

Tendencias genéticas y fenotípicas para características de producción y composición de la leche en cabras Saanen de México

Genetic and phenotypic trends for milk yield and milk composition traits of Saanen goats from Mexico

José Antonio Torres-Vázquez^a, Mauricio Valencia-Posadas^b, Héctor Castillo-Juárez^c,
Hugo H. Montaldo^d

RESUMEN

Con el objetivo de estimar las tendencias genéticas y fenotípicas, se analizaron registros de primera lactancia estandarizados a 305 días para producción de leche (MILK, n=1041), producción de grasa (FAT, n=487), producción de proteína (PROT, n=477), producción de lactosa (LACT, n=401), contenido de grasa (%FAT, n=487), contenido de proteína (%PROT, n=477) y contenido de lactosa (%LACT, n=401), obtenidos entre 2000 y 2006 en 10 rebaños de cabras Saanen de Guanajuato, México. Los valores genéticos aditivos predichos (VGP) se obtuvieron mediante modelos animales univariados que incluyeron grupos genéticos de progenitores fantasmas. Las tendencias genéticas se estimaron a partir de la regresión de los VGP en el año de nacimiento. Las tendencias fenotípicas se estimaron a partir de la regresión de los registros en el año de nacimiento. Las tendencias genéticas anuales para MILK, FAT, PROT y LACT fueron de 2.99 ± 1.06 kg, -0.21 ± 0.09 kg, -0.10 ± 0.04 kg y -0.19 ± 0.09 kg, respectivamente ($P < 0.05$). Las tendencias genéticas anuales para %FAT, %PROT y %LACT fueron cercanas a cero ($P > 0.05$). La tendencia genética anual para MILK fue de 0.32 % de la media fenotípica. Estos resultados indican que es preciso usar criterios más adecuados de selección, incrementando el énfasis en todas las características productivas, incluyendo los contenidos de grasa y proteína, para maximizar el progreso económico en esta población, cuya principal finalidad es la producción de leche para la fabricación de queso.

PALABRAS CLAVE: Tendencia genética, Parámetros genéticos, Progenitores fantasmas, Cabras lecheras.

ABSTRACT

The objective of the study was to estimate the genetic and phenotypic trends for milk yield (MILK, n=1041), fat yield (FAT, n=487), protein yield (PROT, n=477), lactose yield (LACT, n=401), fat content (%FAT, n=487), protein content (%PROT, n=477) and lactose content (%LACT, n=401), analyzing first lactation records adjusted to 305-d, obtained between 2000 and 2006 from 10 Saanen goats flocks from Guanajuato, Mexico. Predicted breeding values (PBV) were obtained with single-trait animal models that included phantom parent groups. Genetic trends were estimated as the regression of the PBV on year of birth. Phenotypic trends were estimated as the linear regression coefficients of production records on the year of birth. The annual genetic trends for MILK, FAT, PROT and LACT were 2.99 ± 1.06 kg, -0.21 ± 0.09 kg, -0.10 ± 0.04 kg and -0.19 ± 0.09 kg, respectively ($P < 0.05$). Annual genetic trends for %FAT, %PROT and %LACT were close to zero ($P > 0.05$). The mean annual genetic trend for MILK was 0.32 % of the phenotypic mean. These results indicate that it is necessary to use more appropriate selection criteria, increasing the emphasis on all the production traits, including fat and protein contents in order to maximize the economic progress in this population, whose main objective is milk production for cheese yield manufacture.

KEY WORDS: Genetic trend, Genetic parameters, Phantom parent groups, Dairy goats.

Recibido el 22 de febrero de 2010. Aceptado para su publicación el 2 de julio de 2010.

^a Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Fisiología y Mejoramiento Animal, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Ajuchitlán, Querétaro 76280, México. torres.joseantonio@inifap.gob.mx Correspondencia al primer autor.

^b División de Ciencias de la Vida, Campus Irapuato-Salamanca, Universidad de Guanajuato,

^c Departamento de Producción Agrícola y Animal, Universidad Autónoma Metropolitana-Xochimilco,

^d Departamento de Genética y Bioestadística, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México.

Este trabajo es parte de la tesis de maestría del primer autor.

Esta investigación fue apoyada parcialmente por la Fundación Guanajuato Produce y la Asociación Nacional de Criadores de Ganado Caprino de Registro.

INTRODUCCIÓN

En el año 2000 se inició un programa de mejoramiento genético en rebaños de cabras lecheras del estado de Guanajuato⁽¹⁾, y participan 13 productores ubicados en los municipios de Apaseo el Grande, Celaya y Salamanca. Desde el año 2002, se han realizado en esta población, tres evaluaciones genéticas para características económicamente importantes, como la producción de leche, producciones y contenidos de grasa y proteína^(2,3,4).

En todos los programas de mejoramiento genético, es importante estimar las tendencias genéticas para evaluar los resultados del programa e informar a los criadores de las decisiones de selección tomadas, permitiendo hacer los ajustes necesarios para optimizar el progreso genético de cada población.

Se han realizado pocos estudios para estimar tendencias genéticas para características de producción y composición de leche en caprinos⁽³⁾. La inclusión de grupos genéticos de progenitores fantasmas en el modelo usado para estimar las tendencias genéticas es necesaria en este tipo de estudios, ya que permite considerar las diferencias genéticas entre grupos de animales sin genealogía disponible, permitiendo obtener estimados menos sesgados de cambio genético^(5,6,7).

