por hato (arriba de la diagonal) y número de pares de hatos incluidos en el cálculo de la correlación (debajo de la diagonal)

	Promedio de edad al parto	Tamaño promedio del hato	Altitud	Temperatura máxima anual	Precipitación pluvial anual	Intervalo entre partos	Producción de grasa más proteína	Relación de grasa: proteína	Producción de leche	Temperatura del mes más cálido
Promedio de edad al primer parto (días)	-0.33*	0.02	0.11	0.21*	0.25*	-0.62**	0.12	-0.68**	-0.002	
Tamaño promedio del hato (n)	99	0.16	-0.15	-0.15	-0.04	0.42*	0.12	0.37*	-0.16	
Altitud (msnm)	99	102	-0.57**	0.01	0.14	0.02	0.05	-0.14	-0.67**	
Temperatura máxima anual(°C)	99	102	102	0.04	0.004	-0.08	0.11	-0.03	0.90**	
Precipitación pluvial anual (mm)	99	102	102	102	0.15	-0.23*	-0.18	-0.27*	-0.16	
Intervalo entre partos (días)	95	97	97	97	97	-0.13	0.15	0.26*	-0.07	
Producción de grasa más proteína(kg)	79	81	81	81	78	81	0.01	0.96**	0.01	
Relación grasa:proteína (kg/kg)	79	81	81	81	78	81	81	-0.11	0.12	
Producción de leche (kg)	99	102	102	102	97	81	81	81	0.14	
Temperatura del mes más cálido (°C)	99	102	102	102	97	81	81	81	102	

*P<0.05, **P<0.01; Ho:r=0.

3. Resultados

3.1. Parámetros genéticos

En el cuadro 4 se muestran los parámetros genéticos estimados de las características estudiadas en ganado Holstein en México, utilizando todos los datos.

Cuadro 4. Parámetros genéticos estimados de las características estudiadas para ganado Holstein en México

Característica	Heredabilidad	Repetibilidad	Proporción de	
			Varianza semental-hato	Varianza fenotípica*
Producción de leche (kg)	0.18 ± 0.009	0.35 ± 0.005	0.014 ± 0.002	5828000 ± 34480
Producción de grasa (kg)	0.20 ± 0.011	0.39 ± 0.005	0.018 ± 0.003	7373 ± 52.29
Producción de proteína (kg)	0.19 ± 0.011	0.38 ± 0.005	0.017 ± 0.003	4952 ± 34.81
Porcentaje de grasa (%)	0.46 ± 0.013	0.61 ± 0.004	0.024 ± 0.003	0.199 ± 0.0023
Porcentaje de proteína (%)	0.49 ± 0.012	0.59 ± 0.004	0.007 ± 0.002	0.046 ± 0.0004
Edad al primer parto (días)	0.06 ± 0.009	--	0.051 ± 0.005	5342 ± 40.05
Intervalo entre partos (días)	0.03 ± 0.006	0.12 ± 0.006	0.003 ± 0.002	7716 ± 48.33

* Varianza fenotípica= animal + semental-hato + ambiente permanente + error

3.2. Correlaciones genéticas entre países para características de producción y composición de leche

Las correlaciones genéticas entre Canadá y Estados Unidos para producción de leche y producción de grasa (cuadro 5) no fueron significativamente diferentes de las correlaciones genéticas entre México y Canadá, ni entre México y Estados Unidos ($P > 0.05$). Para producción de proteína, la correlación genética entre México y Canadá estimada con 50% de confiabilidad mínima para las evaluaciones Mexicanas, fue la única que fue significativamente menor ($P < 0.05$) que la correlación genética entre Canadá y Estados Unidos, aunque la diferencia fue pequeña: 0.96 vs. 0.91.

Tanto para porcentaje de grasa como para porcentaje de proteína, las correlaciones genéticas entre México y Canadá fueron significativamente menores que las correlaciones genéticas entre Canadá y Estados Unidos ($P < 0.05$). Pero las correlaciones genéticas entre México y Estados Unidos sólo fueron significativamente diferentes que las correlaciones genéticas entre Canadá y Estados Unidos ($P < 0.05$) cuando las evaluaciones mexicanas para porcentajes de proteína y grasa fueron estimadas con 50% de confiabilidad mínima. Las correlaciones genéticas para Canadá con Estados Unidos fueron todas 0.99 en comparación con 0.87 a 0.91, para las correlaciones entre México con estos dos países.

La menor correlación genética entre México y Canadá fue de 0.83 para producción de grasa y el valor mayor fue de 0.92 para producción de proteína. Entre México y Estados Unidos la correlación genética más baja fue la estimada para producción de grasa (0.85) y la mayor fue para producción de proteína (0.95).

Cuadro 5. Correlaciones observadas entre evaluaciones genéticas y correlaciones genéticas para producción de leche, grasa y proteína y porcentajes de grasa y proteína entre México, Canadá y Estados Unidos (EEUU) para toros con información en los tres países

Confiabilidad mínima en México (%)	Toros (n)	Confiabilidad promedio	Correlaciones							
			Observadas	Genéticas	Observadas	Genéticas				
Producción de leche										
75	155	0.85	0.98	0.99	0.78	0.79	0.95	0.85 ± 0.056	0.86 ± 0.055	0.97 ± 0.026
50	362	0.72	0.98	0.98	0.73	0.76	0.95	0.87 ± 0.043	0.91 ± 0.041	0.97 ± 0.017
Producción de grasa										
75	124	0.85	0.98	0.99	0.77	0.78	0.93	0.84 ± 0.064	0.85 ± 0.062	0.95 ± 0.033
50	322	0.71	0.98	0.98	0.69	0.73	0.94	0.83 ± 0.049	0.88 ± 0.046	0.96 ± 0.020
Producción de proteína										
75	121	0.85	0.98	0.99	0.84	0.82	0.95	0.92 ± 0.055	0.90 ± 0.057	0.96 ± 0.030
50	319	0.7	0.98	0.98	0.76	0.79	0.94	0.91 ± 0.044*	0.95 ± 0.042	0.96 ± 0.019
Porcentaje de grasa										
75	230	0.87	0.99	0.99	0.81	0.83	0.98	0.88 ± 0.042*	0.89 ± 0.041	0.99 ± 0.013
50	444	0.75	0.99	0.99	0.75	0.77	0.98	0.88 ± 0.037*	0.89 ± 0.035*	0.99 ± 0.010
Porcentaje de proteína										
75	255	0.87	0.99	0.99	0.83	0.85	0.98	0.89 ± 0.038*	0.91 ± 0.036	0.99 ± 0.012
50	462	0.76	0.99	0.99	0.75	0.78	0.98	0.87 ± 0.035*	0.90 ± 0.034*	0.99 ± 0.010

*P<0.05; Ho: r_{México-Canadá} ó r_{EEUU} = r_g Canadá-EEUU

3.3. Correlaciones genéticas entre países para características de fertilidad

Para la estimación de las correlaciones genéticas para edad al primer parto entre México y Canadá (cuadro 6) se utilizaron varios porcentajes mínimos de confiabilidad en las evaluaciones mexicanas que variaron entre 20 y 75% y en las que se incluyeron entre 8 y 747 toros. Las correlaciones genéticas se encontraron en un rango de 0.33 a 0.48, con una disminución del error estándar conforme se incrementó el número de toros incluidos en la evaluación. Se puede apreciar que casi todas las correlaciones genéticas fueron menores a uno ($P < 0.05$), excepto cuando se usaron solamente 8 toros.

Cuadro 6. Correlaciones observadas entre evaluaciones genéticas y correlaciones genéticas entre México y Canadá para edad al primer parto para la población en estudio, con diferentes porcentajes de confiabilidad mínima en las evaluaciones mexicanas

% de confiabilidad mínima en México	Toros (n)	Confiabilidad promedio		Correlaciones	
		Canadá	México	Observada	Genética
75	8	0.99	0.80	0.31	0.35 ± 0.44
50	61	0.95	0.62	0.37	0.48 ± 0.16*
40	117	0.93	0.54	0.23	0.33 ± 0.13*
30	224	0.91	0.44	0.26	0.40 ± 0.10*
20	747	0.82	0.30	0.23	0.45 ± 0.07*

* $P < 0.05$

Las correlaciones genéticas entre México y Canadá para intervalo entre partos (cuadro 7) se encuentran entre 0.48 y 0.75 y muestran una tendencia a disminuir conforme disminuye la confiabilidad mínima utilizada en las evaluaciones mexicanas. Estas correlaciones genéticas fueron menores ($P < 0.05$) que las correlaciones genéticas entre Canadá y Estados Unidos solamente cuando se estimaron con 20 y 30% de confiabilidad mínima en las evaluaciones mexicanas.

Las correlaciones genéticas entre el intervalo entre partos en México y la tasa de preñez de las hijas en Estados Unidos (cuadro 7), que se presentan multiplicadas por -1 para facilitar su interpretación, van de 0.64 a 0.84 y tendieron a disminuir conforme lo hace la confiabilidad mínima utilizada en las evaluaciones

mexicanas. Estas correlaciones genéticas fueron significativamente menores ($P < 0.05$) a las correlaciones genéticas entre Canadá y Estados Unidos que no fueron diferentes de uno ($P < 0.05$), solamente cuando se estimaron con 20 y 30% de confiabilidad mínima en las evaluaciones mexicanas.

