

Estimación del valor genético predicho en bovinos lecheros mestizos en un hato en la sierra alta de Chimborazo, Ecuador

Estimation of predicted breeding value in crossbred dairy cattle in a herd in the highlands of Chimborazo, Ecuador

Carlos Octavio Larrea Izurieta^{1,3,4}, Ernesto Antonio Hurtado¹, Jorge Ignacio Macías Andrade¹, Leila Estefanía Vera Loor¹, Manuel José More Montoya²

RESUMEN

El objetivo del estudio fue estimar parámetros genéticos y predecir el mérito genético para producción de leche ajustada a 305 días (PL) en bovinos mestizos como criterio de selección. Se utilizó información productiva de 289 animales entre puros y mestizos con 349 registros de lactancias entre los años 2000 y 2019. Para obtener la PL se aplicó la ecuación gamma incompleta propuesta por Woods. Los modelos estadístico y animal incluyeron los efectos aleatorios: genético aditivo, ambientes permanente y temporal, mientras que los efectos fijos fueron: composición racial, lactancia y año de inicio de lactancia. Para analizar los componentes de la varianza para el cálculo de la heredabilidad (h^2) y repetibilidad (r) para PL se utilizó el programa VCE v. 6.0 y los valores de cría a través del modelo animal mediante el software MTDFRELM. Se reportaron 11 animales endogámicos con coeficiente de consanguinidad promedio de 0.107 ± 0.115 . La PL media fue de 2972.1 ± 51.1 kg. Se hallaron diferencias en composición racial ($p < 0.05$), número de lactancias y año de inicio de lactancia ($p < 0.01$). La h^2 fue de 0.26 ± 0.16 y r de 0.51 ± 0.15 . Los valores genéticos predichos para animales evaluados variaron entre -241.5 y $+266.5$ kg de PL, destacándose las composiciones raciales trihíbridas entre Holstein, Jersey, Monbéliarde y Sueco rojo. La mayoría de los valores de cría se pronuncian a partir de la cuarta lactancia. Se concluye que el efecto genético aditivo es moderadamente heredable, lo que indica la factibilidad de aumentar la PL, a través de la adecuada selección de animales élite.

Palabras clave: consanguinidad, cruzamiento, heredabilidad, modelo animal, repetibilidad, valor genético

¹ Carrera de Medicina Veterinaria, Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López, Calceta, Ecuador

² Facultad de Zootecnia, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima, Perú

³ Carrera de Medicina Veterinaria, Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López, Campus Politécnico El Limón, Manabí, Ecuador

⁴ E-mail: colirbba@hotmail.com

Recibido: 22 de febrero de 2020

Aceptado para publicación: 22 de septiembre de 2020

Publicado: 21 de diciembre de 2020

ABSTRACT

The aim of this study was to estimate genetic parameters and predict genetic merit for milk production adjusted to 305 days (PL) in crossbred cattle as selection criteria. Records of productive data was used from 289 purebred and crossbred animals with 349 lactations between 2000 and 2019. To obtain the PL, the incomplete gamma equation proposed by Woods was applied. The statistical and animal models included the random effects: additive genetic, permanent and temporary environments, while the fixed effects were breed composition, lactation and year of initiation of lactation. To analyze the variance components for the calculation of heritability (h^2) and repeatability (r) for PL, the VCE v. 6.0 program was used and the breeding values through the animal model using the MTDFRELM software. Eleven inbred animals were reported with a mean inbreeding coefficient of 0.107 ± 0.115 . The mean PL was 2972.1 ± 51.1 kg. Differences were found in breed composition ($p < 0.05$), number of lactations and year of initiation of lactation ($p < 0.01$). The h^2 was 0.26 ± 0.16 and r was 0.51 ± 0.15 . The predicted genetic values for evaluated animals ranged between -241.5 and +266.5 kg of PL, highlighting the trihybrid breed composition between Holstein, Jersey, Monbéliarde and Red Swedish. Most of the breeding values are pronounced from the fourth lactation. It is concluded that the additive genetic effect is moderately heritable, which indicates the feasibility of increasing the PL, through the adequate selection of elite animals.

Key words: inbreeding, crossbreeding, heritability, animal model, repeatability, breeding value

INTRODUCCIÓN

La población de ganado vacuno en la provincia de Chimborazo, Ecuador, para el año 2019 fue de 315 498 cabezas, lo que representa el 7.33% a nivel nacional y 14.2% en la región Sierra, ocupando el segundo lugar en este censo en la mencionada región. En esta provincia, la población de bovinos mestizos son los más frecuentes con 93 539 cabezas, seguidos de animales de raza Holstein, Pardo Suizo y Jersey (INEC, 2020). En la zona andina de Ecuador, las condiciones climáticas, edáficas y alimentarias son mayores para los genotipos más exigentes en sistemas de pastoreo, por lo que la elección de la genética adecuada para la zona de mayor potencial lechero de la Sierra de Ecuador constituye un problema práctico (Lascano *et al.*, 2017; Arcos *et al.*, 2018).