El objetivo del presente estudio fue estimar las tendencias genéticas y fenotípicas, para algunas características de producción y composición de la leche en cabras Saanen de Guanajuato, México.

MATERIALES Y MÉTODOS

Datos

Se usaron los registros de producción de primeras lactancias de cabras Saanen obtenidos entre los años 2000 y 2006, en rebaños pertenecientes a la Asociación Nacional de Criadores de Ganado Caprino de Registro A.C., correspondientes al programa de mejoramiento genético de rebaños de cabras lecheras en el estado de Guanajuato.

El manejo de los animales, el sistema de control de producción y los procedimientos para obtener los datos estandarizados analizados en este trabajo

INTRODUCTION

In 2000 a program of genetic improvement of dairy goat flocks started in the State of Guanajuato, Mexico⁽¹⁾. Currently, 13 breeders from Apaseo El Grande, Celaya and Salamanca participate in this breeding program. Since 2002, three genetic evaluations on economically important traits, like milk yield, yields and contents of fat and protein, have been carried out in this population^(2,3,4).

In all breeding programs, it is important to estimate the genetic trends in order to be able to evaluate the results and to inform the breeders about the selection decisions made. It also allows doing the necessary adjustments for optimizing the genetic progress of the population under selection.

There are few genetic trend studies for milk production and composition traits in goats⁽³⁾. Including phantom parent groups in the models used to estimate genetic trends is required. The inclusion of phantom parent groups allows taking into account genetic differences between groups of animals with unknown parentage, obtaining less biased estimates of genetic change^(5,6,7).

The objective of the present study was to estimate the genetic and phenotypic trends for some yield and composition traits in milk of Saanen goats from Guanajuato, Mexico.

MATERIALS AND METHODS

Data

Production first lactation records of Saanen goats were obtained from 2000 to 2006, from flocks belonging to the National Association of Breeders of Registered Goats of Mexico, corresponding to the program of genetic improvement of dairy goat flocks in the State of Guanajuato.

The management of animals, the production control system and the procedures for obtaining the standardized and analyzed data in the present study were explained in detail⁽⁸⁾. This methodology is analogous to that used by the *United States Department of Agriculture (USDA)* which allows obtaining accurate and unbiased estimates of

han sido explicados en detalle⁽⁸⁾. Dicha metodología es análoga a la usada por el Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA, del inglés *United States Department of Agriculture*), permitiendo estimar en forma insesgada y precisa registros completos a partir de lactancias en curso para esta población⁽⁸⁾.

Las producciones a 305 días en leche (DIM) de registros completos (registros con al menos 305 DIM) se calcularon usando el Método del Intervalo de Prueba (TIM, del inglés *Test Interval Method*)⁽⁹⁾. Para obtener las producciones estandarizadas a 305 DIM (305DY) de registros con 100-304 DIM se usó la siguiente ecuación:

$$305DY = CY_n + (RY_n * [305 - n])$$

Donde CY_n fue la producción acumulada al día n ; n fueron los días acumulados; RY_n fue la producción remanente al día n estimada mediante los factores de proyección.

Para estimar factores de proyección para lactancias incompletas, se usaron registros de lactancias con al menos ocho mediciones mensuales y con 280 a 320 DIM⁽⁸⁾. Para estimar los factores de proyección dentro de cada grupo de estación de parto (abril-septiembre y octubre-marzo) y edad (≤ 2 , 3-4 y ≥ 5 años) se usó la siguiente ecuación de regresión⁽¹⁰⁾:

$$RY_n = b_1 * (LSP_n) + b_2 * (n * LSP_n) + b_3 * \left(\frac{1}{LSP_n}\right) + b_4 * \left(\frac{\sqrt{n}}{LSP_n}\right)$$

Donde RY_n fue el promedio de producción remanente al día n ; LSP_n fue la última muestra de producción mensual al día n ; n corresponde a los días acumulados; b_1 , b_2 , b_3 y b_4 son los coeficientes a estimar de los factores de proyección por grupos de estaciones de parto y edad.

El archivo de datos final incluyó 1,041 lactancias ajustadas para producción a 305 DIM, 487 lactancias para producción y contenido de grasa, 477 lactancias para producción y contenido de proteína y 401 lactancias para producción y contenido de lactosa. Los promedios de DIM, obtenidos antes de proyectar los registros incompletos, para producción de leche, producción grasa/porcentaje de grasa, producción de proteína/porcentaje de proteína y

completed records from incomplete lactations for this population⁽⁸⁾.

The 305-days in milk (DIM) yields from complete records (records with at least 305 DIM) were calculated using the Test Interval Method (TIM)⁽⁹⁾. In order to obtain the standardized productions to 305 DIM (305DY) from records with 100-304 DIM the following equation was used:

$$305DY = CY_n + (RY_n * [305 - n])$$

Where CY_n is the cumulative yield to day n ; n corresponds to the cumulative days; and RY_n is the remaining yield from day n to 305 obtained through projection factors.

