



COLEGIO DE POSTGRADUADOS
INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

CAMPUS MONTECILLO

POSTGRADO DE RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD
GANADERÍA

**REGRESIÓN ALEATORIA DE LA LACTANCIA DEL GANADO
CRIOLLO LECHERO TROPICAL**

EDUARDO SANTELLANO ESTRADA

TESIS

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE

DOCTOR EN CIENCIAS

MONTECILLO, TEXCOCO, EDO. DE MÉXICO

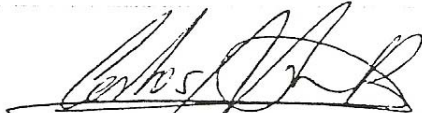
2008

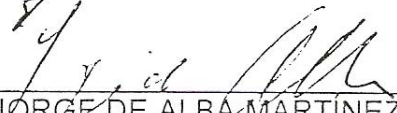
La presente tesis, titulada: **Regresión aleatoria de la lactancia del ganado Criollo Lechero Tropical**, realizada por el alumno: Eduardo Santellano Estrada, bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

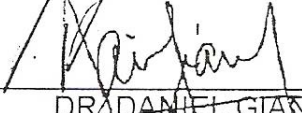
DOCTOR EN CIENCIAS

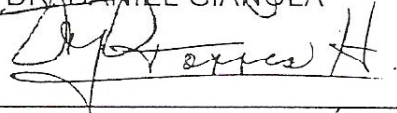
**RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD
GANADERÍA**


CONSEJO PARTICULAR


CONSEJERO: 
DR. CARLOS M. BECERRIL PÉREZ


ASESOR: 
DR. JORGE DE ALBA MARTÍNEZ

ASESOR: 
DR. DANIEL GIANOLA

ASESOR: 
DR. GLAFIRO TORRES HERNÁNDEZ

ASESOR: 
DR. RODOLFO RAMÍREZ VALVERDE

ASESOR: 
DR. HUMBERTO VAQUERA HUERTA

ASESOR: 
DR. JUAN MANUEL GONZÁLEZ CAMACHO

Montecillo, Texcoco, México, 01 de diciembre de 2007

ACERCA DEL AUTOR

El Autor de la presente nació en Abasolo, Guanajuato, México, el 11 de febrero de 1976. Cursó su educación básica en Guadalupe Victoria, Municipio de Abasolo, Tamaulipas, México. Obtuvo el título de Ingeniero Agrónomo Zootecnista en el Departamento de Zootecnia de la Universidad Autónoma Chapingo en 1997 y el grado de Maestro en Ciencias en Producción Animal Tropical en la U.A.M. Agronomía y Ciencias de la Universidad Autónoma de Tamaulipas, en 2000.

Ha laborado como Supervisor Operativo de DICONSA Norte S.A. de C.V.; como Coordinador de Evaluación en WATTSAGRO S.A. de C.V. y en CEVAGRO S.C.; y como Responsable de Evaluación de diversos programas agropecuarios y de desarrollo rural en R & R Comercial S.A. de C.V.

Ha participado como Profesor de las cátedras de Biología y Álgebra en la Escuela Preparatoria Tamaulipas, incorporada a la Universidad Autónoma de Tamaulipas y como Profesor Asistente de la cátedra de Diseños Experimentales en el Colegio de Postgraduados. Actualmente se desempeña como Profesor-Investigador en la Facultad de Zootecnia de la Universidad Autónoma de Chihuahua.

REGRESIÓN ALEATORIA DE LA LACTANCIA DEL GANADO CRIOLLO LECHERO TROPICAL

Eduardo Santellano Estrada, Dr.