Las correlaciones genéticas estimadas entre intervalo entre partos y tasa de preñez de las hijas, entre Canadá y Estados Unidos (cuadro 7), variaron entre 0.93 a 1.06 y no mostraron ninguna tendencia con respecto al número de toros utilizados en el análisis.

Cuadro 7. Correlaciones observadas entre evaluaciones genéticas y correlaciones genéticas entre México y Canadá o Estados Unidos (EEUU) para intervalo entre partos en México y Canadá y tasa de preñez de las hijas en EEUU, con diferentes porcentajes de confiabilidad mínima en las evaluaciones mexicanas, para la población en estudio

Confiabilidad mínima en México	Toros (n)	Confiabilidad promedio			Correlaciones observadas			Correlaciones genéticas		
		Canadá	EEUU	México	México-Canadá	México-EEUU	Canadá-EEUU	México-Canadá	México-EEUU	Canadá-EEUU
75	8	0.99	0.99	0.8	0.67	0.75	0.97	0.75 ± 0.34	0.84 ± 0.30	0.98 ± 0.10
50	46	0.97	0.98	0.64	0.54	0.57	0.91	0.68 ± 0.16	0.73 ± 0.16	0.94 ± 0.06
40	92	0.96	0.97	0.54	0.49	0.51	0.9	0.69 ± 0.13	0.71 ± 0.13	0.93 ± 0.05
30	177	0.94	0.95	0.44	0.40	0.43	0.89	0.61 ± 0.11*	0.66 ± 0.11*	0.95 ± 0.04
20	682	0.87	0.81	0.29	0.24	0.31	0.89	0.48 ± 0.07*	0.64 ± 0.07*	1.06 ± 0.02

*P<0.05; Ho: $r_{gMéxico-Canadá \text{ ó } EEUU} = r_{g \text{ Canadá-EEUU}}$

3.4. Correlaciones genéticas para características de producción y composición de leche entre niveles ambientales en México

Las correlaciones genéticas estimadas entre los niveles ambientales altos y bajos para producción de leche (cuadro 8) fueron en general >0.90 para la mayoría de los descriptores ambientales, variando entre 0.87 y 0.97. Los valores para producción de grasa (cuadro 9) fueron generalmente >0.80 y fluctuaron entre 0.63 y 0.97. Los valores para producción de proteína (cuadro 10) fueron en general >0.84 , variando entre 0.79 y 0.98. Las correlaciones genéticas para porcentaje de grasa (cuadro 11) fueron >0.89 y el rango fue entre 0.88 y 0.98; finalmente para porcentaje de proteína (cuadro 12) las correlaciones genéticas fueron en general >0.98 , variando entre 0.94 y 1.00.

Las correlaciones genéticas entre los niveles ambientales altos y bajos para producción de leche (cuadro 8) fueron significativamente menores que la unidad ($P < 0.05$) para los descriptores ambientales edad al primer parto, tamaño de hato y precipitación pluvial. Las heredabilidades para producción de leche en los niveles bajos de los distintos descriptores ambientales fluctuaron entre 0.17 y 0.23 y en los niveles altos entre 0.16 y 0.22. No se encontraron diferencias significativas entre las heredabilidades de los diferentes niveles de los descriptores ambientales ($P > 0.05$).

Para producción de grasa (cuadro 9) los descriptores ambientales que tuvieron correlaciones genéticas significativamente menores de la unidad ($P < 0.05$) fueron tamaño de hato, precipitación pluvial, relación grasa:proteína, producción de grasa más proteína y producción de leche por hato. Las heredabilidades para producción de grasa en los niveles bajos de los distintos descriptores ambientales están entre 0.19 y 0.32 y para los niveles altos entre 0.16 y 0.26. Las heredabilidades para producción de grasa estimadas en los niveles altos y bajos para los descriptores ambientales intervalo entre partos (0.16 vs. 0.26) y

producción de grasa más proteína (0.20 vs. 0.32), fueron significativamente diferentes ($P < 0.05$).

Para producción de proteína (cuadro 10) los descriptores ambientales con correlaciones genéticas significativamente menores a uno ($P < 0.05$) entre los niveles ambientales altos y bajos, fueron edad al primer parto, tamaño de hato, altitud y producción de grasa más proteína. Las heredabilidades para los niveles bajos se encuentran entre 0.19 y 0.29 y entre 0.16 y 0.24 para los niveles altos. Las heredabilidades estimadas para producción de proteína en los niveles altos y bajos de los descriptores ambientales intervalo entre partos (0.16 vs. 0.24) y producción de grasa más proteína (0.19 vs. 0.29), fueron significativamente diferentes ($P < 0.05$).

Los descriptores ambientales altitud, precipitación pluvial, intervalo entre partos y producción de leche por hato tuvieron correlaciones genéticas significativamente menores de la unidad entre los niveles ambientales altos y bajos para porcentaje de grasa (cuadro 11). Las heredabilidades para el porcentaje de grasa en los niveles ambientales bajos de los diferentes descriptores ambientales se encontraron entre 0.40 y 0.53 y para los niveles ambientales altos entre 0.43 y 0.52. Las heredabilidades para porcentaje de grasa estimadas en los niveles altos y bajos de los descriptores ambientales altitud (0.44 vs. 0.53), temperatura máxima anual (0.52 vs. 0.42), producción de grasa más proteína (0.49 vs. 0.40) y temperatura del mes más cálido (0.52 vs. 0.42), fueron diferentes ($P < 0.5$).

Para el porcentaje de proteína (cuadro 12) ningún descriptor ambiental tuvo correlaciones genéticas significativamente menores a la unidad ($P < 0.05$) entre los niveles ambientales altos y bajos. Las heredabilidades de esta característica en los niveles ambientales bajos de los diferentes descriptores ambientales se encontraron entre 0.38 y 0.53 y para los niveles altos, entre 0.45 y 0.52. Las heredabilidades para porcentaje de proteína estimadas en los niveles altos y

bajos de los descriptores ambientales tamaño promedio de hato (0.51 vs. 0.38) e intervalo entre partos (0.45 vs. 0.53), fueron diferentes ($P < 0.05$).

Cuadro 8. Parámetros genéticos para producción de leche en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental

Descriptor ambiental	Nivel ambiental**					
	Alto			Bajo		
	Heredabilidad	Varianza fenotípica ⁺	Hereditabilidad	Varianza fenotípica ⁺	Heredabilidad	Correlación genética
Edad al primer parto (días)	0.19 ± 0.016	5082000 ± 58690	0.18 ± 0.010	6042000 ± 40100	0.90 ± 0.042*	
Tamaño promedio del hato (n)	0.19 ± 0.010	6127000 ± 39210	0.20 ± 0.021	4171000 ± 58400	0.87 ± 0.055*	
Altitud (msnm)	0.16 ± 0.011	6451000 ± 47290	0.21 ± 0.013	4915000 ± 44050	0.95 ± 0.029	
Temperatura máxima anual(°C)	0.20 ± 0.011	5484000 ± 42690	0.17 ± 0.012	6224000 ± 51680	0.96 ± 0.025	
Precipitación pluvial anual (mm)	0.22 ± 0.018	4824000 ± 57740	0.18 ± 0.010	6121000 ± 40360	0.87 ± 0.047*	
Intervalo entre partos (días)	0.16 ± 0.011	6449000 ± 53340	0.21 ± 0.011	5325000 ± 41720	0.98 ± 0.024	
Relación grasa:proteína (kg/kg)	0.18 ± 0.011	6118000 ± 47970	0.20 ± 0.012	5507000 ± 45440	0.97 ± 0.023	
Producción de grasa más proteína (kg)	0.18 ± 0.010	6195000 ± 41410	0.21 ± 0.016	4707000 ± 53040	0.93 ± 0.036	
Producción de leche (kg)	0.17 ± 0.010	6152000 ± 39420	0.23 ± 0.018	4368000 ± 56670	0.94 ± 0.040	
Temperatura del mes más cálido (°C)	0.20 ± 0.011	5516000 ± 43170	0.17 ± 0.012	6178000 ± 51070	0.96 ± 0.026	

⁺ Varianza fenotípica= animal + semental-hato + ambiente permanente + error; *P<0.05; ** Niveles ambientales altos y bajos determinados de acuerdo al valor medio para cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental.

Cuadro 9. Parámetros genéticos para producción de grasa en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental

Descriptor ambiental	Nivel ambiental**				Correlación genética
	Alto		Bajo		
	Heredabilidad	Varianza fenotípica ⁺	Heredabilidad	Varianza fenotípica ⁺	
Edad al primer parto (días)	0.19 ± 0.020	6935 ± 98.39	0.21 ± 0.012	7476 ± 59.10	0.90 ± 0.052
Tamaño promedio del hato (n)	0.21 ± 0.011	7653 ± 57.43	0.30 ± 0.034	5332 ± 105.70	0.63 ± 0.087*
Altitud (msnm)	0.20 ± 0.013	7920 ± 67.72	0.22 ± 0.016	6384 ± 72.10	0.93 ± 0.035
Temperatura máxima anual(°C)	0.22 ± 0.014	7227 ± 68.42	0.19 ± 0.014	7504 ± 73.25	0.97 ± 0.025
Precipitación pluvial anual (mm)	0.26 ± 0.025	6045 ± 100.90	0.20 ± 0.012	7641 ± 58.41	0.81 ± 0.062*
Intervalo entre partos (días)	0.16 ± 0.013	8497 ± 79.72	0.26 ± 0.015	6254 ± 62.60	0.94 ± 0.035
Relación grasa:proteína (kg/kg)	0.19 ± 0.013	8146 ± 71.04	0.25 ± 0.018	6131 ± 69.09	0.89 ± 0.041*
Producción de grasa más proteína (kg)	0.20 ± 0.012	7839 ± 59.67	0.32 ± 0.028	4946 ± 86.72	0.75 ± 0.067*
Producción de leche (kg)	0.20 ± 0.011	7787 ± 58.51	0.27 ± 0.027	4830 ± 87.62	0.82 ± 0.070*
Temperatura del mes más cálido (°C)	0.22 ± 0.014	7259 ± 69.11	0.19 ± 0.014	7465 ± 72.54	0.96 ± 0.026

⁺ Varianza fenotípica= animal + semental-hato + ambiente permanente + error; *P<0.05; ** Niveles ambientales altos y bajos determinados de acuerdo al valor medio para cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental.