To estimate projection factors for incomplete lactations, lactation records with at least 8 monthly measurements and with 280-320 DIM were used⁽⁸⁾. To estimate projection factors within each group of kidding season (April-September and October-March) and age (≤ 2 , 3-4 and ≥ 5 yr) the following regression equation⁽¹⁰⁾ was used:

$$RY_n = b_1 * (LSP_n) + b_2 * (n * LSP_n) + b_3 * \left(\frac{1}{LSP_n}\right) + b_4 * \left(\frac{\sqrt{n}}{LSP_n}\right)$$

Where RY_n is the average remaining yield from day n ; LSP_n is the last-sample production to day n ; n corresponds to the cumulative days; b_1 , b_2 , b_3 , and b_4 are coefficients of the projection factors to be estimated by group of kidding season and age.

The final data file included 1,041 lactations adjusted to 305 DIM; 487 lactations for yield and content of fat; 477 lactations for yield and content of protein and 401 lactations for yield and content of lactose. DIM averages, obtained before projecting incomplete records, for milk yield, fat yield/fat content; protein yield/protein content and lactose yield/lactose content, were 268, 267, 264 and 216, respectively. For these traits, the percentages of complete lactations (≥ 280 DIM) were 86.0, 80.5, 79.5 and 64.6, respectively.

Genealogy

The pedigree file consisted of 1,579 animals including the base population, with a total of 101

producción de lactosa/porcentaje de lactosa fueron 268, 267, 264 y 216, respectivamente. Para estas mismas características, el porcentaje de lactancias completas (≥ 280 DIM) fue de 86.0, 80.5, 79.5 y 64.6, respectivamente.

Genealogía

El archivo de pedigrí consistió de 1,579 animales incluyendo la población base, con un total de 101 padres y 637 madres. De todo el archivo, 1,164 individuos tuvieron información de padres y 891 individuos tuvieron información de la madre. Solamente el 55 % de los individuos presentaron información completa (información del padre y la madre). Para evaluar la inclusión del efecto fijo de grupos genéticos de progenitores fantasmas en el análisis⁽⁶⁾, se hizo un segundo archivo de pedigrí que incluyó grupos genéticos de progenitores fantasmas para progenitores desconocidos; cuando un progenitor no estaba identificado, se le asignó a un grupo genético de progenitores fantasmas. Se crearon seis grupos genéticos de progenitores fantasmas; tres grupos genéticos para padres fantasmas (GP1, GP2 y GP3) y tres grupos genéticos para madres fantasmas (GM1, GM2 y GM3). Los primeros grupos genéticos de progenitores fantasmas, GP1 (n=1,331) y GM1 (n=1,373) correspondieron a padres y madres de animales sin fecha de nacimiento disponible. Los siguientes grupos GP2 (n=142 padres fantasmas) y GM2 (n=344 madres fantasmas), incluyeron progenitores de animales nacidos entre 1991 y 1999; y los grupos finales incluyeron progenitores de animales nacidos de 2000 en adelante (GP3=362 padres fantasmas y GM3=243 madres fantasmas).

Análisis

Los datos se analizaron con modelos lineales mixtos usando el programa ASReml⁽¹¹⁾. Para predecir los valores genéticos aditivos se usaron modelos animales univariados con grupos genéticos de progenitores fantasmas, estimando simultáneamente los componentes de varianza. En el caso de la producción de leche, se utilizó además un modelo que excluyó los grupos genéticos de progenitores fantasmas, con el fin de evaluar el efecto de la inclusión de grupos genéticos de progenitores

sires and 637 dams. In the complete file, 1,164 animals had sire identification code, and 891 animals had dam identification code, but only 55 % of the animals had both. To evaluate the inclusion of the fixed effect of phantom parent groups in the analysis⁽⁶⁾, a second pedigree file that included genetic groups of phantom parents was made; when a parent was not identified, it was assigned to a phantom parent group. Hence, six phantom parent groups were created; three genetic groups for phantom sires (GP1, GP2 and GP3) and three genetic groups for phantom dams (GM1, GM2 and GM3). The first phantom parents groups, GP1 (n=1,331) and GM1 (n=1,373) corresponded to parents of animals without date of birth available. The following phantom parent groups GP2 (n=142 phantom sires) and GM2 (n=344 phantom dams), included parents of animals born between 1991 and 1999; and the final phantom parent groups included parents of animals born in 2000 and thereafter (GP3=362 phantom sires and GM3=243 phantom dams).

Analysis

Data were analyzed with linear mixed models by using the ASReml software⁽¹¹⁾. To predict breeding values, single-trait animal models with phantom parent groups were used, estimating simultaneously variance components. In the case of milk yield, a model that excluded phantom parent groups was used, in order to evaluate the effect of including phantom parent groups in the estimation of genetic trends. Years considered in the present study correspond to reproductive years, which consider the beginning year from October of the previous year to September of the current year. Later on, the combined effect flock-reproductive year was defined. Two seasons of kidding were defined, the first one was autumn-winter, and the second one was spring-summer.

The models included the fixed effects of season of kidding and flock-reproductive year. Animal and residual effects were included as random effects. The models can be represented in matrix form as:

$$y = Xb + ZQg + Za + e$$

Where y represents the vector of records for the studied traits; X and Z represent the incidence

fantasmas en la estimación de las tendencias genéticas.

Los años utilizados en este estudio corresponden a años reproductivos, que consideran el inicio de año a partir de octubre del año anterior hasta septiembre del año actual. Posteriormente, se definió el efecto combinado rebaño-año. Se definieron dos estaciones de parto, la primera fue otoño-invierno y la segunda primavera-verano.