Colegio de Postgraduados, 2008

En México, las áreas tropicales bajas de climas cálidos tienen una arraigada tradición ganadera; sin embargo, ninguna de las razas de origen europeo ha sido capaz de sobrevivir y producir satisfactoriamente en estos ambientes. El ganado Criollo Lechero Tropical es una raza *Bos taurus* adaptada que es capaz de producir leche de alta calidad alimentándose exclusivamente en pastoreo. En el presente trabajo se utilizaron modelos de regresión aleatoria para estudiar la lactancia de este ganado. Los datos se obtuvieron de cuatro hatos, tres ubicados en la región tropical baja del Golfo de México y uno en el sur de Nicaragua. Se realizó una exploración previa de la forma de la lactancia mediante regresión no paramétrica, lo que permitió especificar los modelos de regresión aleatoria a probar. Para la comparación de modelos se varió el orden de las funciones de regresión para efectos genéticos aditivos y del ambiente permanente. El modelo con mejor ajuste fue utilizado para caracterizar la lactancia y realizar una evaluación genética de toros y vacas. Adicionalmente se realizó un análisis Bayesiano del modelo, para analizar el efecto de diferentes informaciones *a priori* sobre la distribución final de los parámetros de interés y empleando el muestreador de Gibbs para obtener las distribuciones marginales posteriores. La metodología de los modelos de regresión aleatoria permitió el uso de toda la información disponible. El índice de herencia para producción total de leche a 305 días fue de 0.24. La lactancia mostró la ausencia de un ascenso inicial y el progreso genético detectado revela resultados positivos del programa de mejora genética empleado en este ganado. La variación en la información *a priori* mostró tuvo consecuencias en la distribución final de los componentes de varianza de la lactancia.

Palabras clave: regresión aleatoria, Criollo Lechero Tropical, lactancia, parámetros genéticos.

RANDOM REGRESSION FOR LACTATION IN TROPICAL MILKING CRIOLLO CATTLE

Eduardo Santellano Estrada, Dr.
Colegio de Postgraduados, 2008

The Mexican tropical low lands with hot climates have old livestock traditions, but no European breed has been able to survive and produce adequately in these environments. The Tropical Milking Criollo cattle is an adapted *Bos taurus* breed which is able to produce high quality milk feeding only in grazing systems. This research used random regression models to study the lactation of this cattle. Data were collected from three herds located in the tropical lowlands of the Gulf Coast of Mexico and one in southern Nicaragua. A previous exploration of the lactation was performed using non-parametric regression, which was useful to specify the random regression models to evaluate. Several orders of random regression functions for additive genetic and permanent environmental effects were used for model comparison. The selected model was used to characterize the lactation and perform a genetic evaluation of cows and bulls. Additionally, a Bayesian analysis was performed to check the effect of different prior information over the marginal posterior density of interest parameters; Gibbs sampling was used to obtain marginal posterior densities. The use of all available information was possible with random regression methodology. The heritability for total milk yield at 305 days was 0.24. The general lactation showed a missing ascending phase and the genetic progress reveals positive results of breeding program in this cattle. The use of different prior information had consequences over posterior distribution of variance components.

Key words: random regression, Tropical Milking Criollo, lactation, genetic parameters

Dedico esta tesis a:

Magaly, Diana Laura, Osman y Héctor Eduardo;

Porque su amor es mi razón principal para entender que la gracia de Dios existe

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología; por el financiamiento de mis estudios y por ser una institución con verdadero sentido de desarrollo para México.

Al Colegio de Postgraduados; por ofrecerme un ambiente académico ideal para concretar una formación doctoral respetable y llena de grandes satisfacciones.

Al Departamento de Ciencia Animal de la Universidad de Wisconsin, a la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Lechero Tropical A.C. (AMCROLET), al Campus Veracruz del Colegio de Postgraduados y a la finca El Pino, de Rivas Nicaragua; por el apoyo brindado durante la investigación.

A la Facultad de Zootecnia de la Universidad Autónoma de Chihuahua; por la oportunidad que me brinda para desarrollarme en la investigación y docencia.

Al Dr. Carlos Miguel Becerril; quien me enseñó que para convertirse en un hombre de éxito certero, primero hay que convertirse en un hombre de valores.

A los Doctores Rodolfo Ramírez, Glafiro Torres, Juan M. González, Humberto Vaquera y Rosendo Adalberto; quienes me han brindado amistad y apoyo en los momentos que lo he demandado.

A los Doctores Jorge de Alba, Daniel Gianola, Yu-Mei Chang y Shogo Tsuruta; quienes fueron de invaluable ayuda para la obtención de mi grado y cuyo valor científico y humano será siempre una gran motivación para mi desarrollo profesional.

A mis amigos y compañeros; con quien he contado y espero contar hoy y siempre.

A mis Padres y hermanos; por la magnánima relación que siempre ha caracterizado a nuestra familia.

El autor agradece el financiamiento de la investigación recibido a través del proyecto SAGARPA-CONACYT 2002-C01-1928, al igual que el apoyo de beca otorgado por los proyectos NRICGP/USDA 2003-35205-12833, NSF DEB-0089742 y NSF DMS-NSF DMS-044371 de los Estados Unidos, y el apoyo de Beca-Tesis del Consejo Mexiquense de Ciencia y Tecnología (COMECYT).