Cuadro 10. Parámetros genéticos para producción de proteína en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental

Descriptor ambiental	Nivel ambiental**					Correlación genética
	Alto		Bajo			
	Heredabilidad	Varianza fenotípica ⁺	Heredabilidad	Varianza fenotípica ⁺	Correlación genética	
Edad al primer parto (días)	0.20 ± 0.020	4522 ± 64.94	0.20 ± 0.012	5056 ± 39.45	0.84 ± 0.059*	
Tamaño promedio del hato (n)	0.20 ± 0.011	5119 ± 38.21	0.23 ± 0.031	3711 ± 69.61	0.81 ± 0.076*	
Altitud (msnm)	0.19 ± 0.013	5346 ± 45.71	0.21 ± 0.016	4251 ± 47.54	0.85 ± 0.049*	
Temperatura máxima anual(°C)	0.21 ± 0.013	4754 ± 44.49	0.19 ± 0.014	5156 ± 50.29	0.96 ± 0.028	
Precipitación pluvial anual (mm)	0.24 ± 0.025	4075 ± 67.20	0.20 ± 0.011	5133 ± 38.91	0.88 ± 0.056	
Intervalo entre partos (días)	0.16 ± 0.013	5674 ± 52.95	0.24 ± 0.014	4251 ± 41.59	0.98 ± 0.023	
Relación grasa:proteína (kg/kg)	0.19 ± 0.012	5146 ± 44.40	0.23 ± 0.016	4641 ± 50.77	0.96 ± 0.027	
Producción de grasa más proteína (kg)	0.19 ± 0.011	5135 ± 38.69	0.29 ± 0.027	3982 ± 69.09	0.79 ± 0.066*	
Producción de leche (kg)	0.19 ± 0.011	5182 ± 38.51	0.26 ± 0.026	3510 ± 63.01	0.89 ± 0.062	
Temperatura del mes más cálido (°C)	0.21 ± 0.013	4777 ± 44.96	0.19 ± 0.014	5126 ± 49.77	0.95 ± 0.029	

+ Varianza fenotípica= animal + semental-hato + ambiente permanente + error; *P<0.05; ** Niveles ambientales altos y bajos determinados de acuerdo al valor medio para cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental.

Cuadro 11. Parámetros genéticos para porcentaje de grasa en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental

Descriptor ambiental	Nivel Ambiental**					
	Alto			Bajo		
	Heredabilidad	Varianza fenotípica ⁺	Varianza fenotípica ⁺	Heredabilidad	Varianza fenotípica ⁺	Correlación genética
Edad al primer parto (días)	0.49 ± 0.024	0.19 ± 0.0030	0.47 ± 0.014	0.20 ± 0.0020	0.96 ± 0.021	
Tamaño promedio del hato (n)	0.48 ± 0.013	0.20 ± 0.0020	0.41 ± 0.033	0.18 ± 0.0040	0.98 ± 0.020	
Altitud (msnm)	0.44 ± 0.015	0.20 ± 0.0020	0.53 ± 0.018	0.19 ± 0.0030	0.92 ± 0.025*	
Temperatura máxima anual(°C)	0.52 ± 0.016	0.20 ± 0.0020	0.42 ± 0.017	0.20 ± 0.0020	0.98 ± 0.015	
Precipitación pluvial anual (mm)	0.43 ± 0.028	0.19 ± 0.0040	0.48 ± 0.013	0.20 ± 0.0020	0.88 ± 0.038*	
Intervalo entre partos (días)	0.43 ± 0.017	0.20 ± 0.0020	0.52 ± 0.157	0.19 ± 0.0020	0.94 ± 0.020*	
Relación grasa:proteína (kg/kg)	0.46 ± 0.015	0.19 ± 0.0020	0.49 ± 0.018	0.20 ± 0.0030	0.98 ± 0.016	
Producción de grasa más proteína (kg)	0.49 ± 0.013	0.20 ± 0.0019	0.40 ± 0.028	0.19 ± 0.0035	0.94 ± 0.031	
Producción de leche (kg)	0.48 ± 0.013	0.20 ± 0.0020	0.43 ± 0.030	0.18 ± 0.0040	0.89 ± 0.041*	
Temperatura del mes más cálido (°C)	0.52 ± 0.016	0.20 ± 0.0020	0.42 ± 0.017	0.20 ± 0.0020	0.98 ± 0.015	

+ Varianza fenotípica= animal + semental-hato + ambiente permanente + error; *P<0.05; ** Niveles ambientales altos y bajos determinados de acuerdo al valor medio para cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental.

Cuadro 12. Parámetros genéticos para porcentaje de proteína en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental

Descriptor ambiental	Nivel ambiental**				Correlación genética
	Alto		Bajo		
	Heredabilidad	Varianza fenotípica ⁺	Heredabilidad	Varianza fenotípica ⁺	
Edad al primer parto (días)	0.47 ± 0.022	0.04 ± 0.0010	0.50 ± 0.013	0.05 ± 0.0004	1.00 ± 0.012
Tamaño promedio del hato (n)	0.51 ± 0.012	0.05 ± 0.0004	0.38 ± 0.030	0.04 ± 0.0010	0.99 ± 0.017
Altitud (msnm)	0.47 ± 0.015	0.05 ± 0.0010	0.52 ± 0.017	0.04 ± 0.0010	0.98 ± 0.015
Temperatura máxima anual(°C)	0.52 ± 0.015	0.04 ± 0.0010	0.46 ± 0.016	0.05 ± 0.0010	0.98 ± 0.013
Precipitación pluvial anual (mm)	0.49 ± 0.023	0.05 ± 0.0010	0.49 ± 0.013	0.05 ± 0.0004	1.01 ± 0.002
Intervalo entre partos (días)	0.45 ± 0.016	0.05 ± 0.0010	0.53 ± 0.015	0.04 ± 0.0010	1.00 ± 0.010
Relación grasa:proteína (kg/kg)	0.48 ± 0.014	0.05 ± 0.0010	0.51 ± 0.018	0.05 ± 0.0010	0.97 ± 0.018
Producción de grasa más proteína (kg)	0.50 ± 0.013	0.05 ± 0.0004	0.43 ± 0.027	0.05 ± 0.0009	0.97 ± 0.025
Producción de leche (kg)	0.50 ± 0.013	0.05 ± 0.0004	0.46 ± 0.029	0.05 ± 0.0010	0.94 ± 0.034
Temperatura del mes más cálido (°C)	0.52 ± 0.015	0.04 ± 0.0010	0.46 ± 0.016	0.05 ± 0.0010	0.98 ± 0.013

⁺ Varianza fenotípica= animal + semental-hato + ambiente permanente + error; *P<0.05; ** Niveles ambientales altos y bajos determinados de acuerdo al valor medio para cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental.

3.5. Correlaciones genéticas entre niveles ambientales para edad al primer parto

Las correlaciones genéticas para edad al primer parto entre los niveles ambientales altos y bajos en México (cuadro 13) se estimaron entre -0.12 y 0.79. Todos los descriptores ambientales mostraron correlaciones genéticas menores a la unidad ($P < 0.05$). Las heredabilidades para edad al primer parto en los niveles ambientales bajos de los diferentes descriptores ambientales fluctuaron entre 0.07 y 0.11 y en los niveles ambientales altos entre 0.06 y 0.11.

Las heredabilidades para edad al primer parto estimadas para los niveles altos y bajos del descriptor ambiental tamaño promedio de hato (0.11 vs. 0.03), fueron significativamente diferentes ($P < 0.05$).