La producción diaria de leche en la provincia de Chimborazo en 2019 fue de 787 108 kg de leche (10.2% a nivel nacional) (INEC, 2020). El precio por litro de leche al productor en Ecuador está indexado al precio de la venta de leche pasteurizada Ultra High Temperature (UHT), de allí que se el productor recibe 0.42 USD por litro, pudiendo alcanzar hasta 0.50 USD por litro por bonificaciones de calidad según el Acuerdo Ministerial 394 (MAGAP, 2018).

Las unidades productivas lecheras del Ecuador se caracterizan por una vida útil de 12 años, empezando a producir las hembras bovinas a los dos años y con peso al primer servicio de 250 kg (Chávez y Gavilánez, 2019). La mayoría de las ganaderías carecen de registros genealógicos y productivos adecuados, lo que dificulta la estimación de los parámetros genéticos, restringiendo el avance genético (Larrea *et al.*, 2019).

Se requiere utilizar modelos matemáticos que permitan separar los efectos genéticos de los no genéticos para realizar la valoración (Martínez *et al.*, 2012). La obtención de valores genéticos predichos, también conocido como evaluación genética, permite la identificación de los mejores animales, con objeto de que sean utilizados como padres de la siguiente generación, por lo que se usa el mejor predictor lineal insesgado (BLUP - *Best Linear Unbiased Predictor*) (Valencia *et al.*, 2003; Muñoz y Gonzáles, 2016). Los valores genéticos se calculan simultáneamente para vacas y toros usando el programa denominado modelo animal, el cual permite calificar a los animales por su mérito genético y estimar las diferencias genéticas entre animales (Salinas *et al.*, 2016), por medio de la estimación de habilidades de transmisión predichas (Holstein Foundation, 2018). También permite estimar de forma simultánea los efectos ambientales y genéticos que producen la observación (Meza *et al.*, 2017).

En la actualidad existen métodos que permiten la evaluación genética de los animales en producción, de los que están por entrar en actividad productiva y aún de aquellos que no cuentan con registros de producción (Martínez *et al.*, 2017). El modelo animal permite que todas las relaciones genéticas entre los animales contribuyan a la conectividad de los datos, aunque la calidad de las evaluaciones genéticas depende de muchos factores, en particular de la estructura de la información (Magaña *et al.*, 2013); adicionalmente, este modelo actúa de tal forma que considera que los animales sin progenitores pertenecen a la generación base y se supone que están extraídos al azar de una población de media cero y de varianza genética que tenían los animales fundadores de la población (Quijano y Montoya, 1998).

En los cruzamientos, los productores tienen como objetivo explotar las características favorables de las razas alternativas, eliminar los efectos negativos asociados con la endogamia y sacar provecho de la heterosis

(Quinteros y Marini, 2017). Los cruzamientos y la selección son las únicas herramientas disponibles para la mejora animal, permitiendo aumentar la productividad rápidamente (Madalena, 2001). La estimación de los efectos de cruzamiento permite predecir el comportamiento productivo esperado de diferentes cruza y establecer esquemas de evaluación genética para seleccionar a los reproductores a través de su valor genético aditivo, sin los sesgos ocasionados por los efectos de heterosis y recombinación en poblaciones multirraciales (Román *et al.*, 2013).

Dado que las diferencias en el mérito genético permiten incorporar al hato animales seleccionados por su alto valor genético para las características económicas productivas que se desean mejorar, en función de las decisiones que considere cada criador (Larrea *et al.*, 2019), se contempló como objetivo estimar los parámetros genéticos (heredabilidad y repetibilidad) y predecir el mérito genético para la producción de leche ajustada a 305 días (PL) de los bovinos de un hato lechero en la provincia de Chimborazo, para ser utilizados como criterio de selección del hato.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área del Estudio y Animales

La investigación se realizó en la hacienda «La Isabela de Sasapud», ubicada en la parroquia Matriz, cantón Chambo, provincia de Chimborazo, Ecuador. La zona se sitúa en el piso climático premontano alto a 3340 msnm, con una pluviosidad anual de 1031 mm y temperatura promedio anual de 12.6 °C. La hacienda posee 61 ha, siendo 36 ha de bosque primario montano alto con topografía superior al 40% de inclinación y las restantes 25 ha se usan para potreros compuestos principalmente de mezclas forrajeras de ryegrass (*Lolium perenne*), trébol blanco (*Trifolium albus*) y llantén forrajero (*Plantago major*) con intervalo de pastoreo de 32 días.

Cuadro 1. Distribución de animales y lactancias por composición racial

Composición racial	Animal (n)	Lactancia (n)
J	44	-
H	79	133
M	80	-
S	7	-
1/2J - 1/2H	29	95
3/4J - 1/4H	17	59
7/8J - 1/8H	10	29
11/16J - 5/16H	2	-
15/16J - 1/16H	4	7
5/8H - 3/8J	1	2
9/16H - 7/16J	1	-
1/16H - 1/4M - 3/16J	2	-
1/2M - 1/2H	1	-
1/2M - 1/4J - 1/4H	2	4
1/2M - 3/8J - 1/8H	6	4
1/2M - 7/16J - 1/16H	2	-
1/2M - 16/37J - 5/74H	1	-
1/2S - 3/8J - 1/8H	1	4
Total	289	337

H = Holstein; J = Jersey; S = Sueco rojo; M = Montbéliarde

Se analizó el registro genealógico y productivo de 289 animales con 349 lactancias entre los años 2000 y 2019, provenientes de la base de datos que registra la explotación (Cuadro 1). Se consideró la genealogía, las 18 composiciones raciales entre puras y cruzadas entre sí de Holstein (H), Jersey (J), Sueco rojo (S) y Montbéliarde (M), el número de lactancias por vaca (1-9), el año de inicio de la lactancia (2000-2019), y como variable dependiente la PL. Se eliminaron 12 registros ajustados por presentar producciones menores a 1000 kg de leche, por lo que se consideraron 337 lactancias para este estudio.