CONTENIDO

INTRODUCCIÓN GENERAL	1
1. Planteamiento del problema.....	1
2. Objetivos.....	2
3. Hipótesis.....	2
4. Revisión de literatura.....	3
4.1 Importancia de los recursos genéticos animales.....	3
4.2 El ganado bovino criollo en México y América Latina.....	4
4.3 La producción lechera en los climas cálidos de México.....	7
4.4 Origen y localización del hato Criollo Lechero Tropical de México.....	10
4.5 El análisis de datos longitudinales.....	11
4.6 El análisis Bayesiano y los métodos convencionales de estimación.	17
4.7 Importancia del estudio de la lactancia.....	20
CAPÍTULO 1. EXPLORACIÓN DE LA FORMA DE LA CURVA DE LACTANCIA MEDIANTE REGRESIÓN NO PARAMÉTRICA	24
1.1 Resumen.....	24
1.2 Introducción.....	24
1.3 Materiales y Métodos.....	26
1.4 Resultados y Discusión.....	31
1.5 Conclusiones.....	37
CAPÍTULO 2. INFERRING GENETIC PARAMETERS OF LACTATION IN TROPICAL MILKING CRIOLLO CATTLE WITH RANDOM REGRESSION TEST-DAY MODELS	39
2.1 Abstract.....	39
2.2 Introduction.....	39
2.3 Material and Methods.....	41
2.4 Results.....	45

2.5 Discussion.....	50
2.6 Conclusions.....	53
CAPÍTULO 3. CARACTERIZACIÓN DE LA LACTANCIA Y EVALUACIÓN GENÉTICA.....	55
3.1 Resumen.....	55
3.2 Introducción.....	56
3.3 Materiales y Métodos.....	58
3.4 Resultados y Discusión.....	59
3.5 Conclusiones.....	72
CAPÍTULO 4. EFECTO DE DIFERENTE INFORMACIÓN A <i>PRIORI</i> SOBRE LA DISTRIBUCIÓN FINAL DE PARÁMETROS DE LA LACTANCIA AL AJUSTAR UN MODELO DE REGRESIÓN ALEATORIA EN UN ANÁLISIS BAYESIANO.....	74
4.1 Resumen.....	74
4.2 Introducción.....	74
4.3 Materiales y Métodos.....	76
4.4 Resultados y Discusión.....	78
4.5 Conclusiones.....	87
CONCLUSIONES GENERALES.....	89
BIBLIOGRAFÍA.....	90
ANEXOS.....	101

LISTA DE CUADROS

Cuadro 1.1.	Estructura de la base de datos.	28
Table 2.1.	Estimated residual variance (V_R), Akaike's Information Criterion (AIC) and minus twice logLikelihood ($-2\log L$), for the studied models.	49
Cuadro 3.1.	Índices de herencia estimados en trabajos realizados en condiciones tropicales.	65
Cuadro 4.1	Grupos de información a priori con variación en grados de libertad (ν) y matrices de escala (S) para componentes de varianza.	78
Cuadro 4.2.	Diagnóstico de convergencia de las cadenas de Markov mediante la prueba de Heidleberger y Welch.....	81
Cuadro 4.3.	Valor de la verosimilitud y del criterio de información de Akaike (AIC) al ajustar el modelo con diferente información <i>a priori</i> para componentes de varianza.....	82
Cuadro 4.4.	Medias posteriores estimadas y sus desviaciones estándar para componentes de varianza, utilizando diferente información <i>a priori</i>	83
Cuadro 4.5.	Intervalos de mayor probabilidad (95%) para componentes de varianza, utilizando diferente distribución <i>a priori</i>	87