Cuadro 13. Parámetros genéticos para edad al primer parto en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental

Descriptor ambiental	Nivel ambiental**				
	Alto		Bajo		
	Heredabilidad	Varianza fenotípica+	Heredabilidad	Varianza fenotípica+	Correlación genética
Edad al primer parto (días)	0.06 ± 0.017	6772 ± 106.10	0.11 ± 0.011	4922 ± 41.10	0.35 ± 0.183*
Tamaño promedio del hato (n)	0.11 ± 0.011	5178 ± 41.91	0.03 ± 0.018	6149 ± 114.70	0.03 ± 0.248*
Altitud (msnm)	0.11 ± 0.014	5431 ± 52.13	0.07 ± 0.013	5129 ± 58.36	0.45 ± 0.137*
Temperatura máxima anual(°C)	0.07 ± 0.011	5233 ± 51.37	0.11 ± 0.014	5382 ± 58.28	0.79 ± 0.096*
Precipitación pluvial anual (mm)	0.07 ± 0.018	6117 ± 94.09	0.10 ± 0.011	5084 ± 42.68	0.15 ± 0.174*
Intervalo entre partos (días)	0.11 ± 0.016	6353 ± 71.69	0.08 ± 0.011	4527 ± 43.36	0.58 ± 0.121*
Relación grasa:proteína (kg/kg)	0.11 ± 0.014	5207 ± 53.28	0.07 ± 0.012	5413 ± 56.44	0.64 ± 0.121*
Producción de grasa más proteína (kg)	0.11 ± 0.012	4850 ± 41.27	0.08 ± 0.019	6845 ± 102.40	0.20 ± 0.162*
Producción de leche (kg)	0.11 ± 0.011	5000 ± 40.84	0.08 ± 0.021	6865 ± 120.60	-0.12 ± 0.180*
Temperatura del mes más cálido (°C)	0.07 ± 0.011	5221 ± 51.57	0.11 ± 0.014	5396 ± 58.15	0.71 ± 0.108*

+Varianza fenotípica= animal + semental-hato + ambiente permanente + error; * P<0.05; ** Niveles ambientales altos y bajos determinados de acuerdo al valor medio para cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental

3.6. Correlaciones genéticas entre niveles ambientales para intervalo entre partos

Las correlaciones genéticas entre niveles ambientales altos y bajos en México para intervalo entre partos (cuadro 14) se ubicaron entre 0.73 y 1.00. Aunque para los descriptores ambientales tamaño de hato, producción de grasa más proteína y producción de leche las correlaciones genéticas fueron menores a 0.80, ningún descriptor ambiental mostró correlaciones genéticas menores a la unidad ($P>0.05$). Las heredabilidades para intervalo entre partos en los niveles bajos de los diferentes descriptores ambientales estuvieron entre 0.03 y 0.05 y en los niveles altos entre 0.02 y 0.04. Para intervalo entre partos no se encontraron diferencias significativas entre las heredabilidades estimadas en los niveles altos y bajos en los diferentes descriptores ambientales ($P>0.05$).

Cuadro 14. Parámetros genéticos para intervalo entre partos en niveles alto y bajo de cada descriptor ambiental

Descriptor ambiental	Nivel ambiental**					
	Alto			Bajo		
	Heredabilidad	Varianza fenotípica ⁺	Heredabilidad	Varianza fenotípica ⁺	Heredabilidad	Varianza fenotípica ⁺
Edad al primer parto (días)	0.02 ± 0.009	8149 ± 103.20	0.04 ± 0.007	7582 ± 54.55	1.02 ± 0.161	
Tamaño promedio del hato (n)	0.04 ± 0.006	7786 ± 53.01	0.03 ± 0.014	7268 ± 117.10	0.76 ± 0.242	
Altitud (msnm)	0.04 ± 0.008	7898 ± 65.51	0.04 ± 0.008	7481 ± 70.94	0.87 ± 0.128	
Temperatura máxima anual(°C)	0.04 ± 0.008	7606 ± 63.85	0.03 ± 0.008	7854 ± 73.35	0.86 ± 0.122	
Precipitación pluvial anual (mm)	0.03 ± 0.012	7898 ± 101.70	0.04 ± 0.007	7663 ± 54.82	0.85 ± 0.166	
Intervalo entre partos (días)	0.02 ± 0.007	8475 ± 78.92	0.05 ± 0.008	7111 ± 59.95	0.84 ± 0.141	
Relación grasa:proteína (kg/kg)	0.02 ± 0.006	7798 ± 66.35	0.05 ± 0.009	7626 ± 70.00	0.99 ± 0.096	
Producción de grasa más proteína (kg)	0.04 ± 0.007	7764 ± 56.21	0.04 ± 0.013	7578 ± 94.18	0.73 ± 0.168	
Producción de leche (kg)	0.04 ± 0.006	7802 ± 54.50	0.04 ± 0.041	7363 ± 103.50	0.75 ± 0.187	
Temperatura del mes más cálido (°C)	0.04 ± 0.008	7601 ± 64.18	0.04 ± 0.008	7857 ± 72.86	0.84 ± 0.126	

⁺Varianza fenotípica= animal + semental-hato + ambiente permanente + error; * P<0.05; ** Niveles ambientales altos y bajos determinados de acuerdo al valor medio para cada descriptor ambiental, el nivel alto representa los valores más deseables para cada descriptor ambiental.

4. Discusión

4.1. *Parámetros genéticos para ganado Holstein en México*

Los valores de heredabilidad para producción de leche, producción de grasa y porcentaje de proteína para el conjunto total de datos (0.18 ± 0.009 , 0.20 ± 0.011 y 0.19 ± 0.011 , respectivamente) (cuadro 4), están ligeramente por debajo del rango de los mencionados para un conjunto de países incluidos en Interbull (0.25 a 0.34, 0.26 a 0.34 y 0.24 a 0.33, para producción de leche, grasa y proteína, respectivamente) (Weigel et al., 2001); marcadamente por debajo del 0.33 estimado para producción de leche de primera lactancia para Reino Unido (Wall et al., 2003). O bien, por debajo de los estimados con datos enviados a Interbull para producción de leche para Gran Bretaña, Italia, Holanda y Estados Unidos (0.55, 0.31, 0.57 y 0.30, respectivamente) (Nilforooshan et al., 2009b).

Las heredabilidades estimadas en este estudio se encuentran por arriba de estimados para España de 0.16 y 0.14 para producción de leche y grasa estandarizadas a 305 días equivalente maduro, respectivamente (Carabaño et al., 1989). Sin embargo, se asemejan más a otros estimados también para España, para producción total por lactancia de 0.19, 0.19 y 0.18 para producción de leche, grasa y proteína, respectivamente (González-Recio y Alenda, 2006). Montaldo et al. (2010) estimaron valores muy semejantes a los obtenidos en el presente estudio para heredabilidad de producción de leche estandarizada a 305 días equivalente maduro para primera, segunda y tercera lactancias, en ganado Holstein en México, a partir de un subgrupo de los datos utilizados en el presente estudio (0.17, 0.19 y 0.12, respectivamente) y encontraron valores de 0.18, 0.23 y 0.13 para primera, segunda y tercera lactancias, para producción de grasa y para producción de proteína de 0.18, 0.23 y 0.13 para primera, segunda y tercera lactancias, respectivamente.

La heredabilidad para producción de grasa de 0.20, estimada en este estudio, se encuentra dentro del rango de 0.17 a 0.20 estimado para producción

de grasa en Australia en diferentes niveles de producción (Calus et al., 2005) y cercano al estimado de 0.21 para producción de grasa estandarizada en el Reino Unido (Kadarmideen et al., 2003).

En un estudio realizado en tres regiones de Estados Unidos, se estimó la heredabilidad para porcentaje de grasa dentro de un rango de 0.32 a 0.41 (Carabaño et al., 1990), muy cercano al obtenido en este estudio de 0.46. Por otra parte, éste valor se encuentra dentro del rango de 0.40 a 0.52, estimado por Calus et al. (2005) para porcentaje de producción de grasa en Australia en diferentes niveles de producción de grasa.

Las heredabilidades estimadas para Estados Unidos por Castillo-Juárez et al. (2002), para producción de leche, proteína y grasa y para porcentajes de grasa y proteína fueron 0.28, 0.26, 0.27, 0.56, 0.56, respectivamente, todas ellas por arriba de las obtenidas en este estudio.

La heredabilidad para edad al primer parto (0.06) se encuentra dentro del rango de la estimada para Túnez en diferentes ambientes (0.05 a 0.13) (Ben Gara et al., 2009); es muy cercana a la estimada para Holstein en Estados Unidos (0.027 ± 0.003) (Cole y Null, 2010). Sin embargo, es menor a la de un estimado previo (0.28) para esta misma población (Montaldo et al., 2010) y que los estimados en otras poblaciones, como Estados Unidos de 0.33 y 0.20 para niveles ambientales de producción de leche por hato alto y bajo, respectivamente y 0.47 para el conjunto total de datos (Ruiz-Sánchez et al., 2007). También está muy por debajo de la estimada para ganado Holstein en Polonia de 0.30 para edad al primer parto (Jagusiak y Zarnecki, 2006).

La heredabilidad estimada para intervalo entre partos (0.03 ± 0.006) coincide con numerosos estimados previos para características reproductivas en diversos estudios realizados en distintos países (0.02 a 0.06) (Wall et al., 2003, Veerkamp y Beerda, 2007, Haile-Mariam et al., 2003, Haile-Mariam et al., 2008, Andersen-Ranberg et al., 2005, Banos et al., 2003, Gredler et al., 2007, González-Recio y

Alenda, 2006, 2005, Gredler et al., 2006, Jagusiak y Zarnecki, 2006, Jorjani, 2006a, Kadarmideen et al., 2003). Pero también difiere de otros, como el estimado para Holanda por Interbull de 0.15 (Nilforooshan et al., 2009b), valor que se encuentra por encima de los estimados en el mismo estudio para Gran Bretaña e Italia, de 0.03 y 0.06, respectivamente; ó el 0.14 estimado para Canadá para edad a la primera inseminación (Jorjani, 2006a, 2005).

Las heredabilidades estimadas para las características incluidas en el presente estudio, en los diferentes niveles ambientales, no mostraron ninguna tendencia a ser mayores en ningún nivel ambiental específico, Raffrenato et al. (2005), Costa et al. (2000), observaron tendencias similares en los valores de las heredabilidades por niveles ambientales.