Animales de algunas razas y cruces no poseían información de producción, por ser animales fundadores, introducidos desde otras explotaciones o por no haber iniciado su vida productiva. Sin embargo, fueron considerados para establecer el coeficiente de consanguinidad de cada animal e incluirlo en el modelo. La explotación en un principio utilizó toros de raza Jersey para monta directa, posteriormente introdujo la inseminación artificial (IA) utilizando semen congelado de toros Holstein, Jersey, Sueco rojo y Montbéliarde, manejando un sistema de reproducción mixto (monta directa e inseminación artificial). Se procedía con la monta a las hembras que retornaban en celo después de la segunda inseminación. Desde 2012 solo se emplea IA con semen de toros Holstein, Jersey y Montbéliarde manteniendo un cruce rotacional trihíbrido.

Ajuste de Lactancia

Se utilizó la función gama incompleta propuesta por Woods en 1967, por la bondad de ajuste a los datos de producción de leche y la capacidad predictiva de los rendimientos de leche por lactancia siguiendo la metodología aplicada por Gebreyohannes (2013) y Vargas (2016). Se aplicó el modelo lineal general (PROC GLM) en SAS v 9.4 (2013), y los resultados se obtuvieron del análisis de regresión polinómica de tercer orden, cuya función que está representada por $PL = at^be^{-ct}$, donde PL = Producción de leche ajustada a 305 días (kg); t = Periodo de tiempo en el que se estimó la producción láctea (1-305 días); a, b, c = Parámetros de la función gamma incompleta; e = Base de los logaritmos naturales.

Aplicando el logaritmo natural a la función gama incompleta, se obtiene: $Ln(Y) = ln(a) + bLn(t) - ct$, donde Ln = Logaritmo natural; Y = Producción de leche (kg); t = Periodo de tiempo en el que se estimó la producción láctea (1-305 días); a, b, c = Parámetros de la función gamma incompleta.

Análisis Estadístico

En el modelo se consideró los efectos aleatorios genético aditivo, ambiente permanente y residual (ambiente temporal) y dentro de los efectos fijos se incluyó la composición racial, número de lactancia y año de inicio de cada lactancia de los individuos en estudio, usando el siguiente modelo: $Y_{ijklm} = \mu + A_i + B_j + C_k + D_l + E_m + e_{ijklm}$, donde Y_{ijklm} = Vector de los registros de producción de leche ajustada a 305 días (kg); μ = Promedio general de la leche ajustada a 305 días (kg); A_i = Efecto aleatorio del *i*-ésimo efecto genético aditivo; B_j = Efecto fijo de la *j*-ésima composición racial, $j=1 \dots 18$; C_k = Efecto fijo de la *k*-ésima lactancia, $k=1 \dots 10$; D_l = Efecto fijo del *l*-ésimo año de inicio de la producción de leche, $l=1 \dots 21$; E_m = Efecto aleatorio del *m*-ésimo efecto del ambiente permanente; y e_{ijklm} = Efecto residual.

El análisis de la varianza para los efectos fijos que intervienen en la PL fue realizado mediante PROC GLM del paquete estadístico SAS v.9.4 (2013). En caso de encontrar diferencia significativa dentro de cada efecto fijo, se procedió a separar las medias con el test de Duncan.

Los componentes de la varianza requeridos para la estimación de los parámetros genéticos y valores de cría, fueron obtenidos por el método de máxima verosimilitud restringida, empleando el programa VCE v. 6.0 (Groeneveld *et al.*, 2008), obteniendo la heredabilidad (h^2) y la repetibilidad (r) de la PL. Para estimar el mérito genético y el coeficiente de consanguinidad de cada animal se corrieron los registros en el programa MTDFRELM (Boldman *et al.*, 1995). El modelo incluyó en ambos programas los efectos fijos de composición racial, número de lactancia y año de inicio de lactancia, y como efectos aleatorios los animales analizados, el ambiente permanente y el residuo (ambiente temporal). El modelo empleado en notación matricial fue: $Y = xb + Za + Zp + e$, donde Y = Vector de los registros de producción de

leche ajustada a 305 días (kg); a = Vector de los efectos aleatorios genéticos aditivos directos; b = Vector de los efectos fijos incluyendo los grupos contemporáneos definidos por la combinación de la composición racial, lactancia y año de inicio de lactancia; p = Vector del efecto ambiental permanente; X , Z = Matrices de incidencia que relacionan las observaciones en Y con los respectivos efectos; y e = Vector de residuales aleatorios.

