



Revisión [Review]

INVESTIGACIÓN ASOCIADA CON LAS EVALUACIONES GENÉTICAS DE BOVINOS PRODUCTORES DE LECHE EN MÉXICO[†]
[RESEARCH ASSOCIATED WITH GENETIC EVALUATIONS OF DAIRY CATTLE IN MEXICO]
Neon Larios-Sarabia, Rodolfo Ramírez-Valverde*, Rafael Núñez-Domínguez and José Guadalupe García-Muñiz

*Posgrado en Producción Animal, Universidad Autónoma Chapingo
Km 38.5 carretera México-Texcoco, Chapingo, México 56230. E mail:
rodolfov@correo.chapingo.mx*

** Corresponding author*

RESUMEN

El objetivo de la presente revisión es proveer un panorama general de los principales resultados de las investigaciones asociadas con las evaluaciones genéticas de poblaciones de bovinos productores de leche en México, con el fin de identificar el trabajo científico realizado y las áreas de oportunidad en investigación futura. Se revisaron artículos publicados en revistas científicas para los 20 años más recientes (1997-2017). Los temas de estudio están relacionados con: efecto de factores ambientales, estimación de parámetros y tendencias genéticas, metodologías para realizar evaluaciones genéticas, flujo de material genético e interacción genotipo por ambiente, y estudios asociados con genética molecular. La estimación de parámetros genéticos ha sido extensamente documentada para producción de leche, con estimadores de suficiente magnitud para su uso en el diseño e implementación de programas de mejoramiento genético. Aunque se tienen avances en la publicación de estudios relacionados con las evaluaciones genéticas, aún se requiere mejorar aspectos elementales en relación con la generación de bases de datos más completas y confiables, y con el uso de los valores genéticos predichos en programas nacionales de mejoramiento genético animal. Se requiere documentar el estudio de metodologías más precisas de evaluación genética, especialmente para poblaciones y características poco estudiadas.

Palabras clave: Interacción genotipo por ambiente; parámetros genéticos; tendencias genéticas; valor genético.

SUMMARY

The objective of this review is to provide an outlook of the main findings of the research associated with genetic evaluations of dairy cattle populations in Mexico, and to identify the work performed by researchers and opportunity areas for future research. The review included papers published in scientific journals for the last 20 years (1997-2017). The study topics are related with: effect of environmental factors, estimation of genetic parameters and genetic trends, flow of genetic material and genotype by environment interaction, and studies associated with molecular genetics. The estimation of genetic parameters has been extensively studied for milk yield, with estimators of sufficient magnitude to design and implement genetic improvement programs. Even though there is progress in the publication of studies related with genetic evaluations, the improvement of basic issues related with more complete and reliable databases, and with the use of predicted genetic values in national animal breeding programs is needed. It is required to document the study of more accurate methodologies of genetic evaluation, especially for populations and traits less studied.

Keywords: Genotype by environment interaction; genetic parameters; genetic trends; breeding value.

INTRODUCCIÓN

Las evaluaciones genéticas (EG) son el proceso por el cual se estima el valor genético (VG) de los animales, lo que implica la partición del comportamiento observado en varios efectos, de acuerdo con un modelo que incluye los principales factores genéticos y ambientales. Las predicciones para los VG se obtienen mediante ecuaciones de modelos mixtos, para las cuales se requiere de datos de pedigrí, información de

los efectos no genéticos y registros de comportamiento de los animales (Garrick y Golden, 2009).

Las primeras EG para poblaciones mexicanas de bovinos lecheros se realizaron en la raza Holstein a partir de 1976, mediante un convenio de colaboración entre el Departamento de Agricultura de EE. UU. y la Asociación Holstein de México; después, con recursos e infraestructura mexicanos se realizó (1999) la primera EG en México (Valencia *et al.*, 1999). Periódicamente se realizan EG nacionales para las

[†] Submitted April 17, 2018 – Accepted April 30, 2019. This work is licensed under a CC-BY 4.0 International License.
ISSN: 1870-0462

razas lecheras Holstein (HO), Jersey (JE), Suizo Americano (SE) y Criollo Lechero Tropical (CT), y de doble propósito Suiz-Bú (SB), Taurindicus (TA) y Holando Cebú (HC) (CONARGEN, 2016). Las instituciones responsables de las EG para las diversas poblaciones son: Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP; HO, TA y HC), Universidad Autónoma Chapingo (UACH; JE y SA), Colegio de Postgraduados (CP; CT) y Universidad Autónoma de Tamaulipas (UAT; SB). INTERBULL (2001) recomienda realizar EG al menos anualmente, aunque su publicación ha sido intermitente en la mayoría de las poblaciones mexicanas.

La implementación de las EG en México ha requerido del esfuerzo conjunto entre asociaciones de criadores, sectores gubernamentales e instituciones de investigación. En este sentido, la investigación en México ha sido fundamental para la consolidación práctica de las EG. La información generada en estas investigaciones es importante para soportar técnicamente las EG de bovinos y es el marco de referencia necesario para definir estrategias de mejoramiento genético en el país. El objetivo de la presente revisión es proveer un panorama general de los principales resultados de las investigaciones asociadas con las evaluaciones genéticas de poblaciones de bovinos productores de leche en México, con el fin de identificar el trabajo realizado y las áreas de oportunidad en investigación futura.

METODOLOGÍA

Se revisaron artículos científicos relacionados directa o indirectamente con la información para generar EG de poblaciones bovinas productoras de leche en México, particularmente los artículos publicados en revistas científicas para los 20 años más recientes (1997-2017), comprendiendo 46 artículos relacionados con bovinos lecheros y de doble propósito.

Para la caracterización de las publicaciones, los artículos se sistematizaron en una base de datos y se registró la información por tema, raza y característica estudiada. Los resultados de las publicaciones se concentraron en diferentes bases de datos de acuerdo con los temas de estudio reportados. La clasificación de los artículos por tema de estudio consideraron las categorías: efecto de factores ambientales, estimación de parámetros y tendencias genéticas, metodologías para realizar evaluaciones genéticas, flujo de material genético e interacción genotipo por ambiente, y estudios asociados con genética molecular.

Caracterización de las publicaciones

Los artículos consultados sobre temas asociados con las evaluaciones genéticas de bovinos productores de

leche han sido publicados principalmente en la Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias-Técnica Pecuaria en México (20%), Journal of Dairy Science (13%), Veterinaria México (11%), Agrociencia (9%), y los restantes (47%) en 14 revistas del extranjero y 3 nacionales. Los estudios han considerado principalmente las poblaciones HO (57%), SA (15%) y JE (11%), utilizando información tanto de hatos de registro (65%) como comerciales (26%). Dichos estudios se han enfocado principalmente en la estimación de parámetros genéticos (37%), el desarrollo de metodologías para EG (24%) y la estimación de interacción genotipo por ambiente (22%). Las características más estudiadas están relacionadas con producción de leche (PL; 61%) y en menor frecuencia con fertilidad, conformación y calidad de leche. Los investigadores con mayor cantidad de contribuciones están adscritos a: INIFAP; Universidad Nacional Autónoma de México; UACH; y Universidad de Guanajuato. De acuerdo con Ramírez-Valverde *et al.* (2014a), en los últimos años el número de especialistas en mejoramiento genético animal ha aumentado considerablemente en el país y actualmente existen instituciones con cuadros técnicos capacitados para la planeación, ejecución y seguimiento de programas y líneas de investigación en esta área del conocimiento.

Efecto de factores ambientales

En México, la selección de ganado está centrada en identificar los mejores animales por sus características fenotípicas externas (Hernández-Hernández *et al.*, 2016a). Ramírez-Valverde *et al.* (2016) determinaron la asociación entre la jerarquización de animales con base en el fenotipo y sus VG para PL, en animales SA de México. La jerarquización de animales usando los resultados de juzgamiento en pista y las evaluaciones genéticas estuvo asociada pero en baja magnitud (0.17), concluyendo que la selección de animales con base en su juzgamiento en pista sólo puede usarse como herramienta complementaria a la evaluación genética. Lo anterior evidencia la ventaja de realizar evaluaciones genéticas, ya que en las evaluaciones visuales se tienen ocultos efectos ambientales diferentes entre animales.

Para realizar EG, los primeros pasos consisten en remover o minimizar la variación debida a factores ambientales. Para remover la variación ambiental se recomienda incluir en el modelo de evaluación los principales efectos asociados o utilizar factores de ajuste (FA). INTERBULL (2001) recomienda usar FA para efectos que necesiten ajustes multiplicativos, y los que requieran ajustes aditivos deberán incluirse en el modelo. En las EG de bovinos lecheros en México, se realizan ajustes para producción de leche, grasa y proteína a 305 d, con excepción de la raza SA, la cual se ajusta a 210 d (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b;

2016); mientras que algunas publicaciones reportan ajustes por equivalente maduro y número de ordeños (Valencia *et al.*, 2008a; Ramírez-Valverde *et al.*, 2010; 2014b; Toledo *et al.* 2014a). INTERBULL (2001) sugiere que los FA se actualicen al menos cada generación. Al respecto, Valencia *et al.* (2000) actualizaron los FA en HO para edad y mes de parto, y encontraron diferencias significativas en PL usando los FA calculados en comparación con los usados rutinariamente en las EG. Los autores indicaron que en la medida en que los sistemas de manejo cambien y se incrementen los niveles de producción, se requerirá modificar los FA a utilizar.