4.2. Correlaciones genéticas entre características de producción y composición de la leche para ganado Holstein en México y Estados Unidos o Canadá

Stanton, et al. (1991) estimaron la correlación genética para producción de leche entre México y Estados Unidos como 0.90, en un estudio que incluyó 495 toros evaluados en ambos países. Dicha correlación es muy cercana a la obtenida en el presente estudio de 0.86 con 362 toros. Sin embargo, en otro estudio se obtuvo una correlación genética de 0.63 entre México y Estados Unidos para producción de leche, de primera lactancia, estandarizada a 305 días y equivalente maduro (Cienfuegos-Rivas et al., 1999).

Montaldo et al. (2009) estimaron correlaciones genéticas para producción de leche entre México y Estados Unidos, México y Canadá, y Estados Unidos y Canadá como 0.74, 0.77 y 0.92, respectivamente, indicando que los dos primeros valores fueron significativamente menores ($P < 0.01$) que el último. Dichos valores, obtenidos con una muestra menor de toros y un subconjunto de años anteriores a los usados en este estudio, fueron ligeramente inferiores a los obtenidos en el presente estudio de 0.86, 0.85 y 0.97, respectivamente.

En otro estudio, en el que se incluyeron evaluaciones de 72 toros para producción de leche con confiabilidades mínimas de 75%, se encontró una correlación esperada de 0.90 y una observada de 0.91, con lo cual concluyeron que no había IGA entre México y Estados Unidos para producción de leche (Powell y Wiggans, 1991). De igual forma, otro estudio, en el que se estimó la correlación para producción de leche entre México y Estados Unidos como 0.89 (esperada) y 0.91 (observada); entre México y Canadá igual que las anteriores y entre Canadá y Estados Unidos como 0.93 (esperada) 0.94 (observada), coinciden con indicar una ausencia de IGA entre México y Estados Unidos y Canadá (Powell y Sieber, 1992).

Costa et al. (2000) obtuvieron correlaciones genéticas de 0.85 y 0.88 para producción de leche y grasa estandarizadas a 305 días equivalente maduro, respectivamente, entre Brasil y Estados Unidos, ambos valores muy cercanos a los del presente estudio de 0.86 y 0.85. Sin embargo, las correlaciones genéticas obtenidas para producción de leche entre Túnez y Luxemburgo con dos métodos de estimación, fueron de 0.50 y 0.60 respectivamente (Hammami et al., 2008, Hammami et al., 2009c); entre Kenya y el Reino Unido para producción de leche en la primera lactancia la correlación genética estimada fue de 0.49 (Ojango y Pollott, 2002).

En cuanto a las correlaciones genéticas entre países, en un estudio en el que se aplicó un modelo estructural para estimar las correlaciones genéticas entre países para producción de leche, obtuvieron los siguientes valores 0.93, entre Holanda y Estados Unidos, 0.78 entre Holanda y Nueva Zelanda, 0.86 entre Holanda y Hungría, 0.96 entre Holanda y Dinamarca, 0.72 entre Estados Unidos y Nueva Zelanda, 0.89 entre Estados Unidos y Hungría, 0.97 entre Estados Unidos y Dinamarca (Minéry et al., 2003); los valores obtenidos en el presente estudio entre México y Estados Unidos (0.86 ± 0.060) y entre México y Canadá (0.85 ± 0.061) se encuentran dentro del rango de los antes mencionados.

Las correlaciones genéticas para Holstein de Estados Unidos y España, para producción de leche y producción de grasa de primera lactancia, estandarizadas a 305 días equivalente maduro, fueron de 0.79 y 0.82 y de 0.49 y 0.50, respectivamente (Carabaño et al., 1989); los valores para ambas características se encuentran por debajo de los rangos obtenidos en el presente estudio para México-Estados Unidos (producción de leche: 0.86 a 0.91 y producción de grasa: 0.85 a 0.88) y México-Canadá (producción de leche: 0.85 a 0.87 y producción de grasa: 0.83 a 0.84) (cuadro 5).

Costa et al. (2000) estimaron correlaciones genéticas entre Brasil y Estados Unidos para producción de leche y grasa estandarizadas a 305 días, equivalente maduro como 0.85 y 0.89, respectivamente.

En un estudio realizado con países miembros de Interbull, se estimaron correlaciones genéticas entre 27 poblaciones como 0.88, 0.87 y 0.87 para producción de leche, grasa y proteína en promedio, pero al estimarlas solamente para las siete poblaciones que tenían información para todas las características que fueron evaluadas, el valor promedio fue de 0.92 para cada uno de los pares de características (producción de leche, grasa y proteína) (Mark, 2004).

4.3. Correlaciones genéticas entre niveles ambientales para características de producción y composición de la leche

Dentro de países, las correlaciones genéticas para producción de leche, grasa y proteína, entre niveles alto y bajo, formados a partir de diferentes descriptores ambientales, han sido en general altas, >0.80 (Cerón-Muñoz et al., 2004, Castillo-Juárez et al., 2002, Haile-Mariam et al., 2008, Fahey et al., 2007, Kearney et al., 2004, Hammami et al., 2009a). Sin embargo, existen algunas excepciones, Valencia et al. (2008) estimaron la correlación genética para producción de leche en primeras lactancias, entre regiones norte y sur de México como 0.38. En tanto que la correlación genética entre las zonas norte y centro fue de 0.73 y entre las zonas centro y sur de 0.93. Solamente la correlación genética

entre las zonas centro y sur cae dentro del rango de las correlaciones genéticas para producción de leche obtenidas en el presente estudio de 0.87 a 0.98 entre niveles altos y bajos para diferentes descriptores ambientales (cuadro 8).

En Italia, usando dos niveles ambientales con base en la desviación estándar por año-hato, las correlaciones genéticas estimadas entre niveles ambientales fueron de 0.63, 0.66 y 0.48 para producción equivalente maduro de leche, grasa y proteína, respectivamente (Raffrenato et al., 2003). Todas por debajo de las obtenidas en este estudio entre niveles ambientales alto y bajo para los diferentes descriptores ambientales utilizados en México en este estudio.

Hammami et al. (2009a) estimaron correlaciones genéticas para producción de leche entre Túnez y Luxemburgo con tres niveles de manejo de hato, con valores de 0.61, 0.43 y 0.39 para los niveles alto, medio y bajo de Túnez comparados con el nivel alto en Luxemburgo; 0.79, 0.70 y 0.43 para los mismos niveles de Túnez, comparados con el nivel medio de Luxemburgo y de 0.77, 0.67 y 0.55 para los mismos niveles de Túnez, comparados con el nivel bajo de Luxemburgo. Todas ellas por debajo de las obtenidas tanto para México–Estados Unidos, como para México–Canadá (cuadro 5).

Weigel et al. (2001) estimaron correlaciones genéticas entre 17 países, y encontraron valores que varían entre 0.77 (para Estonia e Irlanda y para Estonia e Israel) y 0.96 (para Australia y Nueva Zelanda, Bélgica y Países Bajos, e Irlanda y Nueva Zelanda) para producción de leche; entre 0.77 (para Estonia y Finlandia, y Hungría y Nueva Zelanda) y 0.96 (para Bélgica y Estados Unidos) para producción de grasa; y entre 0.77 (para Australia y República Checa) y 0.95 (para Bélgica y Estados Unidos) para producción de proteína. De igual forma estimaron correlaciones genéticas de 0.95, 0.94 y 0.92 para producción de leche, grasa y proteína, respectivamente, entre Canadá y Estados Unidos.

Las correlaciones genéticas altas entre los niveles ambientales alto y bajo en México pueden ser el resultado de diferencias ambientales relativamente

pequeñas entre niveles para algunos descriptores ambientales para esta población de ganado Holstein en México (cuadro 2), lo cual coincide con el hecho de que en general, las correlaciones genéticas que se han obtenido entre países con alto nivel genético, manejo intensivo, y en situaciones donde existen suficientes vínculos genéticos, son altas (Forabosco et al., 2009, Weigel et al., 2001).

4.4. Correlaciones genéticas entre características reproductivas en ganado Holstein en México y Estados Unidos ó Canadá

Jorjani et al. (2006a) estimaron correlaciones genéticas entre países para intervalo entre partos (para los tres primeros partos), entre Holanda e Irlanda como 0.81, entre Irlanda y Gran Bretaña como 0.85 y 0.96 entre Holanda y Gran Bretaña. En otro estudio, se estimó la correlación genética entre el intervalo de días abiertos en España y el intervalo entre partos en Gran Bretaña, Holanda e Irlanda, como 0.90, 0.89 y 0.82, respectivamente; también estimaron la correlación genética para días abiertos entre España y Estados Unidos como 0.92; obtuvieron una correlación genética de 0.80 entre Irlanda y Estados Unidos para intervalo entre partos y días abiertos, respectivamente (Jorjani, 2006b). Las correlaciones entre países obtenidas por Jorjani et al. (2006a, 2006b) fueron mayores, en general, que las obtenidas en el presente estudio entre México y Canadá (0.75 ± 34) ó México y Estados Unidos (0.84 ± 30) (cuadro 7).

En un estudio de Interbull, para reevaluar la conveniencia de la inclusión de diferentes grupos de características de fertilidad para analizar, estimaron correlaciones genéticas con diferentes características reproductivas, entre ellas, las correlaciones genéticas entre tasa de preñez de las hijas en Estados Unidos e intervalo entre partos en Gran Bretaña, Irlanda, Italia y Holanda, como 0.83, 0.73, 0.90 y 0.86, respectivamente (Jorjani, 2007).