Los modelos incluyeron los efectos fijos de estación de parto y el efecto de rebaño-año. Como efectos aleatorios se incluyeron el animal y el residuo. Los modelos se pueden representar en forma matricial de la siguiente manera:

$$y = Xb + ZQg + Za + e$$

Donde y representa el vector de observaciones de las características en estudio; X y Z representan las matrices de incidencia que relacionan los efectos fijos y el efecto aleatorio de animal con las observaciones respectivamente; b representa el vector de los efectos fijos; Q es la matriz que relaciona los animales con los grupos genéticos de progenitores fantasmas; g representa el vector de los efectos de los grupos genéticos de progenitores fantasmas; a representa el vector de los efectos aleatorios de los animales; y e e representa el vector de residuos.

Las tendencias genéticas se estimaron a partir de los coeficientes de regresión lineal de los valores

matrices that relate fixed and random effects, respectively to data; b represents the vector of fixed effects; Q is the matrix that relate the animals with the phantom parent groups; g represents the vector of the phantom parent group effects; a represents the vector of the animal random effects; and e represents the vector of residual effects.

Genetic trends were estimated from linear regression coefficients of the predicted breeding values on year of birth of the dairy goats. Only genetic trends were estimated from goats with phenotypic records.

Phenotypic trends were estimated as the linear regression coefficients of the production records of each trait on year of birth. Environment trends were estimated as the difference of the phenotypic trend with the genetic trend.

In order to confirm if there were changes in the genetic trends for the period studied, second-degree polynomial models were used.

RESULTS AND DISCUSSION

Means, variance components and heritabilities for milk yield and milk composition traits obtained with single-trait animal models with phantom parent groups are shown in Table 1.

Heritabilities estimated with phantom parent groups were practically identical to those estimated without

Cuadro 1. Medias, varianzas y heredabilidades de características de producción y composición de la leche en cabras Saanen

Table 1. Means, variances and heritabilities for milk yield and composition traits in Saanen goats

Trait	Mean	σ_a^2	σ_e^2	σ_p^2	σ^2
Milk yield, kg	933	8821	20590	29410	0.30 ± 0.08
Fat yield, kg	26.6	7.68	17.67	25.35	0.30 ± 0.13
Protein yield, kg	22.7	2.53	11.74	14.27	0.18 ± 0.11
Lactose yield, kg	35.5	4.96	41.87	46.82	0.11 ± 0.10
Fat content, %	3.2	0.026	0.071	0.097	0.27 ± 0.13
Protein content, %	2.8	0.008	0.016	0.024	0.32 ± 0.12
Lactose content, %	4.2	0.033	0.146	0.179	0.19 ± 0.11

σ_a^2 is the additive genetic variance; σ_e^2 is the residual variance; σ_p^2 is the phenotypic variance; h^2 is the heritability.

genéticos aditivos predichos en el año de nacimiento de las cabras. Únicamente se estimaron tendencias genéticas a partir de datos de cabras con registros fenotípicos. Las tendencias fenotípicas se estimaron a partir de los coeficientes de regresión lineal de los registros de producción de cada característica en el año de nacimiento. Las tendencias ambientales se estimaron como la diferencia entre la tendencia fenotípica y la tendencia genética. Con el fin de constatar si hubo cambios en las tendencias genéticas para el periodo estudiado, se usaron modelos polinomiales de segundo grado.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el Cuadro 1 se muestran las medias, los componentes de varianza y las heredabilidades para las características de producción y composición de la leche obtenidos con los modelos animales univariados con grupos genéticos de progenitores fantasmas.

Las heredabilidades estimadas con grupos genéticos de progenitores fantasmas fueron prácticamente idénticas a las heredabilidades estimadas sin estos grupos (datos no mostrados). Esto confirma que los grupos genéticos de progenitores fantasmas empleados en la estimación de parámetros genéticos, no afectan estos estimados al utilizar datos con genealogías incompletas usando un modelo animal⁽⁶⁾.

them (data not shown). This confirms that phantom genetic groups used to estimate genetic parameters, do not affect these estimates when using data with incomplete genealogy and an animal model⁽⁶⁾.

Heritabilities estimated for milk, fat, and protein yields, as well as fat and protein contents (Table 1) agree with previous estimates for this same population obtained with repeatability animal models using Restricted Maximum Likelihood (REML)⁽¹²⁾.

The heritability estimated for LACT was 0.11 ± 0.10 (Table 1), and is below the range from 0.26 to 0.54 estimated in dairy cattle^(13,14). Torres-Vázquez *et al*⁽¹²⁾ estimated it, as 0.14 ± 0.05 by using a repeatability animal model.

The heritability for %LACT was 0.19 ± 0.11 (Table 1). Andovov *et al*⁽¹⁵⁾ in Norway, estimated it as 0.27, using yield records from 2,111 dairy goats, an animal model and REML. In Slovenia⁽¹⁶⁾ estimated it as 0.23 with a single-trait animal model and as 0.21 with a multi-trait animal model and REML using records from 1,805 Alpine and Saanen goats. Torres-Vázquez *et al*⁽¹²⁾ estimated it as 0.14 ± 0.04 using a repeatability animal model. In dairy cattle, heritability estimates for this trait have been larger, varying from 0.43 to 0.72^(13,14,17).