En el proceso de generación de las EG, es necesario hacer análisis estadísticos preliminares, con el fin de determinar los efectos fijos relevantes, y así seleccionar el modelo más apropiado para predecir con mayor precisión los VG de la característica de interés (Ríos-Utrera *et al.*, 2012). En general, los principales factores ambientales ($p < 0.05$) para las características relacionadas con PL, han sido hato, año, y época de parto (Hernández-Reyes *et al.*, 2001; Palacios-Espinosa *et al.*, 2001; Parra-Bracamonte *et al.*, 2005), mismos que se han usado para conformar los grupos contemporáneos (GC). En condiciones tropicales, Hernández-Hernández *et al.* (2016b) estimaron que el número de lactancia, el año y la época de parto fueron efectos fijos importantes en PL por lactancia de ganado SB. El ajuste por edad de la vaca se ha incluido como covariable y en algunas ocasiones se ha considerado el número de parto como clase (López-Ordaz *et al.*, 2009; Santellano-Estrada *et al.*, 2011; Toledo *et al.*, 2014a). Para época del año, en algunos estudios la PL se ajustó por edad de la vaca-mes de parto (Cienfuegos-Rivas *et al.*, 1999; Valencia *et al.*, 1999; Valencia *et al.*, 2004a). Otros factores incluidos como efectos fijos han sido tipo (manual o mecánico) o número de ordeños (Montaldo *et al.*, 2010; Toledo *et al.*, 2014a).

En características diferentes a las relacionadas con PL se han utilizado otros efectos ambientales importantes; por ejemplo, en la evaluación de características relacionadas con la conformación de los animales se ha incluido la etapa de la lactancia y la ronda de calificación (Pérez y Ruiz, 1998; Moro y Ruiz, 1999; Valencia *et al.*, 2008a); en variables de longevidad, se ha incluido PL como covariable (Valencia *et al.*, 2004b; Valencia *et al.*, 2008a); en variables de fertilidad, como intervalo entre partos (IEP) y edad al primer parto (EPP) se ha considerado la covariable edad de la vaca al parto (Montaldo *et al.*, 2010; Ríos *et al.*, 2010).

La definición de GC ha sido importante para ajustar varios factores ambientales de forma simultánea. El modelo para las EG requiere que los GC estén conectados en forma apropiada, para evitar cuantificar como diferencias ambientales a las diferencias

genéticas entre GC (Tarrés *et al.*, 2010). Por tanto, es importante evaluar la conectividad de los datos entre GC, la cual es favorecida con el uso generalizado de inseminación artificial. Magaña-Valencia *et al.* (2013) determinaron que el método más apropiado para determinar conectividad en EG de bovinos es el número de lazos genéticos directos totales debido a sementales y hembras comunes. En los estudios revisados, los pocos que indicaron el análisis de conectividad (Ramírez-Valverde *et al.*, 2010; Ruíz-Flores *et al.*, 2011) emplearon el programa AMC (Roso y Schenkel, 2006), el cual considera el total de lazos genéticos en función del número y tipo de relaciones de parentesco entre animales en diferentes GC.

Aunque muchos de los estudios de investigación relacionados con los resultados de las EG han considerado los principales efectos ambientales, se requiere mejorar aspectos elementales en relación con la generación de bases de datos más completas y confiables.

Metodologías para realizar evaluaciones genéticas

En México se han estudiado diversos modelos para mejorar las predicciones de los VG, como son: inclusión de diferentes efectos fijos o aleatorios, uso de modelos uni- o multivariados y uso de modelos del día de prueba o regresión aleatoria. Los programas más utilizados para realizar EG han sido MTDFREML (Valencia *et al.*, 2008a; Ramírez-Valverde *et al.*, 2010; Ríos-Utrera *et al.*, 2012), ASREML (López-Ordaz *et al.*, 2009; Montaldo *et al.*, 2010; Toledo *et al.*, 2014) y AIREML (Santellano-Estrada *et al.*, 2011).

Aunque la selección del mejor modelo depende de cada característica a evaluar, los estudios muestran que para características relacionadas con PL, además de los efectos aditivos directos, la mayoría (las que incluyen varias lactancias) incluyen al ambiente permanente materno. Otro efecto aleatorio algunas veces incluido en el análisis de PL, es el grupo genético (padres desconocidos) (Valencia *et al.*, 1999). Ruíz-Flores *et al.* (2011) modelaron la inclusión de la covariable del coeficiente de consanguinidad de los animales para las EG de JE y SE; sin embargo, el efecto no fue importante en PL por lactancia, concluyendo que los niveles de consanguinidad no fueron suficientemente grandes para considerar su inclusión en los modelos rutinarios de EG.

El uso de modelos univariados ha sido común y en pocos casos se han utilizado modelos multivariados. Para características relacionadas con PL, López-Ordaz *et al.* (2009) compararon modelos univariados y multivariados, obteniendo estimadores de parámetros genéticos similares con ambas metodologías.

Los modelos de regresión aleatoria en México han sido explorados para PL en CT (Santellano-Estrada *et al.*, 2008; Santellano-Estrada *et al.*, 2011). Estos modelos permiten analizar datos longitudinales, tomados en cualquier longitud de intervalos de tiempo, por lo que son de utilidad cuando los registros son escasos, como en sistemas de producción con bovinos lecheros tropicales (Santellano-Estrada *et al.*, 2008).

Aunque en varias publicaciones se muestran algunas variantes de modelación para atender casos específicos de las poblaciones e información disponible, es notorio que la investigación ha sido realizada en las principales razas de bovinos lecheros con EG; sin embargo, se requiere documentar el trabajo que se realiza en razas sintéticas (SB, TA y HC). Asimismo, para algunas poblaciones se requiere probar metodologías más precisas para la EG de PL, como el uso de la metodología del día de prueba.

Estimación de parámetros genéticos

La estimación de parámetros genéticos es importante, ya que son indispensables para el diseño e implementación de programas de mejoramiento genético, así como para evaluar el progreso genético de programas en marcha (Ríos *et al.*, 2007). En México existen varios estudios que han estimado parámetros genéticos en diversas poblaciones bovinas, principalmente en hatos de registro y para características relacionadas con PL.

Los estimadores de repetibilidad (r_e) y heredabilidad (h^2) para PL en poblaciones bovinas lecheras de México se muestran en la Tabla 1. Las estimaciones correspondieron a HO, JE, SA y CT; los estimadores de r_e y h^2 en PL (PL en 305 d, total y diaria) han fluctuado entre 0.23 y 0.46 (promedio 0.37) y entre 0.11 y 0.34 (promedio 0.22), respectivamente.

Tabla 1. Repetibilidades (r_e) y heredabilidades (h^2) estimadas para producción de leche de poblaciones bovinas productoras de leche en México.

Característica / Fuente / Clase	TH ¹	Raza ²	NR (hatos) ³	r_e	h^2
<i>Producción de leche por lactancia ajustada a 305 d</i>					
Valencia <i>et al.</i> , 1999					
Lactancia 1	R	HO	80,486 (269)	-	0.29
Palacios-Espinosa <i>et al.</i> , 2001	C	HO	2,618 (1)	-	0.26 ± 0.09
Valencia <i>et al.</i> , 2004a					
Centro	R	HO	51,468	0.43	0.23 ± 0.01
Norte	R	HO	13,420	0.46	0.31 ± 0.02
Sur	R	HO	21,924	0.40	0.18 ± 0.02
Valencia <i>et al.</i> , 2004b					
Lactancia 1	R	HO	47,609 (142)	-	0.25 ± 0.01
Valencia <i>et al.</i> , 2008a	R	HO	7,044 (72)	-	0.13 ± 0.03
López-Ordaz <i>et al.</i> , 2009	C	HO	1,568 (1)	0.33	0.28 ± 0.09
Montaldo <i>et al.</i> , 2010					
Lactancia 1	R	HO	13,201 (69)	-	0.17 ± 0.02
Lactancia 2	R	HO	10,761 (69)	-	0.19 ± 0.02
Lactancia 3	R	HO	6,800 (69)	-	0.12 ± 0.03
Ramírez-Valverde <i>et al.</i> , 2010					
Confinamiento	R	JE	3,341 (7)	0.40	0.27 ± 0.03
Pastoreo	R	JE	1,781 (6)	0.23	0.15 ± 0.03
Ruíz-Flores <i>et al.</i> , 2011 ⁴	R	SA	4,626	0.31	0.11
Ruíz-Flores <i>et al.</i> , 2011	R	JE	5,119	0.37	0.23
Santellano-Estrada <i>et al.</i> , 2011	R	CT	602 (4)	0.43 ± 0.07	0.24 ± 0.04
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012 ⁴	E	HO, SA	1,229 (1)	0.40	0.28 ± 0.08
Toledo <i>et al.</i> , 2014a	R, C	HO	163,885 (155)	0.39 ± 0.00	0.34 ± 0.01
Toledo <i>et al.</i> , 2014a					
Lactancia 1	R, C	HO	163,885 (155)	-	0.26 ± 0.01
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	92,981	0.35 ± 0.01	0.18 ± 0.01
<i>Producción de leche total por lactancia</i>					
Toledo <i>et al.</i> , 2014a	R, C	HO	163,885 (155)	0.33 ± 0.00	0.17 ± 0.01
<i>Producción de leche diaria</i>					
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012	E	HO, SA	1,227 (1)	0.40	0.29 ± 0.08

¹ TH = tipo de hato: de registro (R), comercial (C) y experimental (E). ² HO = Holstein, JE = Jersey, SA = Suizo Americano, CT = Criollo Lechero Tropical. ³ NR (hatos) = número de registros de comportamiento (número de hatos).