LISTA DE FIGURAS

Figura 1.	Curva de lactancia típica.....	22
Figura 1.1.	Distribución de la temperatura (grados Celsius) y precipitación (mm/10) media mensual.	27
Figura 1.2.	Lactancias individuales de algunas vacas Criollo Lechero Tropical.	31
Figura 1.3.	Lactancias por número de parto (1- 4 o más) ajustadas usando regresión local con polinomios de primer orden y <i>span</i> de 0.8.....	32
Figura 1.4.	Lactancias por número de parto (1- 4 o más) ajustadas usando regresión local con polinomios de primer orden y <i>span</i> de 0.4.....	32
Figura 1.5.	Lactancias por número de parto (1- 4 o más) ajustadas usando regresión local con polinomios de segundo orden y <i>span</i> de 0.8....	33
Figura 1.6.	Lactancias por número de parto (1- 4 o más) ajustadas usando regresión local con polinomios de segundo orden y <i>span</i> de 0.4....	33
Figura 1.7.	Lactancias por parto, usando regresión local con polinomios de segundo orden y <i>span</i> de 0.4.	34
Figura 1.8.	Lactancias por época de parto ajustadas usando regresión local con polinomios de segundo orden y <i>span</i> de 0.4.....	35
Figura 1.9.	Lactancias por época de muestreo ajustadas usando regresión local con polinomios de segundo orden y <i>span</i> de 0.4.....	36
Figura 1.10	Lactancias por año de parto ajustadas usando regresión local con polinomios de segundo orden y <i>span</i> de 0.4.....	37
Figure 2.1.	Distribution of number of test-day records and average daily milk yield in 30-day intervals along lactation.....	42
Figure 2.2.	Estimated additive genetic variance (V_G) and permanent environmental variance (V_{PE}) for test-day milk yield along lactation in five models.	46
Figure 2.3.	Estimated heritability and repeatability for test-day milk yield along lactation in Wilmink model and first order Legendre polynomials for additive genetic effect and second order Legendre polynomials for permanent environmental effect model.....	47
Figure 2.4.	Genetic correlations between DIM in a) Wilmink model and b) first	48

order Legendre polynomials for additive genetic effect and second order Legendre polynomials for permanent environmental effect model.....

Figura 3.1.	Varianza genética aditiva (V_G) y varianza del ambiente permanente (V_{AP}) para producción de leche en días de prueba.....	62
Figura 3.2.	Índice de herencia e índice de constancia para producción de leche en días de prueba.....	64
Figura 3.3.	Correlaciones genéticas entre días de la lactancia.....	66
Figura 3.4.	Correlaciones fenotípicas entre días de la lactancia.....	67
Figura 3.5.	Curva de lactancia media observada y curva media de lactancia media ajustada.	68
Figura 3.6.	Curvas de lactancia estimadas para diferente número de parto.	68
Figura 3.7.	Tendencias genéticas para producción de leche acumulada a 305 días en toros Criollo Lechero Tropical.....	71
Figura 3.8.	Tendencias genéticas para producción de leche acumulada a 305 días en vacas Criollo Lechero Tropical.....	72
Figura 4.1.	Trazas del muestreo (<i>sampler trace</i>) para la varianza del intercepto para el efecto genético aditivo (g_{11}).....	80
Figura 4.2.	Densidades posteriores para componentes de (co)varianza del efecto genético aditivo.	84
Figura 4.3.	Densidades posteriores para componentes de (co)varianza del efecto ambiental permanente.	85
Figura 4.4.	Densidad posterior para la varianza residual.....	86

LISTA DE ANEXOS

Cuadro A1.	Valores genéticos para toros Criollo Lechero Tropical con 10 ó más hijas con registros de producción de leche (PL305).....	101
Cuadro A2.	Valores genéticos para toros Criollo Lechero Tropical con menos de 10 hijas con registros de producción de leche (PL305).	102
Cuadro A3.	Valores genéticos para vacas Criollo Lechero Tropical (PL305)..	105
Figura A4.	Lag-autocorrelaciones entre las muestras de las cadenas de Markov para componentes de (co)varianza del efecto genético aditivo.	116
Figura A5.	Lag-autocorrelaciones entre las muestras de las cadenas de Markov para algunos componentes de (co)varianza del efecto ambiental permanente.	117
Figura A6.	Lag-autocorrelaciones entre las muestras de las cadenas de Markov para la varianza residual.....	118
Figura A7.	Trazas del muestreo (<i>sampler trace</i>) para los coeficientes de regresión de los efectos genéticos aditivos.....	118
Figura A8.	Trazas del muestreo (<i>sampler trace</i>) para los coeficientes de regresión de los efectos del ambiente permanente.....	119
Figura A9.	Trazas del muestreo (<i>sampler trace</i>) para la varianza residual...	120
Figura A10.	Media muestral para varianza residual a lo largo de las diferentes iteraciones.	120
Figura A11.	Media muestral para componentes de (co)varianza del efecto genético aditivo.	121
Figura A12.	Media muestral para componentes de (co)varianza del efecto ambiental permanente.	122
Figura A13.	Medias posteriores estimadas para componentes de varianza...	123
Figura A14.	Intervalos de mayor probabilidad (95%) para componentes de varianza.....	124
Anexo A15.	Fotos de toros y vacas de la raza Criollo Lechero Tropical.....	125

La bondad genética productiva debe basarse en datos obtenidos en las mismas condiciones en que se van a explotar los descendientes de los animales seleccionados.