Al hacer una comparación internacional de evaluaciones genéticas para características de fertilidad usando evaluaciones múltiples a través de países

(MACE, por sus iniciales en inglés) con múltiples características, fueron incluidos siete países (o regiones) pertenecientes a Interbull con diez características de fertilidad. Estimaron la correlación genética entre tasa de preñez de las hijas en Estados Unidos e intervalo entre parto y primer inseminación en Canadá como 0.70 y la correlación genética entre tasa de preñez de las hijas en Estados Unidos e intervalo entre la primera inseminación y concepción en Canadá como 0.72; y como 0.73 y 0.74 cuando utilizaron MACE con una sola característica para obtener las correlaciones genéticas (Nilforooshan et al., 2009a), en los cuatro casos, las correlaciones genéticas fueron menores a las obtenidas en el presente estudio entre tasa de preñez de las hijas en Estados Unidos e intervalo entre partos en Canadá, con diferentes porcentajes de confiabilidad mínima en ambas evaluaciones, 0.98 ± 0.10 , 0.94 ± 0.06 , 0.93 ± 0.05 , 0.95 ± 0.04 para 75, 50, 40 y 30%, respectivamente (cuadro 7).

4.5. Correlaciones genéticas entre niveles ambientales para características reproductivas

Haile-Mariam et al. (2008) estimaron correlaciones genéticas para intervalo entre partos en Australia entre tres ambientes definidos en base a la época de parto (estacional: una época de partos por año; dividida: dos épocas de parto por año o partos a lo largo del año), todas mayores a 0.83. También consideraron ambientes extremos, compuestos el primero por el 5% inferior del promedio por hato de producción de leche y el segundo por el 5% superior como 0.74 ± 0.29 ; sin embargo, debido a la baja heredabilidad del intervalo entre partos (estimada en dicho estudio como 0.02 ± 0.01) y la poca precisión de las correlaciones genéticas estimadas, consideraron la evidencia de interacción genotipo por ambiente poco consistente ya que las correlaciones fueron altas y al considerar los errores estándar, la correlación no fue inferior a 1. En el presente estudio, la correlación genética entre niveles ambientales alto y bajo para intervalo entre partos (cuadro 14) para el descriptor producción de leche fue de 0.75 ± 0.19 y de 0.73 ± 0.17 para producción de grasa más proteína; sin embargo, para edad al

primer parto y relación grasa:proteína fue estimada como 1.02 ± 0.16 y 0.99 ± 0.10 respectivamente, éstos dos últimos valores, semejantes a los obtenidos por Castillo-Juárez et al. (2000), quienes estimaron una correlación genética entre dos niveles ambientales (definidos con base en tres descriptores ambientales: desviación estándar de producción de leche del hato; una combinación de la desviación estándar y la media de la producción de leche del hato y el último, la media por hato para peso corporal al primer parto entre edad al primer parto) en Estados Unidos para tasa de concepción al primer servicio como 0.99.

Considerando correlaciones genéticas con un valor menor de 0.80 (Mulder et al., 2006), se puede decir que para intervalo entre partos existen efectos de interacción genotipo ambiente en los descriptores ambientales tamaño promedio por hato (0.76), producción de grasa más proteína (0.73) y producción de leche (0.75). Y bajo el mismo criterio, para edad al primer parto, en todos los descriptores ambientales.

Las correlaciones genéticas pueden estar subestimadas debido a la metodología utilizada (Calo et al., 1973), ya que la estimación insesgada de las correlaciones depende de la confiabilidad de las evaluaciones utilizadas, del número de toros y de la intensidad de selección, factores que no son idénticos para todos los niveles ambientales y que posiblemente tengan mayor influencia en las características reproductivas al ser menor la confiabilidad de las evaluaciones genéticas de los toros en México. Otro factor son los errores de paternidad (Montaldo et al., 2009), ya que al calcular las correlaciones genéticas a partir de las correlaciones entre las evaluaciones de toros de dos grupos de hijas, los errores de paternidad sugieren erróneamente la presencia de interacciones genotipo por ambiente.

5. Conclusiones

Los valores estimados de las heredabilidades de las distintas características estudiadas (exceptuando la de edad al primer parto), resultaron aproximadamente similares a los obtenidos en otras poblaciones Holstein aunque en general estuvieron por debajo de los rangos de valores usados por Interbull.

Al igual que en estimados previos, los resultados del presente estudio, indican que las heredabilidades para características de producción y composición de la leche son mayores que para características de reproducción.

Las heredabilidades estimadas para producción de grasa y proteína entre los niveles altos y bajos para los descriptores ambientales intervalo entre partos y producción de grasa más proteína tuvieron diferencias significativas ($P < 0.05$), siendo menores para los niveles altos de ambos descriptores ambientales.

Las heredabilidades estimadas para producción de leche e intervalo entre partos, no tuvieron diferencias significativas entre los niveles ambientales alto y bajo de ninguno de los diferentes descriptores ambientales.

Las correlaciones genéticas estimadas entre México y Canadá y entre México y Estados Unidos, para las características de composición de leche, mostraron una tendencia a ser menores a las correlaciones entre Canadá y Estados Unidos, pero no diferentes entre ellas, lo cual indica que no hay efectos de interacción genotipo por ambiente entre México y Canadá, diferentes a los efectos genotipo por ambiente entre México y Estados Unidos para estas características.

Las correlaciones genéticas para edad al primer parto entre México y Canadá fueron menores a 0.5, con lo cual se puede concluir que para esta característica los efectos de interacción genotipo por ambiente son considerables entre ambos países, sin embargo, éste resultado puede estar sesgado debido a que, aunque se comparó la misma característica entre ambos

países, la confiabilidad de las evaluaciones canadienses no corresponde a la edad al primer parto, sino a la edad al primer servicio.

Para intervalo entre partos las correlaciones genéticas entre México y Canadá fueron menores a 0.75, sin embargo, sólo fueron menores a las correlaciones genéticas entre Estados Unidos y Canadá ($P < 0.05$) las correlaciones genéticas estimadas con menos de 30% de confiabilidad en las evaluaciones genéticas mexicanas. Considerando que el intervalo entre partos es una característica con una heredabilidad muy baja (0.03), no se tiene evidencia sólida de la existencia de efectos de interacción genotipo por ambiente.

Las correlaciones genéticas estimadas entre intervalo entre partos en México y la tasa de preñez de las hijas en Estados Unidos, fueron ligeramente superiores (entre 0.64 y 0.84) a las estimadas para intervalo entre partos, entre México y Canadá (entre 0.48 y 0.75). Aunque estas diferencias no son significativas, parecen indicar una tendencia hacia un mayor grado de interacción genotipo por ambiente entre Canadá y México, dado que las correlaciones con Estados Unidos están subestimadas por tratarse de características distintas.

Los resultados de las correlaciones genéticas entre niveles ambientales altos y bajos de varios descriptores ambientales del hato en México confirmaron la existencia de efectos moderados de interacciones genotipo por ambiente para producción de leche y porcentaje de grasa y posiblemente algo más altos para producción de grasa y producción de proteína, considerando los diferentes niveles para varios descriptores ambientales en México.

No se encontraron efectos de interacción genotipo por ambiente para porcentaje de proteína entre niveles altos y bajos de los diferentes descriptores ambientales del hato en México.

Los descriptores ambientales que mostraron correlaciones genéticas menores a la unidad entre niveles ambientales altos y bajos en México para más de dos características de producción o composición de la leche fueron: tamaño

promedio por hato para producción de leche, producción de grasa y producción de proteína; edad al primer parto para de producción de leche y producción de proteína; producción de grasa más proteína para producción de grasa y producción de proteína.

La edad al primer parto tuvo correlaciones genéticas menores a la unidad entre niveles ambientales altos y bajos en México para todos los descriptores ambientales del hato estudiados, por lo que se concluye la existencia de efectos de interacción genotipo por ambiente para esta característica dentro de México.

El intervalo entre partos no mostró correlaciones genéticas significativamente menores a la unidad entre niveles ambientales altos y bajos en México, aún en los casos en que los estimados de las correlaciones genéticas fueron menores a 0.80 y cercanas a 0.70. El tamaño promedio de hato, la producción de grasa más proteína y la producción de leche, son los descriptores ambientales que tuvieron mayores efectos en las correlaciones genéticas entre niveles para esta característica.

Las interacciones genotipo-ambiente fueron más importantes para las características reproductivas que para las de producción de leche. Los niveles ambientales formados por la edad al primer parto y la relación grasa:proteína tuvieron los mayores efectos de interacción genotipo-ambiente.

En el presente estudio se estimaron correlaciones genéticas entre México y Estados Unidos más altas que en otros estudios previos. Esto puede ser el resultado de que la población en el presente estudio, además de ser una población específica en la cual el manejo es mejor que el de la población promedio en México, ha incrementado su nivel de producción en los recientes años, debido a las mejoras en el manejo, cada vez más parecido al de Estados Unidos y Canadá, con lo que los efectos que se pueden encontrar de interacción genotipo por ambiente se ven disminuidos.

6. Referencias

Andersen-Ranberg, I. M., Klemetsdal, G., Heringstad, B., Steine, T., 2005. Heritabilities, Genetic Correlations, and Genetic Change for Female Fertility and Protein Yield in Norwegian Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science*, 88, 348-355.