⁴ Producción de leche ajustada a 210 d de lactancia.

La investigación en variables relacionadas con la curva de lactancia ha sido escasa (Tabla 2) y con estimadores de r_e y h^2 , en general, ligeramente menores que los obtenidos para PL. Para largo de lactancia, producción al pico, días al pico y persistencia de la lactancia, se han obtenido estimadores de r_e y h^2 entre 0.11 y 0.28 (López-Ordaz *et al.*, 2009; Ríos-Utrera *et al.*, 2012). Usando un modelo de regresión aleatoria en CT, Santellano-Estrada *et al.* (2011) publicaron estimadores de r_e y h^2 para PL que variaron a lo largo de la lactancia entre 0.35 y 0.62, y entre 0.18 y 0.45, respectivamente; estos valores fueron mayores que los reportados para otros bovinos criollos en condiciones tropicales, lo que fue atribuido a la mejor estimación de las varianzas con la metodología de regresión aleatoria. Los resultados obtenidos son alentadores para explorar la posibilidad de modificar la forma de la lactancia de bovinos lecheros mexicanos.

Para producción de componentes de leche (grasa y proteína), sólo se han publicado estimaciones en hatos de registro HO y JE (Tabla 2). Los valores en estimadores de r_e han sido escasos y variables; sin embargo, en promedio han sido 0.32 y 0.29 para la producción de grasa y proteína, y de 0.42 y 0.37 para el porcentaje de grasa y proteína. Los estimadores de h^2 han fluctuado entre 0.11 y 0.23 para la producción de grasa y proteína (promedios de 0.17 y 0.21, respectivamente); mientras que para el porcentaje de grasa y proteína han variado entre 0.15 y 0.49 (promedios de 0.31 y 0.37, respectivamente). En general, los valores de ambos parámetros genéticos han sido mayores en HO que en JE y mayores en porcentajes que en producción, lo que sugiere el mayor énfasis de selección para producción que para componentes *per se* en esas poblaciones.

Tabla 2. Repetibilidades (r_e) y heredabilidades (h^2) estimadas para características relacionadas (curva de la lactancia y calidad de la leche) con la producción de leche en poblaciones bovinas productoras de leche en México.

Característica / Fuente / Clase	TH ¹	Raza ²	NR (hatos) ³	r_e	h^2
<i>Largo de la lactancia</i>					
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012	E	HO, SA	1,229 (1)	0.11	0.11 ± 0.05
<i>Producción diaria de leche al pico de la lactancia</i>					
López-Ordaz <i>et al.</i> , 2009	C	HO	1,568 (1)	0.24	0.28 ± 0.09
<i>Días al pico de la lactancia</i>					
López-Ordaz <i>et al.</i> , 2009	C	HO	1,568 (1)	-	0.17 ± 0.10
<i>Persistencia de la lactancia</i>					
López-Ordaz <i>et al.</i> , 2009	C	HO	1,568 (1)	0.15	0.12 ± 0.08
<i>Producción de leche a lo largo de la lactancia</i>					
Santellano-Estrada <i>et al.</i> , 2011	R	CT	602 (4)	0.35 - 0.62	0.18 - 0.30
<i>Producción de grasa en leche</i>					
Montaldo <i>et al.</i> , 2010					
Lactancia 1	R	HO	13,201 (69)	-	0.18 ± 0.02
Lactancia 2	R	HO	10,761 (69)	-	0.23 ± 0.02
Lactancia 3	R	HO	6,800 (69)	-	0.13 ± 0.03
Ruíz-Flores <i>et al.</i> , 2011	R	JE	5,119	0.24	0.12
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	92,981	0.39 ± 0.01	0.20 ± 0.01
<i>Producción de proteína en leche</i>					
Montaldo <i>et al.</i> , 2010					
Lactancia 1	R	HO	13,201 (69)	-	0.18 ± 0.02
Lactancia 2	R	HO	10,761 (69)	-	0.23 ± 0.02
Lactancia 3	R	HO	6,800 (69)	-	0.13 ± 0.03
Ruíz-Flores <i>et al.</i> , 2011	R	JE	5,119	0.20	0.11
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	92,981	0.38 ± 0.01	0.19 ± 0.01
<i>Porcentaje de grasa en leche</i>					
Ruíz-Flores <i>et al.</i> , 2011	R	JE	5,119	0.22	0.15
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	92,981	0.61 ± 0.00	0.46 ± 0.01
<i>Porcentaje de proteína en leche</i>					
Ruíz-Flores <i>et al.</i> , 2011	R	JE	5,119	0.24	0.24
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	92,981	0.59 ± 0.00	0.49 ± 0.01

¹ TH = tipo de hato: de registro (R), comercial (C) y experimental (E). ² HO = Holstein, JE = Jersey, SA = Suizo Americano. ³ NR (hatos) = número de registros de comportamiento (número de hatos).

En general, las características relacionadas con PL presentan valores razonablemente altos de r_e y posibilidades para utilizarse en el cálculo de la capacidad probable de producción para siguientes lactancias. Además, algunos autores (López-Ordaz *et al.*, 2009; Ríos-Utrera *et al.*, 2012; Toledo *et al.*, 2014a) indican que en poblaciones de bovinos lecheros mexicanos existe suficiente variación genética (h^2) para mejorar la producción y composición de leche mediante selección de animales sobresalientes.

Las características reproductivas han presentado valores bajos de r_e (0.03-0.19) y h^2 (0.00-0.013) en los diferentes estudios con poblaciones bovinas mexicanas (Tabla 3). Las características más estudiadas han sido IEP, días abiertos y días al primer servicio; los

promedios respectivos de r_e han sido 0.14, 0.15 y 0.11, mientras que los promedios de las h^2 han sido 0.03, 0.06 y 0.02. Los resultados anteriores muestran que para fertilidad se esperarían respuestas directas pequeñas a la selección (Estrada-León *et al.*, 2008; Montaldo *et al.*, 2010). Sin embargo, la importancia biológica y económica de este tipo de características hace que su mejoramiento por selección sea recomendable. En algunas características que combinan aspectos productivos y reproductivos (EPP y PL diaria por IEP), se han estimado h^2 de baja a moderada magnitud (0.06-0.32), por lo que algunos autores (Estrada-León *et al.*, 2008; Montaldo *et al.*, 2010) sugieren que se podrían esperar respuestas favorables a la selección en esas poblaciones.

Tabla 3. Repetibilidades (r_e) y heredabilidades (h^2) estimadas para características reproductivas en poblaciones bovinas productoras de leche en México.

Característica / Fuente / Clase	TH ¹	Raza ²	NR (hatos) ³	r_e	h^2
<i>Intervalo entre partos</i>					
Estrada-León <i>et al.</i> , 2008	C	SA	1,391 (1)	0.18 ± 0.09	0.11 ± 0.04
Montaldo <i>et al.</i> , 2010					
Lactancia 1	R	HO	6,524 (69)	-	0.01 ± 0.02
Lactancia 2	R	HO	4,501 (69)	-	0.02 ± 0.02
Lactancia 3	R	HO	2,576 (69)	-	0.01 ± 0.05
Ríos <i>et al.</i> , 2010	E	SA	399 (1)	0.12	0.03 ± 0.07
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	55,477	0.12 ± 0.01	0.03 ± 0.01
<i>Días abiertos</i>					
Estrada-León <i>et al.</i> , 2008	C	SA	1,235 (1)	0.19 ± 0.08	0.05 ± 0.03
López-Ordaz <i>et al.</i> , 2009	C	HO	1,568 (1)	0.12	0.13 ± 0.09
Ríos <i>et al.</i> , 2010	E	SA	495 (1)	0.14	0.00 ± 0.03
<i>Días al primer servicio</i>					
Estrada-León <i>et al.</i> , 2008	C	SA	1,479 (1)	0.07 ± 0.06	0.04 ± 0.03
Ríos <i>et al.</i> , 2010	E	SA	556 (1)	0.15	0.00 ± 0.05
<i>Días al primer calor</i>					
Ríos <i>et al.</i> , 2010	E	SA	561 (1)	0.16	0.02 ± 0.06
<i>Servicios por concepción</i>					
Estrada-León <i>et al.</i> , 2008	C	SA	1,174 (1)	0.07 ± 0.07	0.04 ± 0.03
<i>Tasa de concepción al primer servicio</i>					
Ríos <i>et al.</i> , 2010	E	SA	561 (1)	0.03	0.03 ± 0.03
<i>Edad al primer parto</i>					
Estrada-León <i>et al.</i> , 2008	C	SA	358 (1)	-	0.28 ± 0.08
Montaldo <i>et al.</i> , 2010	R	HO	13,201	-	0.28 ± 0.03
Montaldo <i>et al.</i> , 2017	R	HO	42,131	-	0.06 ± 0.01
<i>Largo de gestación</i>					
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012	E	HO, SA	843 (1)	0.08	0.08 ± 0.06
<i>Producción de leche diaria por intervalo entre partos</i>					
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012	E	HO, SA	929 (1)	0.32	0.32 ± 0.08

¹ TH = tipo de hatos: de registro (R), comercial (C) y experimental (E). ² HO = Holstein, SA = Suizo Americano. ³ NR (hatos) = número de registros de comportamiento (número de hatos).