Una vez estimado el valor de cría correspondiente para cada animal, se realizó una distribución de frecuencias de nueve clases aplicando la metodología propuesta por Larrea *et al.*, (2019), con la finalidad de clasificar los animales de las diferentes categorías de acuerdo con su valor genético, para así determinar el grupo genético élite de la explotación.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Consanguinidad

Se encontró 11 animales con endogamia, cuyos coeficientes fluctuaron entre 0.004 a 0.250 con promedio de 0.107 (± 0.115); los cruces raciales que presentaron consanguinidad fueron 3/4J-1/4H, 7/8J-1/8H, 15/16J-1/16H, distribuidos en los siguientes valores relativos de 63.6, 27.3 y 9.1% de los animales consanguíneos, respectivamente. En general, se reconoce que la endogamia afecta negativamente a la producción de leche y la supervivencia, siendo así que la depresión endogámica puede causar importantes pérdidas económicas para los productores lecheros (Domínguez *et al.*, 2014; Andere *et al.*, 2017).

Desempeño de la Producción de Leche Ajustada a 305 Días (PL)

El valor promedio de la PL fue de 2972.1 ± 51.1 kg, con rangos entre 1053.0 y 5843 kg. Se encontró diferencias significativas en el efecto fijo de la composición racial ($p < 0.05$) y por número de lactancia y año ($p < 0.01$).

Cuadro 2. Distribución de las clases de las vacas de acuerdo con el mérito genético en la población estudiada

Clase	Límite inferior	Límite superior	Marca de clase	Frecuencia absoluta	Frecuencia relativa (%)
Muy alto	+210.03	+266.47	+238.25	7	2.42
Alto	+153.60	+210.03	+181.81	10	3.46
Medio alto	+97.16	+153.60	+125.38	20	6.92
Ligeramente alto	+40.72	+97.16	+68.94	32	11.07
Incierto	-15.71	+40.72	+12.51	153	52.94
Ligeramente bajo	-72.15	-15.71	-43.93	39	13.49
Medio bajo	-128.59	-72.15	-100.37	14	4.84
Bajo	-185.02	-128.59	-156.81	6	2.08
Muy bajo	-241.46	-185.02	-213.24	8	2.77

Parámetros Genéticos

Los estimados de componentes de la varianza para la PL fueron: varianza aditiva (σ_a^2) 159 112, varianza del ambiente permanente (σ_p^2) 148 075, varianza residual (σ_c^2) 300 389 y varianza fenotípica (σ_p^2) 607 576, con los que se obtuvieron una h^2 de 0.26 ± 0.16 y una r de 0.51 ± 0.15 . El efecto genético aditivo para PL fue moderadamente heredable, lo que indica que con este estimador es factible aumentar la producción de leche por lactancia en el hato lechero en estudio, a través de la selección de animales sobresalientes (Ríos *et al.*, 2012), a la vez que el valor de repetibilidad se debió a que la σ_c^2 fue menor que la σ_a^2 , lo que indica baja variación genética y la ocasionada por el ambiente permanente en relación con la variación ambiental temporal para el rasgo estudiado.

La h^2 calculada fue superior a los valores reportados en ganado Holstein por Hidalgo (2019) con 0.16 ± 0.03 en Perú, Salem y Hammoud (2016) con 0.15 ± 0.05 en Egipto; así como por Cañas *et al.* (2012) con 0.17,

Arango y Echeverri (2014) con 0.19 y Zambrano *et al.* (2014) con 0.24 ± 0.08 en Colombia. Con respecto al grupo racial, en ganado Jersey, Arango y Echeverri (2014) reportaron una heredabilidad de 0.20 y Zambrano *et al.* (2014) de 0.34 ± 0.30 , ambos en Colombia y Okeke *et al.*, (2019) en Nigeria con 0.35; mientras que Román (2006) reportó 0.12 ± 0.04 en cruces multirraciales en un sistema de doble propósito en el trópico mexicano y Ríos *et al.* (2012) con 0.28 ± 0.08 en cruce Holstein y Pardo suizo.

La r en la población estudiada para PL fue superior a los valores reportados en ganado Holstein por Hidalgo (2019) con 0.28 ± 0.03 en Perú, Salem y Hammoud (2016) con 0.19 ± 0.03 en Egipto, Toledo *et al.* (2014) con 0.41 ± 0.04 en México. Asimismo, por Frioni (2012) con 0.45 ± 0.002 en bovinos Holando Uruguayo, Zambrano *et al.* (2014) con 0.34 ± 0.30 en Jersey en Colombia, Román (2006) con 0.34 ± 0.02 en cruces multirraciales en el trópico mexicano y Ríos *et al.* (2012) con 0.40 en cruce Holstein x Pardo Suizo. El resultado obtenido solo fue

Cuadro 3. Valor genético¹ de la producción de leche ajustada a 305 días con respecto a la composición racial