Averages of predicted breeding values by year of birth, estimated with single-trait animal models with phantom parent groups, are shown in Table 2.

Cuadro 2. Promedios de los valores genéticos predichos por año de nacimiento para las características estudiadas en cabras Saanen

Table 2. Average predicted breeding values by year of birth for the studied traits in Saanen goats

Year of birth	Milk		Fat			Protein			Lactose		
	n	kg	n	Kg	%	n	Kg	%	n	kg	%
1999	86	-37.79	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2000	113	-20.28	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2001	151	9.48	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2002	207	-1.37	32	-0.20	-0.002	33	-0.12	-0.002	74	1.10	0.038
2003	241	2.34	224	-0.03	-0.016	211	-0.05	-0.009	160	0.61	-0.005
2004	189	-15.18	180	-0.83	-0.032	179	-0.43	-0.010	128	0.38	-0.004
2005	54	-1.15	51	-0.03	0.006	54	-0.04	-0.002	39	0.75	0.043

n= number of observations.

Las heredabilidades estimadas para las producciones de leche, grasa y proteína, así como los contenidos de grasa y proteína (Cuadro 1) coinciden con estimadores previos para esta misma población obtenidos con modelos animales de repetibilidad mediante máxima verosimilitud restringida (REML, del inglés *Restricted Maximum Likelihood*)⁽¹²⁾.

La heredabilidad estimada para lactosa (LACT) fue de 0.11 ± 0.10 (Cuadro 1), y se encuentra por debajo de la escala de 0.26 a 0.54 estimado en bovinos lecheros^(13,14). Torres-Vásquez *et al*⁽¹²⁾ estimaron, para esta misma característica, una heredabilidad de 0.14 ± 0.05 usando un modelo animal de repetibilidad.

La heredabilidad estimada para porcentaje de lactación (%LACT) fue de 0.19 ± 0.11 . Andovov *et al*⁽¹⁵⁾ en Noruega, estimaron para esta misma característica una heredabilidad de 0.27, con registros de producción de 2,111 cabras, empleando un modelo animal y REML. En Eslovenia⁽¹⁶⁾ la estimaron como 0.23 con un modelo animal univariado y como 0.21 con un modelo animal multivariado mediante REML y con información de 1,805 cabras Alpinas y Saanen. En otro trabajo⁽¹²⁾ se estimó para esta característica una heredabilidad de 0.14 ± 0.04 usando un modelo animal de repetibilidad. En bovinos las estimaciones para esta característica han sido superiores, encontrándose entre 0.43 y 0.72^(13,14,17).

Phenotypic means by year of birth are shown in Table 3. Data of yield and content of fat, protein and lactose began to be recorded in 2002. For milk yield, the average predicted breeding values tended to increase since 2001. By contrast, the phenotypic means for year of birth tended to decrease since 2001. This suggests that starting in 2001, the breeders paid more attention to the predicted transmitting abilities for milk; however, the phenotypic decrease seems to be due to environmental factors.

The analyses with second-degree polynomial models indicate a slightly decreasing genetic trend in milk yield ($P < 0.001$); and a genetic trend increasing slightly ($P < 0.05$) for fat yield, protein yield, lactose yield, fat content and lactose content (data not shown).

Our results show a positive genetic trend for milk yield of 2.99 ± 1.06 kg per year ($P < 0.01$) for the period 1999-2005 (Table 4). The genetic trend based on the model without phantom parent groups, was 0.59 ± 0.94 kg per year and was not significant ($P > 0.05$). This confirms that using a model without phantom parent groups when there are animals with incomplete pedigree, underestimates the genetic change^(6,7,18).

The annual genetic trend for milk yield was 0.32 % of the mean of yield by lactation. This trend is smaller than it can be achieved with

Cuadro 3. Promedios fenotípicos por año de nacimiento para las características estudiadas en cabras Saanen

Table 3. Phenotypic averages by year of birth for the studied traits in Saanen goats

Year of birth	Milk		Fat			Protein			Lactose		
	n	kg	n	Kg	%	n	Kg	%	n	kg	%
1999	86	984	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2000	113	1077	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2001	151	1049	-	-	-	-	-	-	-	-	-
2002	207	954	32	22.5	3.10	33	20.0	2.76	74	39.2	4.31
2003	241	877	224	27.9	3.23	211	23.7	2.78	160	36.5	4.13
2004	189	801	180	25.3	3.16	179	21.8	2.73	128	32.4	4.12
2005	54	862	51	28.0	3.27	54	23.7	2.75	39	35.0	4.17

n= number of observations.

En el Cuadro 2, se presentan los promedios de los valores genéticos predichos por año de nacimiento, estimados con modelos animales univariados con grupos genéticos de progenitores fantasmas. En el Cuadro 3, se muestran los promedios fenotípicos por año de nacimiento para las características estudiadas. A partir de 2002, se empezaron a registrar las producciones y contenidos de grasa, proteína y lactosa. Para producción de leche, los valores genéticos predichos tendieron a aumentar a partir de 2001. En contraste, los promedios fenotípicos por año de nacimiento tendieron a disminuir a partir de 2001. Esto sugiere que el énfasis puesto por los criadores en la producción de leche se incrementó a través del tiempo, y que la disminución fenotípica parece deberse a factores ambientales.

effective breeding programs, which range from 1 to 2 %, even using simple methods of mass selection that do not involve sire progeny tests^(3,19). This trend is also smaller than the one observed in France (from 1.5 to 2.2 %)⁽³⁾. According to the negative estimate of the quadratic effect obtained with the second-degree polynomial model, this value seems to be slightly decreasing in the studied period.