Las características relacionadas con la conformación de los animales sólo han sido estudiadas en HO de registro, con estimadores de h^2 que han variado entre 0.05 y 0.31 (Tabla 4). Los mayores valores ($h^2 \geq 0.20$) han sido reportados para estatura, inserción de la ubre anterior, posición de tetas anteriores y profundidad de cuerpo, mientras que los menores valores han sido los relacionados con el sistema mamario; la característica de puntos finales ha presentado valores intermedios (0.13-0.18). Algunas características funcionales

también han sido estudiadas en bovinos lecheros de México (Tabla 5). Los estimadores de h^2 para eficiencia productiva y peso de la vaca al parto han sido de mediana magnitud (0.30-0.34), mientras que los de cuenta de células somáticas (CCS) y los relacionados con vida productiva de las vacas han sido de baja magnitud (0.10-0.11 y 0.00-0.12, respectivamente).

Tabla 4. Heredabilidades (h^2) estimadas para características de conformación en poblaciones de bovinos lecheros Holstein de registro en México.

Característica	Fuente	NR (hatos) ³	h^2
Estatura	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.31 ± 0.05
Profundidad de cuerpo	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.20 ± 0.04
Punta del anca	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.18 ± 0.04
Anchura del anca	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.14 ± 0.04
Ángulo de pezuñas	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.09 ± 0.03
Aplomos	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.11 ± 0.03
Calidad del hueso	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.07 ± 0.03
Inserción de ubre anterior	Pérez y Ruiz, 1998	2083 (46)	0.16
Inserción de ubre anterior	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.22 ± 0.04
Posición de tetas anteriores	Pérez y Ruiz, 1998	2083 (46)	0.13
Posición de tetas anteriores	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.20 ± 0.04
Ligamento medio suspensorio	Pérez y Ruiz, 1998	2083 (46)	0.12
Ligamento medio suspensorio	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.09 ± 0.03
Profundidad de ubre	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.06 ± 0.03
Textura de ubre	Pérez y Ruiz, 1998	2083 (46)	0.05
Puntos finales	Pérez y Ruiz, 1998	2083 (46)	0.13
Puntos finales	Valencia <i>et al.</i> , 2008a	7,044 (72)	0.18 ± 0.04

¹ NR (hatos) = número de registros de comportamiento (número de hatos).

Tabla 5. Repetibilidades (r_e) y heredabilidades (h^2) estimadas para características funcionales en poblaciones bovinas productoras de leche en México.

Característica / Fuente / Clase	TH ¹	Raza ²	NR (hatos) ³	r_e	h^2
<i>Cuenta de células somáticas</i>					
Montaldo <i>et al.</i> , 2010					
Lactancia 1	R	HO	6,524 (69)	-	0.10 ± 0.02
Lactancia 2	R	HO	4,501 (69)	-	0.11 ± 0.02
Lactancia 3	R	HO	2,576 (69)	-	0.11 ± 0.03
<i>Habilidad de permanencia a los 48 meses de edad</i>					
Valencia <i>et al.</i> , 2004b	R	HO	47,609 (142)	-	0.03 ± 0.01
Valencia <i>et al.</i> , 2008a	R	HO	7,044 (72)	-	0.00 ± 0.02
<i>Eficiencia productiva⁴</i>					
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012	E	HO, SA	890 (1)	0.34	0.34 ± 0.08
<i>Peso de la vaca al parto</i>					
Ríos-Utrera <i>et al.</i> , 2012	E	HO, SA	1,164 (1)	0.49	0.30 ± 0.08
<i>Duración de vida productiva funcional (DVPF)⁵</i>					
Valencia <i>et al.</i> , 2004b	R	HO	47,609 (142)	-	0.04 ± 0.01
Abadía <i>et al.</i> , 2016	R	HO	36,507	-	0.12

¹ TH = tipo de hato: de registro (R), comercial (C) y experimental (E). ² HO = Holstein, SA = Suizo Americano. ³ NR (hatos) = número de registros de comportamiento (número de hatos). ⁴ Eficiencia productiva (*Producción de leche diaria por intervalo entre partos* × 365) / (*peso de la vaca al parto*)^{0.75}. ⁵ DVPF (días entre la fecha de primer parto y la fecha de desecho o censura).

Los estudios realizados en correlaciones genéticas (r_g), principalmente para características de conformación en HO, muestran diferentes grados de asociación entre características. Las características que han presentado las mayores r_g positivas son: PL y producción al pico de la lactancia (0.97; López-Ordaz *et al.*, 2009), puntos finales y textura de la ubre (0.86; Pérez y Ruiz, 1998; Moro y Ruiz, 1999), y estatura del animal y profundidad de cuerpo (0.86; Moro y Ruiz, 1999). Por el contrario, las características con las mayores r_g negativas son (Moro y Ruiz, 1999): puntos finales y punta del anca (-0.36), calidad de hueso y aplomos de patas (-0.39), y ángulo de pezuñas y aplomos de patas (-0.92). Por otra parte, entre las variables sin asociación destacan: PL y CCS (0.02; Montaldo *et al.*, 2010), estatura y habilidad de permanencia a 48 meses de edad (0.02; Valencia *et al.*, 2008a), PL y EPP (-0.01; Montaldo *et al.*, 2010), PL y puntos finales (-0.01; Valencia *et al.*, 2008a), y producción de proteína y CCS (-0.01; Montaldo *et al.*, 2010).

Las r_g estimadas tienen implicaciones en el mejoramiento genético. La r_g alta y positiva entre PL y producción al pico de lactancia, indica que la selección para mayor PL podría incrementar el pico de máxima producción, pudiendo con ello conducir a problemas metabólicos postparto (López-Ordaz *et al.*, 2009). La r_g alta entre habilidad de permanencia a 48 meses con vida productiva a la tercera lactancia y producción total de leche acumulada a la tercera lactancia, indica que la habilidad de permanencia a 48 meses podría utilizarse como indicador temprano de longevidad (Valencia *et al.*, 2004b). También las r_g altas entre habilidad de permanencia a 48 meses de edad con posición de pezones anteriores, profundidad de ubre, puntos finales y aplomos, y la incorporación de algunas de estas en los índices de selección en la primera lactancia, ayudarían a mejorar genéticamente la habilidad de permanencia a 48 meses de edad (Valencia *et al.*, 2008a). La r_g positiva entre EPP e IEP sugiere que las vacas que paren por primera vez a menor edad tendrán mejor desempeño reproductivo subsecuente; sin embargo, en un estudio con HO, Montaldo *et al.* (2010) estimaron estas r_g positivas pero pequeñas (0.05).

Por otro lado, también se han publicado r_g desfavorables entre características de PL con IEP (Cienfuegos-Rivas *et al.*, 2006; Montaldo *et al.*, 2010) o CCS (Montaldo *et al.*, 2010). Adicionalmente, López-Ordaz *et al.* (2009) estimaron un antagonismo entre PL en la primera lactancia y características reproductivas, obteniendo r_g positivas entre días abiertos y PL a 305 días, producción al pico de lactancia, persistencia de la lactancia y días al pico de lactancia, aunque el antagonismo disminuyó para lactancias posteriores.

Aunque los parámetros genéticos son estimados en función de varianzas y covarianzas, las cuales varían

en el tiempo y espacio, y son únicas para la población y característica en estudio (Falconer y Mackay, 1996), los estimadores obtenidos en los estudios realizados en el país dan idea de posibles valores en poblaciones expuestas a condiciones similares. En resumen, la estimación de parámetros genéticos de poblaciones bovinas lecheras mexicanas, especialmente h^2 , ha sido extensamente estudiada, con estimadores de suficiente magnitud para su uso en el diseño e implementación de programas de mejoramiento genético. Actualmente, los estudios de parámetros genéticos se justifican principalmente para poblaciones y características poco estudiadas. A nivel mundial, existe un reconocido crecimiento del papel de la genética en características funcionales, como las enfermedades y vida productiva, que están provocando la inclusión de estrategias para mejorar la salud y el bienestar animal en los programas de selección; por lo que es recomendable su estudio en las poblaciones de bovinos productores de leche del país.