Composición racial	Registros	Media ± EE	Valor genético
H	133	2,795.7 ± 82.5 ^C	+966.4
1/2J - 1/2H	95	2,983.4 ± 103.2 ^{ABC}	+892.1
3/4J - 1/4H	59	3,203.5 ± 113.1 ^{ABC}	+738.3
7/8J - 1/8H	29	3,081.8 ± 125.4 ^{ABC}	+590.9
5/8H - 3/8J	2	2,794.5 ± 115.3 ^{BC}	+557.7
15/16J - 1/16H	7	2,542.0 ± 314.7 ^C	-128.5
1/2M - 1/4J - 1/4H	4	3,830.8 ± 184.5 ^A	+1219.8
1/2M - 3/8J - 1/8H	4	3,668.8 ± 536.1 ^{AB}	+1313.7
1/2S - 3/8J - 1/8H	4	3,647.0 ± 152.9 ^{AB}	+1135.8

¹ Valor de probabilidad = 0.0232

J = Jersey; H = Holstein; M = Montbéliarde; S = Sueco rojo

EE = Error estándar

Letras diferentes dentro de la misma columna indican diferencias significativas (p<0.05)

inferior al reporte de Okeke *et al.* (2019) en Jersey en Nigeria con 0.57.

Mérito Genético por Animal

En el Cuadro 2 se observa que, al clasificar los valores genéticos predichos en nueve clases con intervalo de 56.43 kg de PL, la mayor frecuencia (52.94%) corresponde a los animales de la clase incierta con valores genéticos entre -15.71 a +40.72 kg de PL, dentro de los cuales se incluyen los animales con valores genéticos predicho cero. Se observa además que 23.87% de los animales presentó valores genéticos positivos que corresponde entre las clases ligeramente alto y muy alto, los mismos que pueden ser considerados como animales élite para el desarrollo genético futuro de la explotación.

Las frecuencias absolutas y relativas de los valores genéticos predichos para los animales evaluados variaron entre -241.46 a +266.47 kg de PL (Cuadro 2), distribuyéndose el 49.48% con valores positivos, 31.41% ne-

gativos y 19.38% con valor cero. Este último se justifica por el número de animales que no presentaron registros de producción y no poseían conexión de parentesco con animales que presentaban registros o eran fundadores. Los animales que se encuentran actualmente en el inventario de la explotación poseen valores genéticos entre -129.64 a +225.29 kg de PL, con un alto porcentaje de animales con valor genético positivo (58.54%) y en menor proporción los animales con valor genético negativo y cero (29.26 y 12.20%, respectivamente).

Desempeño por Composición Racial

El mayor desempeño productivo se encontró en los animales de composición racial trihíbrida: (1/2M-1/4J-1/4H, 1/2M-3/8J-1/8H y 1/2S-3/8J-1/8H), seguidos por los animales de composición racial dihíbrida (3/4J-1/4H, 7/8J-1/8H, 1/2J-1/2H y 5/8H-3/8J) a excepción de los animales con mestizaje 15/16J-1/16H, siendo este último cruce el que presentó menor rendimiento y difirió con las demás

Cuadro 4. Valor genético¹ de la producción de leche ajustada a 305 días con respecto al número de lactancias

Lactancia	Registros	Media \pm EE	Valor genético
1	116	2,723.2 \pm 85.2 ^B	+0.0
2	81	2,895.1 \pm 94.0 ^B	+176.0
3	51	2,888.5 \pm 120.8 ^B	+287.0
4	35	3,279.5 \pm 142.3 ^{AB}	+473.1
5	25	3,299.6 \pm 219.0 ^{AB}	+321.4
6	12	3,595.1 \pm 277.1 ^A	+391.7
7	9	3,701.4 \pm 272.9 ^A	+487.4
8	4	3,929.3 \pm 588.9 ^A	+637.3
9	4	3,610.9 \pm 471.3 ^A	+319.0

¹ Valor de probabilidad = 0.0007

EE = Error estándar

^{A,B} Letras diferentes dentro de la misma columna indican diferencias significativas ($p < 0.01$)

composiciones. De otra parte, los animales Holstein, quienes tuvieron la mayor cantidad de registros, obtuvieron un rendimiento promedio de 2795.7 ± 82.5 kg (Cuadro 3). De la misma forma, los valores genéticos tuvieron un comportamiento similar al orden de los promedios de PL, destacándose los cruces 1/2M-3/8J-1/8H, 1/2M-1/4J-1/4H y 1/2S-3/8J-1/8H con +1228.1, +1106.9 y +1044.7 kg de PL, respectivamente.

La principal ventaja de realizar cruzamientos es la heterosis, que permite introducir caracteres deseables en una población en la que no han existido anteriormente, lo que conduce a un aumento en el nivel genético en una descendencia híbrida en comparación con el promedio de las razas parentales (Kumar *et al.*, 2016).

Los sistemas de cruzamiento mediante la incorporación de semen, embriones y sementales *Bos taurus* importados para uso en hembras locales es una herramienta de

mejoramiento genético de importancia (Román, 2006; Toalombo *et al.*, 2019). Es difícil mejorar los rasgos de baja heredabilidad como la fertilidad, rendimiento de leche y longevidad a través de la reproducción dentro de una raza pura, pero se mejoran en gran medida a través del cruzamiento (Kumar *et al.*, 2016).