Negative genetic trends per year for the yields of fat, protein and lactose were -2.14 , -0.095 and -0.188 kg, respectively (Table 4). Genetic trends per year for the contents of fat, protein and lactose were not different from zero ($P > 0.05$) (-0.002, 0.0 and -0.003 %, respectively). Negative genetic trends for fat and protein yields could cause a decrease in the economic value for this population,

Cuadro 4. Tendencias genéticas, fenotípicas y ambientales para características de producción y composición de la leche en cabras Saanen

Table 4. Genetic, phenotypic and environmental trends for milk yield and composition traits in Saanen goats

Annual trends		Genetic	Phenotypic	Environmental
Milk yield	Estimate	2.989	-48.6459	-51.6349
	SE	1.06	3.9997	
	<i>P</i>	0.005	0.0000	
Fat yield	Estimate	-0.214	0.1278	0.3418
	SE	0.093	0.3929	
	<i>P</i>	0.022	0.7451	
Protein yield	Estimate	-0.095	0.1059	0.2009
	SE	0.044	0.2972	
	<i>P</i>	0.031	0.7218	
Lactose yield	Estimate	-0.188	-2.2920	-2.1040
	SE	0.091	0.4976	
	<i>P</i>	0.038	0.0000	
Fat content	Estimate	-0.002	0.0098	0.0118
	SE	0.005	0.0192	
	<i>P</i>	0.761	0.6088	
Protein content	Estimate	0.000	-0.0166	-0.0166
	SE	0.003	0.0097	
	<i>P</i>	0.935	0.0870	
Lactose content	Estimate	-0.003	-0.0514	-0.0484
	SE	0.006	0.0262	
	<i>P</i>	0.567	0.0510	

SE= Standard error; *P* is the significance.

Los análisis con modelos polinomiales de segundo grado indican una tendencia genética ligeramente decreciente en la producción de leche ($P < 0.001$); y una tendencia genética ligeramente creciente ($P < 0.05$) para la producción de grasa, producción de proteína, producción de lactosa, porcentaje de grasa y porcentaje de lactosa (datos no mostrados).

Nuestros resultados muestran una tendencia genética positiva para producción de leche de 2.99 ± 1.06 kg por año ($P < 0.01$) para el periodo 1999-2005 (Cuadro 4). La tendencia genética usando un modelo sin grupos genéticos de progenitores fantasmas, fue de 0.59 ± 0.94 kg por año y no fue significativa ($P > 0.05$). Esto confirma que usar un modelo sin grupos genéticos de progenitores fantasmas en presencia de animales con pedigrí incompleto, subestima el cambio genético^(6,7,18).

La tendencia genética anual para producción de leche fue de 0.32 % de la media de producción por lactancia. Esta tendencia es menor a la que se puede lograr con programas genéticos eficaces, que va de 1 a 2 %, incluso usando métodos simples de selección masal que no involucran la prueba de progenie de los machos^(3,19). Esta tendencia es también menor a las obtenidas en Francia, que fueron entre 1.5 y 2.2 %⁽³⁾. De acuerdo con el estimado negativo del efecto cuadrático obtenido con el modelo polinomial de segundo grado, este valor parece estar disminuyendo ligeramente en el periodo estudiado.

Las tendencias genéticas de las producciones de grasa, proteína y lactosa fueron negativas de -2.14 kg, -0.095 kg y -0.188 kg por año, respectivamente (Cuadro 4). Las tendencias genéticas de los contenidos de grasa, proteína y lactosa no fueron diferentes de cero ($P > 0.05$) (-0.002, 0.0 y -0.003 % por año, respectivamente). Las tendencias genéticas negativas para producción de grasa y proteína, podrían causar una disminución en el valor económico para esta población, cuya leche se usa primordialmente para la producción de queso, debido a que la producción de queso depende en gran medida de la cantidad total de proteína y grasa producida por año por cabra^(3,12,20).

in which milk is primarily used for cheese yield, since cheese yield depends to a great extent in the quantity of total protein and fat produced per year by goat^(3,12,20).

Negative genetic trends for total yield of fat and protein are not associated to a high rate of genetic improvement for milk yield, since these traits have a positive genetic correlation with the milk yield⁽⁸⁾.

The positive estimates of the quadratic effects ($P < 0.05$) for the yields of fat and protein, obtained with the second-degree polynomial models, indicate that there is a tendency towards the improvement of both traits; however, this is a rather small change in the favorable direction.

In this population, it is possible simultaneously to improve the yield of milk, fat and protein by using appropriate selection criteria. This is also possible in somewhat small populations under production recording and genetic improvement systems based in animal models, as in the case of the United States⁽³⁾. In that country, the estimates of the annual genetic trend in Saanen goats for the total yields of milk, fat and protein were 3.55, 0.13 and 0.11 kg/yr, respectively for the period from 1990 to 2007⁽²¹⁾. In France, with an efficient selection system based on sire progeny tests and artificial insemination, the estimates of genetic gain/year in Saanen goats for the period from 1990 to 2000, were 12.53, 0.48 and 0.46 kg/yr for the total yields of milk, fat and protein, respectively⁽³⁾. In Mexico, Valencia *et al*⁽²²⁾ estimated a negative genetic trend of -3.41 ± 1.31 kg per year for milk yield in a population of Saanen goat from Queretaro, Mexico, confirming the idea that inappropriate selection criteria have been used in many dairy goat flocks to a national level.