Estimación de tendencias genéticas

La estimación de tendencias genéticas es importante para los criadores de ganado, ya que permite cuantificar y analizar el comportamiento de los VG a través de los años, como resultado de la selección practicada por los criadores, para redefinir y mejorar los esquemas actuales de selección (Domínguez-Viveros *et al.*, 2003). En México se han publicado pocos estudios sobre tendencias genéticas para PL. En ganado HO de registro, Valencia *et al.* (1999) estimaron ganancias genéticas para PL por lactancia de 29 kg año⁻¹ (1970 - 1997). Posteriormente, Toledo *et al.* (2014b) realizaron un estudio con hatos HO de registro y comerciales, donde analizaron las tendencias genéticas (2007-2011), estimando un progreso genético mayor que los reportes previos y concluyeron que probablemente se debió al efecto combinado de la importación de material genético (principalmente semen de EE. UU.) y de la selección de sementales en los programas de mejoramiento genético mexicanos. De acuerdo con Santellano-Estrada *et al.* (2011), en CT se reportaron ganancias genéticas anuales para PL por lactancia (0.94% de la media fenotípica) menores que en HO, aunque mayores en vacas que en sementales (11.0 vs 7.7 kg año⁻¹), lo que explican dado el esquema de selección utilizado, ya que la selección de los animales candidatos a sementales se basó en identificar las vacas con mejor comportamiento, esquema de selección denominado de madres de toro. Estos pequeños aumentos reportados en México, contrastan con los aumentos sustanciales obtenidos en países con programas de mejoramiento genético establecidos (Powell y Norman, 2006; Shook, 2006), por lo que existe un potencial importante en el mejoramiento genético de las poblaciones bovinas lecheras de México.

En general, se tiene poca documentación formal de la magnitud de las tendencias genéticas en los años recientes para las poblaciones de bovinos lecheros en México, lo que limita la evaluación del progreso genético específico obtenido en estas poblaciones, y pone en duda el impacto y uso que han tenido los resultados derivados de las EG.

Flujo de material genético e interacción genotipo por ambiente

El desarrollo del hato lechero nacional se ha basado fuertemente en importación de animales, semen y embriones, principalmente de EE. UU. y Canadá, situación documentada para las principales razas lecheras, como HO (Valencia *et al.*, 1999; Cienfuegos-Rivas *et al.*, 1999; Valencia *et al.*, 2008b; Toledo *et al.*, 2014b), SA (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b) y JE (Larios-Sarabia *et al.*, 2011; Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b).

En un estudio con 264 hatos HO de registro y comerciales, se encontró que la proporción de toros mexicanos (con registro en México) representó tan solo 20.5%; además, los promedios de habilidades de transmisión predichas (HTP) para PL fueron menores para los toros mexicanos que para los extranjeros (Valencia *et al.*, 1999). En otro estudio con hatos HO de registro, los sementales padres de las vacas analizadas fueron 21.6% de México, 64.0% de EE. UU. y 14.4% de Canadá (Cienfuegos-Rivas *et al.*, 2006). Un estudio más reciente en HO, Toledo *et al.* (2014b) documentaron la proporción de sementales utilizados en los hatos que participan en el Plan Nacional de Mejoramiento Genético (hatos comerciales y hatos de registro), los cuales fueron 70% de EE. UU., 13% de países europeos y de Nueva Zelanda, 9% de Canadá y sólo 8% de sementales mexicanos; además de la mayor proporción, los sementales extranjeros también presentaron VG superiores a los nacionales. Los autores sugieren que estas diferencias genéticas en los sementales de los países exportadores, reflejan el mayor tiempo de selección y tamaño de las poblaciones con registros de producción, lo que les permite ejercer una mayor presión de selección de los sementales en las pruebas de progenie (Valencia *et al.*, 1999; Toledo *et al.*, 2014b). Toledo *et al.* (2014b) estimaron las tendencias genéticas de PL con los promedios ponderados para sementales de acuerdo con el país de origen, notando que los sementales extranjeros de mayor VG fueron más utilizados que los mexicanos durante los años analizados (2007-2011), lo que ha permitido el incremento de las ganancias genéticas anuales en la población nacional. Los autores concluyeron que de continuar con las importaciones de material genético, éstas influirán, junto con la selección interna de sementales y vacas, las tendencias genéticas para la PL en México.

Ramírez-Valverde *et al.* (2014b) indicaron la dificultad para definir el criterio usado por los criadores de México para seleccionar el germoplasma importado, aunque los autores señalan que probablemente se habría considerado la apariencia externa de los animales y otros, como el precio del germoplasma. Lo anterior, después de encontrar, en SA y JE, que los promedios de las HTP para PL del germoplasma importado fueron ligeramente positivos en México y negativos en EE. UU. y Canadá, lo que sugirió que el material genético importado está por debajo de la base genética del país que se importa y que los criadores posiblemente estén adquiriendo germoplasma basados en algún criterio diferente al de la PL. Además, se encontró que los promedios de VG en los países exportadores para otras características diferentes a PL, también fueron negativos para la mayoría de los casos en ambas razas, por lo que la adquisición de material genético pudo haberse realizado con criterios diferentes a los VG de cualquier característica evaluada en México. La alta importación de material genético, además de crear dependencia tecnológica, provoca otros riesgos, ya que no todo el material genético importado identificado como superior en el país de origen será el mejor en el país importador, como en las condiciones ambientales de los hatos en México.

Existe interacción genotipo por ambiente (IGA) cuando las diferencias en comportamiento de los genotipos se expresan de diferente manera en diferentes ambientes (Robertson, 1959), ya sean países, niveles de producción, sistemas de manejo, etc. En México se han utilizado diferentes indicadores para detectar IGA. La forma más utilizada ha sido mediante la r_g de una cierta característica en dos ambientes diferentes, usando los registros de las hijas de sementales distribuidos en ambos ambientes y estimando la correlación observada entre los VG en ambos ambientes (Montaldo y Pelcastre-Cruz, 2012, Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). Algunas estimaciones han usado el método que corrige la correlación mediante las confiabilidades (Calo *et al.*, 1973). Con estimadores de r_g menores que 0.8 se considera la presencia de IGA biológicamente importante, como lo sugirió Robertson (1959).

Otros indicadores de IGA que han sido utilizados son la frecuencia de coincidencia en la jerarquización, con base en los VG de los sementales en diferentes ambientes, estimado comúnmente en los sementales de más alta jerarquización, con el fin de analizar los cambios de los animales en los diferentes ambientes (Cienfuegos-Rivas *et al.*, 1999, Ramírez-Valverde *et al.*, 2010); el coeficiente de correlación entre los VG predichos (r_{vg}) de los animales estimados en cada par de ambientes (Ramírez-Valverde *et al.*, 2010); y la respuesta correlacionada a la selección estimada por regresión de los VG ($b_{x/y}$) de la característica en un

ambiente sobre los VG obtenidos en el segundo ambiente (Cienfuegos-Rivas *et al.*, 1999; Cienfuegos-Rivas *et al.*, 2006; Montaldo *et al.*, 2009).

Los resultados de r_g entre ambientes distintos, definidos como países, muestran presencia de IGA, principalmente entre México y EE. UU. Cienfuegos-Rivas *et al.* (1999) estimaron r_g entre genotipos individuales HO y regiones de México y los EE. UU. entre 0.60 y 0.72, mientras que Montaldo *et al.* (2009) publicaron valores entre México y EE. UU. de 0.74, y entre México y Canadá de 0.77. En otras razas como SA y JE también se han estimado r_g menores que 0.8, entre VG individuales en México y EE. UU. (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). Recientemente, Montaldo *et al.* (2017) no encontraron efectos de IGA para PL entre México y Canadá o EE. UU., lo que explicaron fue debido a los manejos y ambientes similares en los países; sin embargo, para producción de grasa y proteína estimaron efectos de IGA entre México y los dos países, mientras que para fertilidad (IEP y EPP) estimaron efectos de IGA entre México y Canadá.

Los resultados de r_g entre ambientes distintos, definidos como regiones geográficas, sistemas de alimentación o regiones climáticas de México, también muestran la presencia de IGA. Con HO, en México se estimaron valores de $r_g < 0.8$ entre la región norte y sur (0.38), y entre norte y centro (0.73; Valencia *et al.*, 2008b). En JE bajo diferentes sistemas de alimentación (estabulado y pastoreo), se estimó una r_g de 0.76 (Ramírez-Valverde *et al.*, 2010), lo que sugiere que los animales seleccionados en ambientes favorables no necesariamente tienen un buen comportamiento en condiciones de alimentación menos favorables.