Banos, G., Brotherstone, S., Thompson, R., Woolliams, J. A., Wall, E., Coffey, M. P., 2003. Calculation of Multiple-Trait Sire Reliability for Fertility Traits. *Interbull Bulletin*, 31, 60 - 64.

Ben Gara, A., Bouraoui, R., Rekik, B., Hammami, H., Rouissi, H., 2009. Optimal Age at First Calving for Improved Milk Yield and Length of Productive Life in Tunisian Holstein Cows. *American-Eurasian Journal of Agronomy*, 2(3), 162-167.

Bryant, J. R., Lopez-Villalobos, N., Pryce, J. E., Holmes, C. W., Johnson, D. L., Garrick, D. J., 2007. Environmental Sensitivity in New Zealand Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science*, 90, 1538-1547.

Calo, L. L., McDowell, R. E., VanVleck, L. D., Miller, P. D., 1973. Genetic Aspects of Beef Production among Holstein-Friesians Pedigree Selected for Milk Production. *Journal of Animal Science*, 37, 676-682.

Calus, M. P. L., Carrick, M. J., Veerkamp, R. F., Goddard, M. E., 2005. Estimation of Genetic Parameters for Milk Fat Depression in Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science*, 88, 1166-1177.

Calus, M. P. L., Groen, A. F., de Jong, G., 2002. Genotype X Environment Interaction for Protein Yield in Dutch Dairy Cattle as Quantified by Different Models. *Journal of Dairy Science*, 85, 3115-3123.

Carabaño, M. J., Van Vleck, L. D., Wiggans, G. R., Alenda, R., 1989. Estimation of Genetic Parameters for Milk and Fat Yields of Dairy Cattle in Spain and the United States. *Journal of Dairy Science*, 72, 3013-3022.

Carabaño, M. J., Wade, K. M., Van Vleck, L. D., 1990. Genotype by Environment Interactions for Milk and Fat Production across Regions of the United States. *Journal of Dairy Science*, 73, 173-180.

Castillo-Juárez, H., Oltenacu, P. A., Blake, R. W., McCulloch, C. E., Cienfuegos-Rivas, E. G., 2000. Effect of Herd Environment on the Genetic and Phenotypic Relationships among Milk Yield, Conception Rate, and Somatic Cell Score in Holstein Cattle. *Journal of Dairy Science*, 83, 807-14.

Castillo-Juárez, H., Oltenacu, P. A., Cienfuegos-Rivas, E. G., 2002. Genetic and Phenotypic Relationships among Milk Production and Composition Traits in Primiparous Holstein Cows in Two Different Herd Environments. *Livestock Production Science*, 78, 223-231.

CDN, 2009. Evaluaciones Genéticas Oficiales. Disponible en: <http://www.cdn.ca/files/> Acceso Enero 8, 2009.

Cerón-Muñoz, M. F., Tonhati, H., Costa, C. N., Rojas-Sarmiento, D., Echeverri Echeverri, D. M., 2004. Factors That Cause Genotype by Environment Interaction and Use of a Multiple-Trait Herd-Cluster Model for Milk Yield of Holstein Cattle from Brazil and Colombia. *Journal of Dairy Science*, 87, 2687-2692.

Cienfuegos-Rivas, E. G., Blake, R. W., Oltenacu, P. A., Castillo-Juárez, H., 2006. Fertility Responses of Mexican Holstein Cows to U.S. Sire Selection. *Journal of Dairy Science*, 89, 2755-60.

Cienfuegos-Rivas, E. G., Oltenacu, P. A., Blake, R. W., Schwager, S. J., Castillo-Juárez, H., Ruíz, F. J., 1999. Interaction between Milk Yield of Holstein Cows in Mexico and the United States. *Journal of Dairy Science*, 82, 2218-23.

Cole, J. B., Null, D. J., 2010. Age at First Calving in Holstein Cattle in the United States. *Journal of Dairy Science*, 93(E-Suppl. 1):594(abstr. W28).

Costa, C. N., Blake, R. W., Pollak, E. J., Oltenacu, P. A., Quaas, R. L., Searle, S. R., 2000. Genetic Analysis of Holstein Cattle Populations in Brazil and the United States. *Journal of Dairy Science*, 83, 2963-74.

Dickerson, G. E., 1966. Genotype-Environment Interaction. Definition and Estimation. *Canadian Geneticists Workshop A. R. I. Ottawa*. Winnipeg, Man.

Fahey, A. G., Schutz, M. M., Lofgren, D. L., Schinckel, A. P., Stewart, T. S., 2007. Genotype by Environment Interaction for Production Traits While Accounting for Heteroscedasticity. *Journal of Dairy Science*, 90, 3889-3899.

Falconer, D. S., 1952. The Problem of Environment and Selection. *The American Naturalist*, 86, 293-298.

Falconer, D. S., Mackay, T. F. C., 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th ed. Harlow, Longman.

FAO, 2007. *The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*, Rome, Edited by Barbara Rischkowsky & Dafydd Pilling.

Fikse, W. F., Rekaya, R., Weigel, K. A., 2003. Assessment of Environmental Descriptors for Studying Genotype by Environment Interaction. *Livestock Production Science*, 82, 223-231.

Forabosco, F., Jakobsen, J. H., Fikse, W. F., 2009. International Genetic Evaluation for Direct Longevity in Dairy Bulls. *Journal of Dairy Science*, 92, 2338-2347.

Gilmour, A. R., Gogel, B. J., Cullis, B. R., Thompson, R., 2006. *Asreml User Guide Release 2.0*, UK, VSN International Ltd, Hemel Hempstead, HP1 1ES.

Gill, J. L., 1978. Design and Analysis of Experiments in the Animal and Medical Sciences. IN PRESS/AMES, T. I. S. U. (Ed.) 1st ed. Iowa, The Iowa State University Press/Ames.

Goddard, M., 1985. A Method of Comparing Sires Evaluated in Different Countries. *Livestock Production Science*, 13, 321-331.

González-Recio, O., Alenda, R., 2005. Genetic Parameters for Female Fertility Traits and a Fertility Index in Spanish Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science*, 88, 3282-3289.

González-Recio, O., Alenda, R., 2006. Economic Selection for Female Fertility: Fertility Traits and Their Relationship with Production. *Interbull Bulletin*, 34, 42 - 46.

Gredler, B., Fuerst, C., Sölkner, J., 2006. Development of Genetic Evaluations for Fertility Traits in Austrian and German Dairy Cattle. *Interbull Bulletin*, 34, 34 - 37.

Gredler, B., Fuerst, C., Sölkner, J., 2007. Analysis of New Fertility Traits for the Joint Genetic Evaluation in Austria and Germany. *Interbull Bulletin* 37, 148 - 151.

Haile-Mariam, M., Bowman, P. J., Goddard, M. E., 2003. Genetic and Environmental Relationship among Calving Interval, Survival, Persistency of Milk Yield and Somatic Cell Count in Dairy Cattle. *Livestock Production Science*, 80, 189-200.

Haile-Mariam, M., Carrick, M. J., Goddard, M. E., 2008. Genotype by Environment Interaction for Fertility, Survival, and Milk Production Traits in Australian Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science*, 91, 4840-4853.

Hammami, H., Rekik, B., Bastin, C., Soyeurt, H., Bormann, J., Stoll, J., Gengler, N., 2009a. Environmental Sensitivity for Milk Yield in Luxembourg and Tunisian Holsteins by Herd Management Level. *Journal of Dairy Science*, 92, 4604-4612.

Hammami, H., Rekik, B., Gengler, N., 2009b. Genotype by Environment Interaction in Dairy Cattle. *Biotechnology Agronomy Society of Environment*, 13, 155-164.

Hammami, H., Rekik, B., Soyeurt, H., Bastin, C., Bay, E., Stoll, J., Gengler, N., 2009c. Accessing Genotype by Environment Interaction Using within- and across-Country

Test-Day Random Regression Sire Models. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126, 366-377.

Hammami, H., Rekik, B., Soyeurt, H., Bastin, C., Stoll, J., Gengler, N., 2008. Genotype X Environment Interaction for Milk Yield in Holsteins Using Luxembourg and Tunisian Populations. *Journal of Dairy Science*, 91, 3661-3671.

Hayes, B. J., Carrick, M., Bowman, P., Goddard, M. E., 2003. Genotype X Environment Interaction for Milk Production of Daughters of Australian Dairy Sires from Test-Day Records. *Journal of Dairy Science*, 86, 3736-3744.

Hazel, L. N., 1943. The Genetic Basis for Constructing Selection Indexes. *Genetics*, 28, 476-490.

Jagusiak, W., Zarnecki, A., 2006. Genetic Evaluation for Fertility Traits in Polish Holsteins. *Interbull Bulletin*, 35, 33 - 36.

Jakobsen, J. H., Durr, J. W., Jorjani, H., Forabosco, F., Loberg, A., Philipsson, J., 2009. Genotype by Environment Interactions in International Genetic Evaluations of Dairy Bulls. *Proceeding of the Association for the Advancement of Animal Breeding and Genetics*, 18, 133-142.

Jorjani, H., 2005. Preliminary Report of Interbull Pilot Study for Female Fertility Traits in Holstein Populations. *Interbull Bulletin* 33, 34 - 44.

Jorjani, H., 2006a. International Genetic Evaluation for Female Fertility Traits. *Interbull Bulletin* 34, 57 - 64

Jorjani, H., 2006b. International Genetic Evaluation for Female Fertility Traits. *Interbull Bulletin*, 35, 42-46.