Results in the present study indicate that the selection criteria in this population should be improved, for example, through applying multi-trait selection indexes. Considering that the milk produced in this population is used mainly for cheese yield, the emphasis should be placed in the total yield of protein and total yield of fat per lactation^(2,3,22,23), although it is very probable that

Las tendencias genéticas negativas para la producción total de grasa y proteína no se deben a una elevada tasa de mejoramiento en la producción de leche, porque estas características tienen una correlación genética positiva con la producción de leche en esta población⁽⁸⁾.

Los estimados positivos de los efectos cuadráticos ($P < 0.05$) para las producciones de grasa y proteína, obtenidos con los modelos polinomiales de segundo grado, indican que hay una tendencia hacia el mejoramiento de ambas características; sin embargo, se trata de un cambio muy pequeño en la dirección favorable.

En esta población, es posible mejorar simultáneamente la producción de leche, grasa y proteína mediante el uso de criterios de selección adecuados. Esto también es posible en poblaciones relativamente pequeñas en control de producción, utilizando el control de producción y sistemas de mejoramiento genético basados en modelos animales, como en Estados Unidos⁽³⁾. En ese país, las estimaciones de las tendencias genéticas anuales en cabras Saanen para las producciones totales de leche, grasa y proteína fueron de 3.55, 0.13 y 0.11 kg/año, respectivamente para el periodo 1990 a 2007⁽²¹⁾. En Francia, con un sistema eficaz de selección basado en pruebas de progenie de machos e inseminación artificial, las estimaciones de ganancia genética/año en cabras Saanen para el periodo 1990 a 2000, fueron de 12.53, 0.48 y 0.46 kg/año para las producciones totales de leche, grasa y proteína, respectivamente⁽³⁾. En México, Valencia *et al.*⁽²²⁾ estimaron una tendencia genética negativa de -3.41 ± 1.31 kg por año para la producción de leche en una población de cabras Saanen de Querétaro, México, lo que confirma la idea de que se están usando criterios inadecuados en selección en muchos rebaños de caprinos lecheros a nivel nacional.

Los resultados del presente estudio indican que los criterios de selección en esta población deben ser mejorados, por ejemplo mediante la aplicación de índices de selección de múltiples características. Considerando que la leche producida en esta población se usa principalmente para la producción de queso, el énfasis debe ser puesto en la producción

the total amount of protein requires a relative larger weighing as occurs in dairy cattle^(24,25).

CONCLUSIONS AND IMPLICATIONS

The genetic progress obtained in this population for the yield of milk was positive. However, this progress is small compared to what is possible to obtain by using effective selection programs. There is an opportunity to achieve an important genetic progress in this population for the yields of fat and protein, though the development of selection criteria involving economic aspects, making predictions about cheese yield from the composition of milk and estimating expected genetic gains by the application of different selection indexes. These results emphasize that the importation of genetic material does not guarantee, by itself, an adequate genetic progress, and reinforces the need of investing in the development of effective genetic programs for dairy goats in Mexico.

ACKNOWLEDGMENTS

The authors thank the Fundación Guanajuato Produce for financial support and the Asociación Nacional de Criadores de Ganado de Registro for providing the information used in this study. Special thanks to Marcia Castillo-Mendoza from the Universidad CESSA in Mexico City for proofreading the English manuscript. The first author is grateful with Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (Conacyt) from Mexico, who sponsored his Master in Science education program at the Universidad Nacional Autónoma de México with a scholarship (Register No. 201728).

End of english version

total de proteína y la producción total de grasa por lactancia^(2,3,22,23), aunque es muy probable que la cantidad total de proteína requiera una ponderación relativamente más alta como sucede en bovinos lecheros^(24,25).

CONCLUSIONES E IMPLICACIONES

El progreso genético obtenido en esta población para la producción de leche fue positivo. Sin embargo, este progreso es pequeño, si se compara al que es posible conseguir utilizando programas eficaces de selección. Existe la oportunidad de lograr un importante progreso genético en esta población para la producción de grasa y proteína, mediante el desarrollo de criterios de selección que involucren aspectos económicos, haciendo predicciones del rendimiento de queso a partir de la composición de la leche y estimando ganancias genéticas esperadas mediante la aplicación de distintos índices de selección. Estos resultados enfatizan que la importación de material genético no garantiza por sí misma, un progreso genético adecuado, y refuerza la idea de invertir en el desarrollo de programas eficaces de selección para los caprinos productores de leche en México.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a la Fundación Guanajuato Produce por el apoyo financiero y la Asociación Nacional de Criadores de Ganado de Registro por proporcionar la información usada en este estudio. Se agradece en especial a Marcia Castillo-Mendoza de la Universidad CESSA de México D.F. por su revisión de la versión inglesa de este artículo. El primer autor desea agradecer al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (Conacyt) de México por haberle otorgado una beca (Registro No. 201728) para la realización de sus estudios de Maestría en Ciencias realizados en la Universidad Nacional Autónoma de México.