Desempeño por Lactancia

En la Cuadro 5 se observa que los mayores promedios corresponden a los animales con mayor número de lactancias (>4), con medias de PL entre 3279.5 ± 142.3 y 3929.3 ± 588.9 , valores que siguen un patrón ascendente hasta la octava lactancia. Al analizar el valor genético de cada lactancia, se observa que siguen un patrón diferente al de los promedios, descendiendo en la quinta y con ascenso a partir de la sexta a la octava lactancia, donde se encontró el valor máximo (+632.8), para volver a descender en la novena campaña.

Cuadro 5. Valor genético¹ de la producción de leche con respecto al año de inicio de la lactancia

Lactancia	Registros	Media ± EE	Valor genético
2000	18	2,651.8 ± 148.3 ^{DEF}	-909.1
2001	12	2,659.6 ± 251.6 ^{DEF}	-994.3
2002	18	2,298.3 ± 122.9 ^{FG}	-1370.7
2003	17	2,429.9 ± 180.4 ^{EFG}	-1337.3
2004	22	2,640.6 ± 134.3 ^{DEF}	-992.9
2005	21	2,988.1 ± 201.4 ^{CDE}	-525.2
2006	17	3,732.8 ± 183.4 ^{AB}	+24.5
2007	32	2,562.0 ± 127.5 ^{EF}	-1113.8
2008	18	1,922.8 ± 114.7 ^G	-1657.0
2009	16	2,545.2 ± 166.9 ^{EF}	-1229.1
2010	21	3,462.1 ± 195.6 ^{ABC}	+0.0
2011	22	2,998.0 ± 223.0 ^{CDE}	-665.9
2012	14	3,679.6 ± 316.6 ^{AB}	+42.8
2013	13	3,932.6 ± 303.9 ^A	+401.1
2014	9	2,770.9 ± 311.2 ^{DEF}	-244.9
2015	16	3,670.3 ± 167.4 ^{AB}	+191.6
2016	14	3,520.7 ± 104.8 ^{ABC}	+65.5
2017	12	3,228.9 ± 226.6 ^{BCD}	-332.7
2018	12	3,210.9 ± 189.2 ^{BCD}	-294.8
2019	13	3,547.9 ± 222.6 ^{ABC}	-118.8

¹ Valor de probabilidad = 0.0001

EE = Error estándar

^{A,B,C,D,F} Letras diferentes dentro de la misma columna indican diferencias significativas (p<0.01)

En número de lactancias, la edad a disposición o el último parto y la supervivencia a una edad fija se han incluido en las medidas de longevidad (Miglior *et al.*, 2017). Se ha demostrado que el cruzamiento mejora la longevidad del ganado lechero; sin embargo, se reconoce que el potencial de producción total de leche de la vaca se obtiene a la tercera o cuarta lactancia, suponiendo que es cuando la vaca puede ser más rentable; por lo tanto, a medida que la vaca envejece, los rasgos funcionales pueden deteriorarse, y en

muchos casos la vaca será sacrificada antes de que alcance su potencial de producción de leche (Clasen *et al.*, 2017).

La longevidad ha adquirido importancia como indicador global del bienestar animal. Los estudios indican que la longevidad es heredable, habiéndose incluido en las evaluaciones genéticas de rutina (De Mello *et al.*, 2014; Heise *et al.*, 2016). Hernández *et al.* (2011) plantearon que cuando las lactancias posteriores a la primera lactancia eran inclui-

das en la estimación del valor genético, se creaban más conexiones entre sementales permitiendo incrementar la exactitud de las evaluaciones.

Desempeño por Año de Inicio de Lactancia

Los mayores promedios por lactancia correspondieron a los años 2013 y 2006 con 3932.6 ± 303.9 y 3732.8 ± 184.4 , respectivamente. El mérito genético para el año de inicio de lactancia sigue las tendencias de los promedios de PL por año, las mismas que se vieron influenciadas por los cambios en el manejo y por los efectos climáticos de alta precipitación que se dan en la zona, lo cual no permite mantener un normal desenvolvimiento productivo, ya que los pastizales se ven afectados por los excesos de precipitación (Cuadro 5).

El mayor mérito genético se obtuvo en el año 2013 con +401.1 kg de PL. Se asume que al incrementar el número de animales trihíbridos aumentará la producción de leche, aprovechando el efecto de la heterosis.

CONCLUSIONES

- Los estimados de heredabilidad y repetibilidad para la producción de leche ajustada a 305 días (PL) son similares a los reportados en la literatura científica.
- Los efectos fijos de composición racial, número de lactancia y año de inicio de lactancia, mostraron fueron significativos para la PL, destacándose los cruces trihíbridos (1/2M-3/8J-1/8H, 1/2M-1/4J-1/4H y 1/2S-3/8J-1/8H) por efecto de la heterosis.
- Los animales con mayor número de lactancias tienen mayor mérito genético.