Jorjani, H., 2007. There and Back Again: A Tale of Choosing Female Fertility Traits. *Interbull Bulletin*, 37, 144 - 147.

Kadarmideen, H. N., Thompson, R., Coffey, M. P., Kossaibati, M. A., 2003. Genetic Parameters and Evaluations from Single- and Multiple-Trait Analysis of Dairy Cow Fertility and Milk Production. *Livestock Production Science*, 81, 183-195.

Kearney, J. F., Schutz, M. M., Boettcher, P. J., Weigel, K. A., 2004. Genotype X Environment Interaction for Grazing Versus Confinement. I. Production Traits. *Journal of Dairy Science*, 87, 501-509.

Kennelly, J. J., 1996. Producing Milk with 2.5% Fat - the Biology and Health Implications for Dairy Cows. *Animal Feed Science and Technology*, 60, 161-180.

Maps/Earth, G., 2009. Google Earth 5. 5 ed., Europa Technologies, Tele Atlas, US Dept of State Geographer, Data SIO, NOAA, U.S. Navy, NGA, GEBCO.

Mark, T., 2004. Applied Genetic Evaluations for Production and Functional Traits in Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science*, 87, 2641-52.

Minéry, S., Fikse, W. F., Ducrocq, D., 2003. Application of a Structural Model to Estimate Genetic Correlations between Countries. *Interbull Bulletin* 31, 175 - 179.

Montaldo, H. H., 2001. Genotype by Environment Interactions in Livestock Breeding Programs: A Review. *Interciencia*, 26, 229-235.

Montaldo, H. H., Castillo-Juárez, H., Valencia-Posadas, M., Cienfuegos-Rivas, E. G., Ruíz-López, F. J., 2010. Genetic and Environmental Parameters for Milk Production, Udder Health, and Fertility Traits in Mexican Holstein Cows. *Journal of Dairy Science*, 93, 2168-2175.

Montaldo, H. H., Núñez-Soto, S. G., Ruíz-López, F. J., Castillo-Juárez, H., 2009. Selection Response for Milk Production in Conventional Production Systems in Mexico, Using Genetic Evaluations of Holstein Sires from Canada and the United States. *Journal of Dairy Science*, 92, 5270-5275.

Mulder, H. A., Groen, A. F., De Jong, G., Bijma, P., 2004. Genotype X Environment Interaction for Yield and Somatic Cell Score with Automatic and Conventional Milking Systems. *Journal of Dairy Science*, 87, 1487-1495.

Mulder, H. A., Veerkamp, R. F., Bijma, P., 2005. Optimizing Dairy Cattle Breeding Programs Using International Genetic Evaluations. *Interbull Bulletin*, 33, 115-118.

Mulder, H. A., Veerkamp, R. F., Ducro, B. J., van Arendonk, J. A. M., Bijma, P., 2006. Optimization of Dairy Cattle Breeding Programs for Different Environments with Genotype by Environment Interaction. *Journal of Dairy Science*, 89, 1740-1752.

Nilforooshan, M., Jakobsen, J., Fikse, W. F., Berglund, B., Jorjani, H., 2009a. International Genetic Evaluations for Female Fertility Traits Using Multi-Trait MACE. *Interbull Bulletin*, 39, 99 - 102.

Nilforooshan, M. A., Jakobsen, J., Fikse, W. F., Berglund, B., Jorjani, H., 2009b. MT-MACE for Female Fertility and Milk Yield. *Interbull Bulletin* 40, 17 - 20.

Ojango, J. M. K., Pollott, G. E., 2002. The Relationship between Holstein Bull Breeding Values for Milk Yield Derived in Both the UK and Kenya. *Livestock Production Science*, 74, 1-12.

Powell, R. L., Norman, H. D., 1984. Response within Herd to Sire Selection. *Journal of Dairy Science*, 67, 2021-2027.

Powell, R. L., Sanders, A. H., Norman, H. D., 2005. Impact of Estimated Genetic Correlations on International Evaluations to Predict Milk Traits. *Journal of Dairy Science*, 88, 3679-3687.

Powell, R. L., Sieber, M., 1992. Direct and Indirect Conversion of Bull Evaluations for Yield Traits between Countries. *Journal of Dairy Science*, 75, 1138-1146.

Powell, R. L., Wiggans, G. R., 1991. Animal Model Evaluations for Mexican Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 74, 1420-1427.

Powell, R. L., Wiggans, G. R., VanRaden, P. M., 1994. Factors Affecting Calculation and Use of Conversion Equations for Genetic Merit of Dairy Bulls. *Journal of Dairy Science*, 77, 2679-86.

Raffrenato, E., Blake, R. W., Oltenacu, P. A., Carvalheira, J., Licitra, G., 2003. Genotype by Environment Interaction for Yield and Somatic Cell Score with Alternative Environmental Definitions. *Journal of Dairy Science*, 86, 2470-9.

Robertson, A., 1959. The Sampling Variance of the Genetic Correlation Coefficient. *Biometrics*, 15, 469-485.

Ruiz-Sánchez, R., Blake, R. W., Castro-Gómez, H. M. A., Sánchez, F., Montaldo, H. H., Castillo-Juárez, H., 2007. Short Communication: Changes in the Association between Milk Yield and Age at First Calving in Holstein Cows with Herd Environment Level for Milk Yield. *Journal of Dairy Science*, 90, 4830-4834.

SAGARPA-AFPC-FAPRI, 2009. Escenario Base 2009-2018. Proyecciones Para El Sector Agropecuario De México. Disponible en: www.sagarpa.gob.mx. Acceso: 9 de diciembre del 2009.

SAGARPA, 2007. Programa Nacional Pecuario 2007-2012. Disponible en: www.sagarpa.gob.mx. Acceso: 6 de marzo de 2009.

Schaeffer, L. R., 1994. Multiple-Country Comparison of Dairy Sires. *Journal of Dairy Science*, 77, 2671-2678.

SIAP-SAGARPA., 2010a. Población Ganadera. Disponible en: http://www.siap.gob.mx/index.php?option=com_content&view=article&id=21&Itemid=330. Acceso: Abril 2010.

SIAP-SAGARPA., 2010b. Resumen Nacional Avance Acumulado De La Producción Pecuaria. Disponible en: http://www.siap.gob.mx/index.php?option=com_wrapper&view=wrapper&Itemid=361. Acceso: 12 de Abril del 2010.

SMN-CONAGUA, 2009. Normales Climatológicas Por Estación. Disponible en: <http://smn.cna.gob.mx/climatologia/normales/> Acceso: Mayo 31, 2009.

Stanton, T. L., Blake, R. W., Quaas, R. L., Van Vleck, L. D., Carabaño, M. J., 1991. Genotype by Environment Interaction for Holstein Milk Yield in Colombia, Mexico, and Puerto Rico. *Journal of Dairy Science*, 74, 1700-1714.

USDA-ARS, 2009. Evaluaciones Genéticas Oficiales. Disponible en: <http://www.aipl.arsusda.gov/eval.htm>. Acceso: Marzo 8, 2009.

Valencia, P. M., Montaldo, H. H., Ruíz, F., 2008. Interaction between Genotype and Geographic Region for Milk Production in Mexican Holstein Cattle. *Archivos de Zootecnia*, 57, 457-463.

Valencia, P. M., Montaldo, H. H., Ruíz, F., Kcown, J. F., Van Vleck, L. D., 1999. Evaluación Genética Para La Producción De Leche En Ganado Holstein En México. *Técnica Pecuaria México*, 37, 1-7.

Valencia, P. M., Ruíz, L. F., Montaldo, H. H., 2004. Genetic and Environmental Variance Components for Milk Yield across Regions, Time Periods and Herd Levels for Holstein Cattle in Mexico. *FCV-LUZ*, XIV, 404 - 411.

Veerkamp, R. F., Beerda, B., 2007. Genetics and Genomics to Improve Fertility in High Producing Dairy Cows. *Theriogenology*, 68, 266-273.

Wall, E., Brotherstone, S., Woolliams, J. A., Banos, G., Coffey, M. P., 2003. Genetic Evaluation of Fertility Using Direct and Correlated Traits. *Journal of Dairy Science*, 86, 4093-4102.

Weigel, K. A., Rekaya, R., 2000. A Multiple-Trait Herd Cluster Model for International Dairy Sire Evaluation. *Journal of Dairy Science*, 83, 815-821.

Weigel, K. A., Rekaya, R., Zwald, N. R., Fikse, W. F., 2001. International Genetic Evaluation of Dairy Sires Using a Multiple-Trait Model with Individual Animal Performance Records. *Journal of Dairy Science*, 84, 2789-2795.

Welper, R. D., Freeman, A. E., 1992. Genetic Parameters for Yield Traits of Holsteins, Including Lactose and Somatic Cell Score. *Journal of Dairy Science*, 75, 1342-1348.

Yamada, Y., 1962. Genotype by Environment Interaction and Genetic Correlation of the Same Trait under Different Environments. *Japanese Journal of Genetics*, 37, 498-509.

Zwald, N. R., Weigel, K. A., Fikse, W. F., Rekaya, R., 2001. Characterization of Dairy Production Systems in Countries That Participate in the International Bull Evaluation Service. *Journal of Dairy Science*, 84, 2530-2534.

Zwald, N. R., Weigel, K. A., Fikse, W. F., Rekaya, R., 2003. Identification of Factors That Cause Genotype by Environment Interaction between Herds of Holstein Cattle in Seventeen Countries. *Journal of Dairy Science*, 86, 1009-1018.