Jay L. Lush, 1945

La zootecnia mundial se encuentra ante una grave crisis en este principio de siglo. Se han agravado muchas divergencias de opiniones (no científicas) que empujan a la zootecnia por veredas de extremado dominio de la industrialización sobre las actividades del campo, y si las camina, forzada por fuerzas externas a la ciencia, pierde su mejor aliado para ser útil a la humanidad y se convierte en esclava de tendencias prefabricadas, casi de plástico, pero muy poderosas en el momento histórico que nos ha tocado vivir.

Jorge de Alba, 2006

INTRODUCCIÓN GENERAL

1. Planteamiento del problema

En las áreas tropicales bajas de climas cálidos de México existe una ganadería bovina con tradiciones y pequeñas industrias lecheras y queseras, donde ninguna de las razas europeas de origen templado ha sido capaz de sobrevivir, reproducirse y producir satisfactoriamente. Para mejorar la sostenibilidad de la producción en estas áreas se requiere establecer programas de producción que incluyan animales que se adapten a estas condiciones, pues en esta región se concentra cerca del 60% del hato lechero nacional.

El ganado Criollo Lechero Tropical (CLT) presenta alta fertilidad, tasa de sobrevivencia y longevidad superiores a otras razas adaptadas, además de que es capaz de producir leche de alta calidad con alimentación exclusivamente basada en el pastoreo. El aprovechamiento de este ganado demanda el establecimiento de criterios de mejora genética y ambiental específicos, donde el estudio de su lactancia y la obtención de valores genéticos con base en ella, son herramientas fundamentales.

Los estudios de la lactancia del ganado tropical son limitados y más aún en el caso de los genotipos criollos. En estos estudios se han utilizado modelos de análisis obtenidos con otras razas lecheras de ganado bajo condiciones climáticas y tecnológicas distintas. Como consecuencia, una proporción importante de registros de producción y lactancias son eliminadas de los análisis por no “ajustarse” al modelo utilizado.

Los registros de producción de leche de la ganadería tropical son difíciles de obtener, escasos, costosos y generalmente solventados por los ganaderos; por ello resulta fundamental hacer un uso eficiente de la información, y la metodología de los modelos de regresión aleatoria se presenta aquí como una opción atractiva.

2. Objetivos

Objetivo general

Caracterizar la lactancia del ganado Criollo Lechero Tropical a través del uso de todos los datos disponibles, la comparación de modelos de regresión aleatoria, estimación de parámetros genéticos y evaluación genética de toros y vacas,

Objetivos particulares

1. Explorar la forma funcional de la lactancia del ganado CLT mediante regresión no paramétrica, para reducir el número de modelos a comparar.
2. Comparar diversos modelos de regresión aleatoria para producción de leche en día de prueba, con variación en su función de covarianza.
3. Caracterizar la lactancia media y por niveles de efectos fijos.
4. Estimar valores genéticos de sementales y vacas CLT para rendimiento en día de prueba. Determinar la influencia de diferentes distribuciones *a priori* en la distribución final de los parámetros a través de un análisis Bayesiano.

3. Hipótesis

1. La exploración sistemática mediante regresión no paramétrica de registros de producción de leche en día de prueba del ganado CLT, es una herramienta valiosa para una aproximación inicial a la caracterización de su lactancia.
2. La metodología de los modelos de regresión aleatoria es útil en la estimación de parámetros genéticos para producción diaria de leche en cualquier punto de la lactancia del ganado CLT, los cuales varían a lo largo de misma.
3. Los polinomios de Legendre ofrecen un mejor ajuste que la función de Wilmink (1987).

4. La máxima producción diaria de leche de las vacas CLT ocurre al inicio de la lactancia y un polinomio de bajo orden es útil para describir la forma de la lactancia.
5. La metodología de modelos de regresión aleatoria es útil para la categorización individual de toros y vacas CLT.
6. El uso de diferentes distribuciones *a priori* para un mismo modelo influye en la distribución final de los parámetros de la lactancia del ganado CLT.