LITERATURA CITADA

- Valencia M, Montaldo HH. Genetic evaluation of goats in the state of Guanajuato, Mexico. Proc 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil 2006.
- Melilli C, Lynch JM, Carpino S, Barbano DM, Licitra G, Cappa A. An empirical method for prediction of cheese yield. J Dairy Sci 2002;85(10):2699-2704.
- Montaldo HH, Manfredi E. Organization of selection programs for dairy goats. Proc 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier, France, 2002;1:35-42.
- Valencia M, Montaldo HH. Características de conformación en programas de mejoramiento genético de cabras lecheras. Selecciones Veterinarias México 2005;1:1
- Westell RA, Quaas RL, Van Vleck LD. Genetic groups in an animal model. J Dairy Sci 1988;71(5):1310-1318.
- Schaeffer LR. Phantom genetic groups and genetic trend. Centre for genetic improvement of livestock. Department of animal & poultry science. University of Guelph. April 20, 2006:1-20.
- Theron HE, Kanfer FHJ, Rautenbach L. The effect of phantom parent groups on genetic trend estimation. S Afr J Anim Sci 2002;32(2):130-135.
- Torres-Vázquez JA, Valencia-Posadas M, Castillo-Juárez H, Montaldo HH. Genetic and phenotypic parameters of milk yield, milk composition and age at first kidding in Saanen goats from Mexico. Livestock Sci 2009;126:147-153.
- Norman HD, VanRaden PM, Wright JR, Clay JS. Comparison of test interval and best prediction methods for estimation of lactation yield from monthly, a.m.-p.m., and trimonthly testing. J Dairy Sci 1999;82(2):438-444.
- Wiggans GR, Van Vleck LD. Extending partial lactation milk and fat records with a function of last-sample production. J Dairy Sci 1979;62(2):316-325.
- Gilmour AR, Cullis BR, Welham SJ, Thompson R. ASReml User Guide (Release 2.0). VSN International Ltd, Hemel Hempstead, UK. 2006.
- Torres-Vázquez JA. Parámetros genéticos para características de producción y composición de la leche en cabras Saanen [tesis maestría]. México, DF: Universidad Nacional Autónoma de México; 2008.
- Welper RD, Freeman AE. Genetic parameters for yield traits of Holsteins, including lactose and somatic cell score. J Dairy Sci 1992;75(5):1342-1348.
- Miglior F, Sewalem A, Jamrozik J, Bohmanova J, Lefebvre DM, Moore RK. Genetic analysis of milk urea nitrogen and lactose and their relationships with other production traits in Canadian Holstein Cattle. J Dairy Sci 2007;90(5):2468-2479.
- Andonov S, Ødegård J, Boman IA, Svendsen M, Holme IJ, Ádnøy T, *et al.* Validation of test-day models for genetic evaluation of dairy goats in Norway. J Dairy Sci 90;2007(10):4863-4871.
- Brežnik S, Marlovrh Š, Kovač M, Birtič D, Kompan D. Additive genetic and environmental variance components for milk traits in goat with test day model. Zootehnika 2000;76(1):61-67.
- Vos H, Groen AF. Altering milk protein/fat-ratio: results of a selection experiment in dairy cattle. Liv Prod Sci 1998;53:49-55.
- Boichard D, Bonaiti B, Barbat A, Mattalia S. Three methods to validate the estimation of genetic trend for dairy cattle. J Dairy Sci 1995;78(2):431-437.
- Montaldo H, Valencia M, Sánchez F. Respuesta esperada a la selección para producción de leche en caprinos con pruebas de progenie, MOET y selección masal. Arch Zootec 1994;43(164):335-343.
- Story JE, Grandison AS, Millard D, Owen AJ, Ford GD. Chemical composition and coagulating properties of renneted milks from different breeds and species of ruminant. J Dairy Res 1983;50(2):215-229.

21. USDA. United States Department of Agriculture, Animal Improvement Programs Laboratory, 2010 [on line]. http://aip1.arsusda.gov/eval/summary/goats.cfm?R_Menu=GEN.EN#StartBody. Accessed Dec 20, 2009.
22. Valencia M, Dobler J, Montaldo HH. Genetic trends for milk yield in a flock of Saanen goats in Mexico. *Small Rumin Res* 2005;57:281-285.
23. Montaldo HH, Valencia M. 2006. Mejoramiento genético de caprinos productores de leche. Simposio Mejoramiento Genético de Cabras. Colegio de Postgraduados, Instituto de Enseñanza, Investigación y Extensión en Ciencias Agrícolas, 25 de agosto [en línea]. http://www.oedrus-portal.gob.mx/oedrus_slp/modulos/biblioteca/pecuario/Mejoramiento%20Genetico%20de%20Caprinos%20Productores%20de%20Leche%20.pdf. Consultado 20 Dic, 2009.
24. Shook GE. Major advances in determining appropriate selection goals. *J Dairy Sci* 2006;89(4):1349-1361.
25. De Marchi M, Bittante G, Dal Zotto R, Dalvit C, Cassandro M. Effect of Holstein Friesian and brown Swiss breeds on quality of milk and cheese. *J Dairy Sci* 2008;91(10):4092-4102.