En HO, Valencia *et al.* (1999) y Cienfuegos-Rivas *et al.* (1999) encontraron una reordenación en la jerarquización de los sementales con EG para PL en México y EE. UU. En JE, Ramírez-Valverde *et al.* (2010), aunque estimaron una r_g de 0.76, que sugiere la presencia de IGA (por sistema de alimentación), los resultados de r_{vg} y la frecuencia de coincidencia en la jerarquización de los primeros 100 sementales indicaron una baja a moderada reordenación de los mejores sementales.

Los resultados de Cienfuegos-Rivas *et al.* (1999) mostraron diferencias en la respuesta a la selección ($b_{x/y}$) de las hijas de sementales en México y EE. UU., por lo que sugirieron que la PL de las hijas de toros HO de EE. UU. fue menor en México que en los EE. UU. Adicionalmente, Cienfuegos-Rivas *et al.* (2006) identificaron asociaciones genéticas entre PL y fertilidad que difieren entre lo estimado para México y EE. UU., en donde la $b_{x/y}$ (-5.3 d por 1,000 kg) y r_g (-0.20) fueron favorables entre PL y EPP en los hatos mexicanos, pero desfavorables entre PL en EE. UU. y EPP en México ($b_{x/y} = 7.2$ d por 1,000 kg y $r_g = 0.18$).

Estas diferencias en la dirección de la respuesta predicha en la fertilidad sugieren la presencia de IGA, aunque los autores mencionan que también podrían deberse a un manejo reproductivo diferencial de los hatos.

En general, los estudios con poblaciones de bovinos lecheros en México han reportado cierto grado de IGA, considerando diferentes ambientes: entre México y EE. UU. (Valencia *et al.*, 1999; Cienfuegos-Rivas *et al.*, 1999; Cienfuegos-Rivas *et al.*, 2006; Montaldo *et al.*, 2009; Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b; Montaldo *et al.*, 2017) y entre ambientes en México (Valencia *et al.*, 2008b; Ramírez-Valverde *et al.*, 2010). Los resultados indican que la magnitud de la IGA tiende a aumentar cuando las diferencias en los ambientes se incrementan (Cienfuegos *et al.*, 1999; Valencia *et al.*, 2008b; Montaldo *et al.*, 2009; Ramírez-Valverde *et al.*, 2010; Montaldo *et al.*, 2017).

Las diferencias en las r_g obtenidas en los diferentes ambientes se explican principalmente por las diferencias en alimentación, clima, tamaño de hatos, nivel de producción y manejo entre los ambientes contrastados (Cienfuegos-Rivas *et al.*, 2006; Valencia *et al.*, 2008b; Ramírez-Valverde *et al.*, 2010; Montaldo *et al.*, 2017), en donde los promedios fenotípicos y las varianzas heterogéneas posiblemente conllevan a obtener diferentes parámetros genéticos y a ser las principales causas de la presencia de IGA (Ramírez-Valverde *et al.*, 2010).

La IGA puede impactar negativamente una gran proporción de hatos con sistemas de producción poco intensivos (no sólo para PL); mermando las ganancias genéticas y con ello los ingresos económicos con el uso de inseminación artificial de toros seleccionados (Valencia *et al.*, 2008b). La presencia significativa de IGA entre países puede reducir los potenciales beneficios de la importación de material genético superior, lo que justifica la implementación de programas de mejoramiento en México. Es importante evaluar la IGA para considerarla en el diseño de programas de mejoramiento genético, sobre todo cuando se lleven a cabo importaciones de material genético de países con grandes diferencias ambientales (Ramírez-Valverde *et al.*, 2014b). Hernández-Hernández *et al.* (2016a) concluyeron que en México se requieren estudios adicionales orientados a la identificación de factores ambientales específicos relacionados con IGA.

Estudios asociados con genética molecular

La caracterización genética-molecular de las poblaciones locales representa la base para el diseño de programas de selección, destinados a fijar las variantes alélicas asociadas favorablemente con las características de interés para los ganaderos (Parra-

Bracamonte *et al.*, 2007). En poblaciones bovinas lecheras mexicanas, los estudios con tecnología molecular asociados con las EG se han realizado principalmente para identificar polimorfismos, y determinar frecuencias alélicas y genotípicas de proteínas de la leche vinculadas con calidad.

Diversas variantes alélicas de proteínas de la leche se han identificado en poblaciones CT, HO (Meza-Nieto *et al.*, 2010), JE (Zepeda-Batista *et al.*, 2014) y Gyrholando (Pacheco *et al.*, 2011). Estos pocos estudios muestran la diversidad de las caseínas y el potencial de incluirse en programas de mejoramiento para características de calidad de leche (Zepeda-Batista *et al.*, 2014). Rosendo-Ponce y Becerril-Pérez (2015) mencionaron que se tienen identificados los genotipos de los sementales CT para K-caseína y los resultados serán incluidos en las EG.

Para β -lactoglobulina se han publicado diferentes frecuencias genotípicas entre razas; el genotipo BB fue más frecuente en CT mientras que el AB lo fue en HO, por lo que la leche de vacas CT podría presentar características fisicoquímicas y tecnológicas diferentes a la de Holstein (Meza-Nieto *et al.*, 2010); en JE el alelo B presentó la mayor frecuencia (Zepeda-Batista *et al.*, 2014). Para K-caseína, en la cual algunas de sus variantes alélicas han sido asociadas con diferentes características de calidad y producción en la industria láctea, en JE el alelo B fue el más común, lo que sugiere cierta selección genética indirecta de este alelo, debido a que los alelos relacionados con baja producción de sólidos (A y E) se encontraron con menores frecuencias que las del alelo B (Zepeda-Batista *et al.*, 2014); mientras que en Gyrholando el alelo más frecuente fue A (0.83), seguido por el B (0.13) (Pacheco *et al.*, 2011). Para β -caseína en JE, Zepeda-Batista *et al.* (2014) estimaron al alelo A2 y al genotipo A2A2 como los más frecuentes, lo que representa un distintivo importante de esta raza. Por otro lado, Duijfhuis-Rivera *et al.* (2014) reportaron que diferentes genotipos β - y κ -caseína no se encontraron asociados con PL en un hato HO mexicano. En un meta-análisis con varias razas de bovinos lecheros en el mundo, Zepeda-Batista *et al.* (2017) indicaron que en HO y JE se ha mostrado la mayor influencia del genotipo AA de k-caseína que los otros genotipos en las características analizadas (producción y composición de la leche).

Recientemente, la incorporación de los SNP (polimorfismos de un solo nucleótido) ha permitido incrementar exponencialmente el número de marcadores moleculares distribuidos a lo largo del genoma, evaluar el efecto de los SNP en características de importancia económica y utilizar las asociaciones SNP-fenotipo en ecuaciones para predecir el valor genómico de los animales (Meuwissen *et al.*, 2001; 2016). Aunque esta tecnología se comenzó a aplicar en

bovinos HO, JE y SA en 2009 en los EE. UU. (Wiggans *et al.*, 2011), en México los estudios relacionados con bovinos lecheros son escasos (García-Ruiz *et al.*, 2015a; 2015b).

Considerando el costo de la genotipificación del ganado con arreglos de alta densidad de SNP, una alternativa es investigar la posibilidad de utilizar arreglos de SNP de baja densidad, en un mayor número de animales dado que son más económicos, y así lograr mayor confiabilidad en las predicciones de valores genómicos. García-Ruiz *et al.* (2015a) estudiaron el efecto del tamaño de la población de referencia y del parentesco de los animales en la población de referencia sobre la imputación de los genotipos Holstein mexicanos; estos autores encontraron que al aumentar el tamaño de la población de referencia y la disponibilidad de ancestros genotipados, se mejora la exactitud de la imputación.

En un estudio sobre diversidad genética de la población HO de México, García-Ruiz *et al.* (2015b) encontraron diferencias en la composición genética entre los estratos convencionales con los de bajos ingresos, debidas a los cruzamientos con JE y SA en el estrato de bajos ingresos, por lo que los autores recomiendan estratificar la población al considerarse la realización de estudios genómicos. El estudio también indicó la relación de la población nacional con las de Canadá y EE. UU., las cuales comparten muchos ancestros en común, por lo que se podrían establecer programas conjuntos de mejoramiento genético; donde dicha integración sería más sencilla con el estrato convencional, debido a su mayor similitud.

En bovinos, la mayoría de las características económicamente importantes son genéticamente complejas, lo que significa que son poli-génicas. En el país, se requiere investigación para incorporar herramientas de genómica asistida para su adición a programas ordenados de mejoramiento genético que consideren características no comunes, pero de gran importancia económica como fertilidad, longevidad, resistencia a enfermedades y características del producto.