LITERATURA CITADA

1. **Andere CI, Rubio N, Rodríguez E, Aguilar I, Casanova D. 2017.** Análisis de consanguinidad de la población de bovinos holando inscritos en el sistema de control lechero oficial de la República Argentina. RIA 43: 92-97.
2. **Arango J, Echeverri IJ. 2014.** Asociación del valor genético del toro con caracteres productivos en vacas lecheras en Colombia. Arch Zootec 63: 227-237. doi: 10.4321/S0004-05922014000-200001
3. **Arcos CN, Lascano PJ, Guevara RV, Torres CS, Guevara GE. 2018.** Plano alimentario, días de lactancia y genotipos de vacas en pastoreo, como efectos en la producción de leche y cambios de peso vivo en sistemas lecheros del Trópico Alto en Ecuador. Rev Ecu Cienc Anim 2: 51-56.
4. **Boldman KG, Kriese LA, Van Vleck LD, Van Tassel CP, Kachman SD. 1995.** A manual for use of MTDFRELM. A set of program to obtain estimates of variances and covariances. Washington, DC: ARS, USDA.. 116 p.
5. **Cañas J, Cerón M, Corrales J. 2012.** Modelación y parámetros genéticos de curvas de lactancia en bovinos Holstein en Colombia. Rev MVZ Córdoba 17: 2998-3003.
6. **Chávez JI, Gavilánez MI. 2019.** Actividades económicas rentables para mejorar la productividad de la producción de leche en el Ecuador: Ecuador. [Internet]. Disponible en: <https://www.eumed.net/rev/oel/2019/03/produccion-leche-ecuador.html>
7. **Clasen JB, Norberg E, Madsen P, Pedersen J, Kargo M. 2017.** Estimation of genetics parameters and heterosis for longevity in crossbred Danish dairy cattle. J Dairy Sci 100: 6337-6342. doi: /10.3168/jds.2017-12627

8. **De Mello F, Kern EL, Bretas A. 2014.** Longevity in dairy cattle. *J Adv Dairy Res* 2(3). doi: 10.4172/2329-888X.-1000126
9. **Domínguez J, Rodríguez FA, Núñez R, Ramírez R, Ruiz A. 2014.** Parámetros genéticos y tendencias genéticas para características de comportamiento en ganaderías de lidia mexicanas. *Rev Mex Cienc Pecu* 5: 261-271.
10. **Frioni N. 2012.** Estimación de la heredabilidad del intervalo entre pastos y su correlación genética con producción de leche en ganado holando uruguayo. Tesis de Ingeniero Agrónomo. Montevideo, Uruguay: Universidad de la República. 73 p.
11. **Gebreyohannes G, Koonawootrittrton S, Elzo MA, Suwanosopee T. 2013.** Variance components and genetic parameters for milk production and lactation pattern in an Ethiopian multibreed dairy cattle population. *Asian Australas J Anim Sci* 26: 1237-1246. doi: 10.5713/ajas.2013.13040
12. **Groeneveld E, Kovač M, Mielenz N. 2008.** VCE v6.0. User's Guide and Reference Manual Version 6.0. Institute of Farm animal Genetics Friedrich. Neustadt, Germany. 125 p.
13. **Heise J, Liu Z, Stock K, Rensing S, Reinhardt F, Simianer, H. 2016.** The genetic structure of longevity in dairy cows. *J. Dairy Sci* 99: 1253-1265. doi: 10.3168/jds.2015-10163
14. **Hernández A, Ponce de León R, Guerra D, García SM. 2011.** Estimación de parámetros genéticos para la producción de leche en lactancias de vacas mambí de Cuba. *Arch Zootec* 60: 851-858.
15. **Hidalgo YN. 2019.** Tendencia genética y fenotípica de la producción de leche en un establo del valle de Huaura. Tesis de Maestría. Lima: Univ. Nacional Agraria La Molina. 140 p.
16. **Holstein Foundation. 2018.** Understanding genetics and the sire summaries. [Internet]. Available in: http://www.holsteinfoundation.org/pdf_doc/workbooks/Gen_Sire_WKBK.pdf
17. **[INEC]. Instituto Nacional de Estadísticas y Censo. 2020.** Encuesta de superficie y producción agropecuaria: Ecuador: 2019. [Internet]. Disponible en: <https://www.ecuadorencifras.gob.ec/estadisticas-agropecuarias-2/>
18. **Kumar M, Ratwan P, Kumar A. 2016.** Heterosis-genetic basis and utilization for improvement of dairy cattle: a review. *Res Rev J Dairy Sci Technol* 5: 40-50.
19. **Larrea CO, Vera, LE, Cedeño J, Maingón R, Zambrano L, Condo L. 2018.** Diferencia esperada de progenie para peso al destete en selección de vaquillas mestizas en Manabí. *Revista MVZ Córdoba* 24: 7193-7197. doi: <https://doi.org/10.21897/rmvz.1292>
20. **Lascano PJ, Arcos CN, Guevara RV, Torres CS, Guevara CE, Serpa VG, Curbelo LM, Pedraza RM. 2017.** Respuesta productiva de vacas lecheras neozelandesas sometidas a pastoreo rotacional en el trópico alto del norte de Ecuador. *Maskana Prod Anim* 2: 153-155.
21. **Madalena FE. 2001.** Consideraciones sobre modelos para la predicción del desempeño de cruzamientos bovinos. *Arch Latinoam Prod Anim* 9: 108-117.
22. **Magaña F, Núñez R, Ramírez R, Rodríguez F. 2013.** Conectividad en evaluaciones genéticas de animales: 2. Comparación de metodologías. *Agrociencia* 47: 781-794.
23. **[MAGAP] Ministerio de Agricultura y Ganadería. 2018.** Reporte mensual de precios de leche cruda adquirida por las industrias lácteas en cumplimiento al Acuerdo Ministerial No. 394. Ecuador. [Internet]. Disponible en: <https://www.agricultura.gob.ec/magap-socializa-acuerdo-394-sobre-la-calidad-y-normativa-de-la-leche/>
24. **Martínez CA, Manrique PC, Elzo MA. 2012.** La evaluación genética de vacunos: una percepción histórica. *Rev Colomb Cienc Pecu* 25: 293-311.
25. **Martínez JC, Castillo SP, Villalobos A, Lucero FA, Parra GM. 2017.** Evaluaciones genéticas: caso razas cebuínas. *Ciencia Agropec* 27: 68-86.