CONCLUSIONES

Aunque se tienen avances en la publicación de estudios relacionados con las evaluaciones genéticas de bovinos lecheros en México, aún se requiere mejorar aspectos elementales en relación con la generación de bases de datos más completos y confiables, y con el uso de los resultados de las evaluaciones en programas nacionales de mejoramiento genético animal. La investigación ha sido realizada en las principales razas de bovinos lecheros con evaluaciones genéticas nacionales. La estimación de parámetros genéticos ha sido extensamente documentada para producción de

leche, con estimadores de suficiente magnitud para el diseño e implementación de programas de mejoramiento genético. Sin embargo, se requiere documentar el estudio de metodologías más precisas, especialmente para poblaciones y características poco estudiadas. Asimismo, se requiere evaluar la interacción genotipo por ambiente de casos específicos, dadas las evidencias con importaciones de material genético desde países con grandes diferencias ambientales. Finalmente, se requiere investigación para incorporar a la genética molecular como una herramienta adicional en programas de mejoramiento genético tradicional.

Agradecimientos

Los autores agradecen al CONACyT por la beca otorgada al primer autor para realizar sus estudios de Doctorado en Ciencias.

REFERENCIAS

- Abadía R., J.R., Ruíz L., F.J., Vega M., V.E., Montaldo, H.H. 2016. Análisis genético para vida productiva en ganado Holstein de México. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*. 7:1-14. <http://www.scielo.org.mx/pdf/rmcp/v7n1/2448-6698-rmcp-7-01-00001-en.pdf>.
- Calo, L.L., McDowell, R.E., Van Vleck, 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. <https://doi.org/10.2527/jas1973.373676x>.
- Cienfuegos-Rivas, E.G., Oltenacu, P.A., Blake, R.W., Schawager, S.J., Castillo-Juarez, H., Ruiz, F.J. 1999. Interaction between milk yield of Holstein cows in Mexico and the United States. *Journal of Dairy Science*. 82:2218-2223. DOI: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(99\)75468-8](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(99)75468-8).
- Cienfuegos-Rivas, E.G., Blake, R.W., Oltenacu, P.A., Castillo-Juarez, J.H. 2006. Fertility responses of Mexican Holstein cows to US sire selection. *Journal of Dairy Science*. 89:2755-2760. DOI: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72352-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72352-9).
- CONARGEN. 2016. Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios, Página Principal. Disponible en: [www://conargen.mx](http://www.conargen.mx). Fecha de consulta: 10 de diciembre de 2016.
- Domínguez-Viveros, J., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., Ruíz-Flores, A. 2003. Evaluación genética de variables de crecimiento en bovinos Tropicarne: II. Tendencias Genéticas. *Agrociencia*. 37:337-343. <http://www.redalyc.org/pdf/302/30237403.pdf>.
- Duifhuis-Rivera, T., Lemus-Flores, C., Ayala-Valdovinos, M.Á., Sánchez-Chiprés, D.R., Galindo-García, J., Mejía-Martínez, K., González-Covarrubias, E. 2014. Polymorphisms in beta and kappa-casein are not associated with milk production in two highly technified populations of Holstein cattle in Mexico. *The Journal of Animal & Plant Sciences*. 24(5):1316-1321. <https://pdfs.semanticscholar.org/51b1/2ff6034dc5282eba63a91d5c7f0bf2fb7920.pdf>.
- Estrada-León, R.J., Magaña, J.G., Segura-Correa, J.C. 2008. Genetic parameters for reproductive traits of Brown Swiss cows in the tropics of Mexico. *Journal of Animal and Veterinary Advances*. 7:124-129. <https://www.cabdirect.org/cabdirect/FullTextPDF/2006/20063169917.pdf>.
- Falconer, D.S. and Mackay, T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed. Longman, Essex, UK. 464 p.
- García-Ruiz, A., Ruiz-Lopez, F.J., Wiggans, G.R., Van Tassell, C.P., Montaldo, H.H. 2015a. Effect of reference population size and available ancestor genotypes on imputation of Mexican Holstein genotypes. *Journal of Dairy Science*. 98:3478-3484. <https://doi.org/10.3168/jds.2014-9132>.
- García-Ruiz, A., Ruiz-López, F.J., Van Tassell, C.P., Montaldo, H.H., Huson, H.J. 2015b. Genetic differentiation of Mexican Holstein cattle and its relationship with Canadian and U.S. Holsteins. *Frontiers in Genetics*. 6:1-7.
- Garrick, D.J. and Golden, B.L. 2009. Producing and using genetic evaluations in the United States beef industry of today. *Journal of Animal Science*. 87(E. Suppl.): E11-E18. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00007>.
- Hernández-Hernández, N., Martínez-González, J.C., Parra-Bracamonte, G.M., González-Reyna, A., Cienfuegos-Rivas, E.G., Hernández-Meléndez, J. 2016a. Importancia de la interacción genotipo x ambiente en rasgos de producción en ganado lechero. *Ciencia UAT*. 10(2):72-78. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-78582016000100072.
- Hernández-Hernández, N., Martínez-González, J.C., Parra-Bracamonte, G.M., Cienfuegos-Rivas, E.G., Hernández-Meléndez, J. 2016b. Producción de Leche de Suiz-Bú, una Raza de Doble Propósito en el Trópico Mexicano. *Revista de Investigaciones Veterinarias del*

- Perú. 27(4):722-728.
<http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v27i4.11505>
- Hernández-Reyes, E., Segura-Correa, V.M., Segura-Correa, J.C., Osorio-Arce, M.M. 2001. Intervalo entre partos, duración de la lactancia y producción de leche en un hato de doble propósito en Yucatán, México. *Agrociencia*. 35:699-705.
<http://www.redalyc.org/pdf/302/30234604.pdf>.
- INTERBULL (International Bull Evaluation Service). 2001. Guidelines for National & International Genetic Evaluation Systems in Dairy Cattle with Focus on Production Traits. *Interbull Bull*. 28. Disponible en: http://agtr.ilri.cgiar.org/documents/Library/docs/Interbull/bulletin28_files/InterbullGuidelines-2001.pdf. Fecha de consulta: 15 de diciembre de 2017.
- Larios-Sarabia, N., Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., García-Muñiz, J.G., Ruíz-Flores, A. 2011. Caracterización técnica, social y económica de las empresas del hato bovino Jersey de registro en México. *Agricultura, Sociedad y Desarrollo*. 8:229-247.
<http://www.scielo.org.mx/pdf/asd/v8n2/v8n2a4.pdf>.
- López-Ordaz, R., Castillo-Juárez, H., Montaldo, H.H. 2009. Covarianzas genéticas y fenotípicas para días abiertos y características de la curva de lactancia en vacas Holstein en el norte de México. *Veterinaria México*. 40:343-356.
<http://www.scielo.org.mx/pdf/vetmex/v40n4/v40n4a1.pdf>.
- Magaña-Valencia, F., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., Rodríguez-Almeida, F.A. 2013. Conectividad en evaluaciones genéticas de animales: 2. Comparación de metodologías. *Agrociencia*. 47:781-794.
<http://www.scielo.org.mx/pdf/agro/v47n8/v47n8a4.pdf>.
- Meuwissen, T.H., Hayes, B.J., Goddard, M.E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense markers maps. *Genetics*. 157(4):1819-1829.
<http://www.genetics.org/content/genetics/157/4/1819.full.pdf>.
- Meuwissen, T., Hayes, B., Goddard, M. 2016. Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. *Animal Frontiers*. 6(1):6-14.
<https://doi.org/10.2527/af.2016-0002>.
- Meza-Nieto, M.A., González-Córdoba, A.F., Becerril-Pérez, C.M., Ruíz-López, F.J., Díaz-Rivera, P., Vallejo-Cordoba, B. 2010. Polimorfismo genético de la B-lactoglobulina en la leche de vaca Holstein y Criollo Lechero Tropical. *Agrociencia*. 44:531-539.
<http://www.scielo.org.mx/pdf/agro/v44n5/v44n5a3.pdf>.
- Montaldo, H.H., Núñez-Soto, S.G., Ruiz-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. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2145>.
- Montaldo, H.H., Castillo-Juárez, H., Valencia-Posadas, M., Cienfuegos-Rivas, E.G., Ruiz-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. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2050>.
- Montaldo, H.H., Pelcastre-Cruz, A., Castillo-Juárez, H., Ruiz-López, F.J., Filippo, M. 2017. Genotype × environment interaction for fertility and milk yield traits in Canadian, Mexican and US Holstein cattle. *Spanish Journal of Agricultural Research*. 15:e0402.
<https://doi.org/10.5424/sjar/2017152-10317>.
- Moro, M.J. y Ruiz L., F.J. 1999. Estimación de parámetros genéticos para características de conformación en bovinos Holstein en México. *Técnica Pecuaria en México*. 37:41-53.
- Pacheco C., V.I., Lourenco J., D.L., Parra B., G.M., Martínez G., J.L., Sifuentes R., A.M. 2011. Convenient genotyping of nine bovine K-casein variants. *Electronic Journal of Biotechnology*. 14(4):1-6.
<http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=173322387012>.
- Palacios-Espinosa, A., Rodríguez-Almeida, F., Jiménez-Castro, J., Espinoza-Villavicencio, J.L., Núñez-Domínguez, R. 2001. Evaluación genética de un hato Holstein en Baja California Sur, utilizando un modelo animal con mediciones repetidas. *Agrociencia*. 35:347-353.
<http://www.redalyc.org/html/302/30200309/>.
- Parra-Bracamonte, G.M., Magaña, J.G., Delgado, R., Osorio-Arce, M.M., Segura-Correa, J.C. 2005. Genetic and non-genetic effects on productive and reproductive traits of cows in dual-purpose herds in southeastern Mexico. *Genetics and Molecular Research*. 4:482-490.
- Parra-Bracamonte, G.M., Sifuentes-Rincón, A.M., Cienfuegos-Rivas, E.G., Tewolde-Medhin, A., Martínez-González, J.C. 2007. Polimorfismo en el gen de la μ -calpaína en ganado Brahman de registro de México. *Archivos Latinoamericanos*

- de Producción Animal. 15:33-38. www.alpa.org.ve/ojs.index.php.
- Pérez, N.I. y Ruiz L., F.J. 1998. Estimación de parámetros genéticos para algunas características de conformación de ubre y puntos finales en ganado Holstein de registro en México. *Técnica Pecuaria en México*. 36:25-34.
- Powell, R.L. y Norman, H.D. 2006. Major advances in genetic evaluation techniques. *Journal of Dairy Science*. 89:1337-1348. DOI: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72201-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72201-9).
- Ramírez-Valverde, R., Peralta-Aban, J.A., Núñez-Domínguez, R., Ruíz-Flores, A., García-Muñiz, J.G., García-Peniche, T.B. 2010. Genotype by feeding system interaction in the genetic evaluation of Jersey cattle for milk yield. *Animal*. 4:1971-1975. <https://doi.org/10.1017/S175173111000128X>.
- Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., Fabián-Barrios, E. 2014a. Caracterización de las publicaciones sobre mejoramiento genético animal en México. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*. 1:59-72. <http://www.scielo.org.mx/pdf/era/v1n1/v1n1a7.pdf>.
- Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., Palacios-Jiménez, A.L., Jiménez-Carrasco, J.S. 2014b. Characterization of dairy cattle germplasm used in Mexico with national genetic evaluations in importing and exporting countries. *Livestock Science*. 167:51-57. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.05.028>.
- Ramírez-Valverde, R., Ramírez-Valverde, G., Núñez-Domínguez, R., Delgadillo-Zapata, R.A., Hernández-León, M. 2016. Association between genetic evaluation and show-ring judging for dairy and beef cattle. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*. 29:25-32. <http://dx.doi.org/10.17533/udea.rccp.v29n1a03>.
- Ríos U., A., Martínez V., G., Tsuruta, S., Bertrand, J.K., Vega M., V.E., Montañó B., M. 2007. Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento de ganado Charolais mexicano. *Técnica Pecuaria en México*. 45:121-130. <http://www.redalyc.org/pdf/613/61345201.pdf>.
- Ríos U., A., Calderón R., R.C., Rosete F., J.V., Lagunes L., J. 2010. Estimación de parámetros genéticos para características de fertilidad en ganado Suizo Pardo bajo condiciones subtropicales en México. *Veterinaria México*. 41:117-129. <http://www.scielo.org.mx/pdf/vetmex/v41n2/v41n2a5.pdf>.
- Ríos-Utrera, A., Calderón-Robles, R.C., Galavíz-Rodríguez, J.R., Vega-Murillo, V.E., Lagunes-Lagunes, J. 2012. Análisis genético de la producción láctea de vacas Holstein y Pardo Suizo en pastoreo intensivo en condiciones subtropicales. *Revista Científica, FCV-LUZ*. 22:545-552. <http://www.redalyc.org/pdf/959/95925106008.pdf>.
- Robertson, A. 1959. The sampling variance of the genetic correlation coefficient, *Biometrics*. 1:469-485. DOI: 10.2307/2527750.
- Rosendo-Ponce, A. y Becerril-Pérez, C.A. 2015. Avance en el conocimiento del bovino criollo lechero tropical de México. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*. 2(5):233-243. <http://www.scielo.org.mx/pdf/era/v2n5/v2n5a12.pdf>.
- Roso, V.M. y Schenkel, F.S. 2006. AMC- A computer program to assess the degree of connectedness among contemporary groups. *Proceedings the of 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil, August 13-18*.
- Ruíz-Flores, A., García-Munguía, C.A., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., López-Ordaz, R., García-Muñiz, J.G. 2011. Inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos de evaluación genética de bovinos Jersey y Suizo Americano en México. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*. 2:381-391. <http://www.scielo.org.mx/pdf/rmcp/v2n4/v2n4a3.pdf>.
- Santellano-Estrada, E., Becerril-Pérez, C.M., De Alba, J., Chang, Y.M., Gianola, D., Torres-Hernández, G., Ramírez-Valverde, R. 2008. Inferring genetic parameters of lactation in Tropical Milking Criollo cattle with random regression test-day models. *Journal of Dairy Science*. 91:4393-4400. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0351>.
- Santellano-Estrada, E., Becerril-Pérez, C.M., Mei-Chang, Y., Gianola, D., Torres-Hernández, G., Ramírez-Valverde, R., Domínguez-Viveros, J., Rosendo-Ponce, A. 2011. Caracterización de la lactancia y evaluación genética del ganado Criollo Lechero Tropical utilizando un modelo de regresión aleatoria. *Agrociencia*. 45:165-175. <http://www.scielo.org.mx/pdf/agro/v45n2/v45n2a3.pdf>.

- Shook, G.E. 2006. Major advances in determining appropriate selection goals. *Journal of Dairy Science*. 89:1349-1361. DOI: [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(06\)72202-0](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(06)72202-0).
- Tarrés, J., Fina, M., Piedrafita, J. 2010. Connectedness among herds of beef cattle bred under natural service. *Genetics Selection Evolution*. 42:6-15. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-42-6>.
- Toledo A., H.O., Ruiz L., F.J., Vázquez P., C.G., Berruecos V., J.M., Elzo, M.A. 2014a. Parámetros genéticos para producción de leche de ganado Holstein en dos modalidades de control de producción. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*. 5:443-457. <http://www.scielo.org.mx/pdf/rmcp/v5n4/v5n4a5.pdf>.
- Toledo A., H.O., Ruiz L., F.J., Vázquez P., C.G., Berruecos V., J.M., Elzo, M.A. 2014b. Tendencias genéticas y fenotípicas para producción de leche de ganado Holstein en dos modalidades de control de producción. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*. 5:471-485. <http://www.scielo.org.mx/pdf/rmcp/v5n4/v5n4a7.pdf>.
- Valencia P., M., Ruíz L., F.J., Montaldo V., H., Keown, J.F., Van Vleck, L.D. 1999. Evaluación genética para la producción de leche en ganado Holstein en México. *Técnica Pecuaria en México*. 37:1-8.
- Valencia P., M., Ruíz L., F.J., Montaldo V., H., Trejo, V.B., Keown, J.F., Van Vleck, L.D. 2000. Estimación de factores de corrección edad-mes de parto para producción de leche en ganado Holstein en México. *Técnica Pecuaria en México*. 38:9-18. <http://www.redalyc.org/pdf/613/61338104.pdf>.
- Valencia P., M., Ruíz L., F.J., Montaldo, H.H. 2004a. Genetic and environmental variance components for milk yield across regions, time periods and herd levels for Holstein cattle in Mexico. *Revista Científica, FCV-LUZ*. 14:404-411. <http://www.redalyc.org/pdf/959/95914504.pdf>.
- Valencia P., M., Ruíz L., F.J., Montaldo V., H.H. 2004b. Estimación de parámetros genéticos para características de longevidad y producción de leche en ganado Holstein en México. *Interciencia*. 29:52-56.
- Valencia P., M., Montaldo V., H.H., Ruíz L., F.J. 2008a. Parámetros genéticos para características de conformación, habilidad de permanencia y producción de leche en ganado Holstein en México. *Técnica Pecuaria en México*. 46:235-248. <http://www.redalyc.org/pdf/613/61346302.pdf>.
- Valencia, M., Montaldo, H.H., Ruíz, F. 2008b. Interaction between genotype and geographic region for milk production in Mexican Holstein cattle. *Archivos de Zootecnia*. 57:457-463. <http://www.redalyc.org/pdf/495/49515034007.pdf>.
- Wiggans, G.R., VanRaden, P.M., Cooper, T.A. 2011. The genomic evaluation system in the United States: Past, present, future. *Journal of Dairy Science*. 94:3202-3211. DOI: <https://doi.org/10.3168/jds.2010-3866>.
- Zepeda-Batista, J.L., Alarcón-Zúñiga, B., Ruíz-Flores, A., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R. 2014. Polymorphism of three milk protein genes in Mexican Jersey cattle. *Electronic Journal of Biotechnology*. 18:1-4. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ejbt.2014.10.002>.
- Zepeda-Batista, J.L., Saavedra-Jiménez, L.A., Ruíz-Flores, A., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R. 2017. Potential influence of κ -casein and β -lactoglobulin genes in genetic association studies of milk quality traits. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. 30:1684-1688. doi:10.5713/ajas.16.0481.