26. **Meza E, Raymondi J, Cisneros S. 2017.** Evaluación genética de un plantel de cuyes reproductores de genotipo Perú. *Rev Inv Vet Perú* 28: 293-298. doi: 10.15381/riivep.v28i2.13067
27. **Miglior F, Fleming A, Malchiodi F, Brito L, Martín P, Baes C. 2017.** A 100-year review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *J Dairy Sci.* 100: 10251-102071. doi: 10.3168/jds.2017-12968
28. **Muñoz, R. Gonzáles, C. 2016.** Guía práctica de evaluación genética animal con virtual BLUP. [Internet]. Disponible en: <http://www.virtualblup.cl/archivos/Gu%C3%ADa%20Pr%C3%A1ctica%20de%20Evaluaci%C3%B3n%20Gen%C3%A9tica%20Animal%20con%20VirtualBlup.pdf>
29. **Okeke RO, Onotu SI, Olufemi OT, Abbaya HY, Ugwu L, Nuhu M, Akinsola OM. 2019.** Genetic parameter estimates for milk yield, udder and body conformation traits of jersey cattle in the New Derived Guinea Savannah zone of Nigeria. *Am J Exp Agric* 29: 1-5. doi: 10.9734/JEAI/2019/42044
30. **Quijano JH, Montoya C. 1998.** El modelo animal y su comparación con otras ayudas de selección, para producción de leche. *Rev Fac Nal Agr* 51: 51-64.
31. **Quinteros R, Marini, PR. 2017.** Evaluación productiva y reproductiva de cuatro genotipos lecheros en pastoreo libre en la amazonia ecuatoriana. *Rev Vet* 28: 9-13.
32. **Ríos A, Calderón RC, Galavíz JR, Vega VE, Lagunes J. 2012.** Análisis genético de la producción láctea de vacas Holstein y pardo suizo en pastoreo intensivo en condiciones subtropicales. *Rev Cient FCV-LUZ* 22: 545-552.
33. **Román SI. 2006.** Estimación de los componentes de varianza y covarianza en una población multirracial de ganado bovino dentro de un sistema de doble propósito en el trópico mexicano. Tesis de Maestría. México DF: Univ. Nacional Autónoma de México. 98 p.
34. **Román SI, Ruiz FJ, Montaldo HH, Rizzi R, Román H. 2013.** Efectos de cruzamiento para producción de leche y características de crecimiento en bovinos de doble propósito en el trópico húmedo. *Rev Mex Cienc Pecu* 4: 405-416.
35. **Salem MM, Hammoud MH. 2016.** Estimates of heritability, repeatability and breeding value of some performance traits of Holstein cows in Egypt using repeatability animal model. *Egyptian J Anim Prod* 53: 147-152. doi: 10.21608/ejap.2016.93299
36. **Salinas JL. 2016.** Oferta y valoración genética en leche y carne de semen bovino importado y nacional en el Perú. Tesis de Ingeniero Zootecnista. Lima, Perú: Univ. Nacional Agraria La Molina. 129 p.
37. **SAS. 2013.** SAS® v9.4 User's Guide. SAS Inst., Inc., Cary, NC.
38. **Toalombo PA, Almeida FA, Díaz H, Trujillo JV. 2019.** Estudio de las correlaciones entre valores genéticos de producción-reproducción y tipo de los toros Jersey en Ecuador. *Arch Zootec* 68: 588-593.
39. **Toledo HO, Ruiz JF, Vásquez CG, Berruecos JM, Elzo M. 2014.** Parámetros genéticos para producción de leche de ganado Holstein en dos modalidades de control de producción. *Rev Mex Cienc Pecu* 5: 443-457.
40. **Valencia M. 2003.** Obtención del valor genético predicho en animales incluyendo el efecto del medio ambiente permanente. *Acta Universitaria* 13: 47-56.
41. **Vargas O, Lasso S, Gaitán J, Corrales J. 2016.** Modelación de curvas de lactancia para producción de leche por parto en vacas Holstein en Boyacá, Colombia. *ANZOO* 2: 13-20.
42. **Zambrano JC, Rincón JC, Echeverri IJ. 2014.** Parámetros genéticos para caracteres productivos y reproductivos en Holstein y Jersey colombiano. *Arch Zootec* 63: 495-506.