4. Revisión de literatura

4.1 Importancia de los recursos genéticos animales

Preservar la diversidad de los recursos genéticos animales es una forma para contribuir a la seguridad alimentaria de los países, puesto que los animales locales son fuente de alimento, proporcionan abonos orgánicos, su fuerza se aprovecha para cultivar, cosechar y transportar productos agrícolas y son fuente de diversos productos como el cuero, lana y plumas, lo que genera ingresos a las comunidades rurales (Vacaro y López, 1995; FAO, 2006).

Los genotipos locales son parte del patrimonio de la naturaleza para la humanidad y su pérdida implicaría una disminución en la riqueza natural y calidad de vida de la sociedad, por lo que su conservación como actividad consciente y organizada debe ser un tema fundamental en la agenda pública (Hodges, 2001). La FAO considera que una estrategia orientada hacia el desarrollo de estos genotipos sería más sostenible a largo plazo, en lugar de tratar de cubrir las necesidades nacionales con recursos genéticos externos. Además, Ortiz (1998) considera que es más económico y rentable utilizar una especie adaptada a las condiciones del entorno, que pretender modificar el ambiente para introducir una raza no adaptada.

4.2 El ganado bovino criollo en México y América Latina

La ganadería bovina fue desconocida en América antes de la llegada de los conquistadores españoles. Los primeros embarques de ganado bovino hacia el nuevo mundo se realizaron a partir del segundo viaje de Cristóbal Colón, quién desembarcó en La Española (actualmente República Dominicana y Haití) en noviembre de 1493. Posteriormente el ganado bovino viajó hacia Puerto Rico y Jamaica en 1509 y hacia Cuba en 1511. El primer embarque a territorio continental americano se realizó de la República Dominicana hacia Panamá en 1510 y de ahí el ganado se distribuyó por Centroamérica. El primer desembarque de ganado bovino en México se registró en 1521 en Tampico, con ganado proveniente de Cuba; en 1522 se registraron más desembarques en Veracruz provenientes de Cuba y República Dominicana (Rouse, 1977).

Ante la abundancia de pastizales, el ganado vivió en las sabanas y valles de las montañas de América Latina durante varios siglos, muchas veces en estado semi-salvaje. Al estar expuesto al ambiente natural por varias generaciones, este ganado se adaptó a las condiciones locales y desarrolló características que le permitieron sobrevivir, soportando condiciones climáticas extremas, defendiéndose de depredadores y tolerando numerosas enfermedades (FAO, 1981).

A partir de la mitad del siglo XIX, pero en mayor grado en el siglo XX, el ganado Cebú fue introducido a América Latina con el propósito de mejorar la producción de leche y carne de los ganados Criollos. Se obtuvieron excelentes resultados, especialmente en la generación F1, pero el mejoramiento atribuido al Cebú se debió a la heterosis y ésta se perdió cuando el cruzamiento con el Cebú se continuó y ocurrió una absorción de las razas criollas (FAO, 1981). Por otro lado, otras razas de ganado (como el Charolais) introducidas a México lograron muy buena adaptabilidad a los climas cálidos del país, gracias a la influencia de vacas criollas con las que se cruzaron (Rouse, 1977).

Don Jorge de Alba, distinguido criollista y científico mexicano, después de diez años de esfuerzos, logra en 1975 establecer el primer hato organizado de ganado criollo en forma organizada en Tampico, Tamaulipas, a partir de vacas criollas provenientes de Nicaragua, Costa Rica y de algunas regiones de México., Años más tarde en 1999, se constituye la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Lechero Tropical, A.C (AMCROLET).

Las principales razas o tipos de bovinos criollos que actualmente podemos encontrar en México son Chinampo, Criollo de Rodeo, Coreño, Mixteco, Criollo Lechero Tropical y Romosinuano (frecuentemente los cuatro primeros se agrupan como Criollo Mexicano y su diferenciación documentada está más bien delimitada de manera regional que caracterizaciones fenotípicas o genéticas).

El ganado Chinampo se encuentra en la región desértica de Baja California, es un animal de gran rusticidad y presenta una conducta considerablemente dócil. Por las condiciones de la escasez de pastos en los lugares que habita, este ganado se ve forzado a consumir las partes verdes de arbustos espinosos y cactáceas (SAGARPA, 2002), llegando a consumir hierba loca (*Astragalus mollissimus Torr.*), una planta venenosa muy frecuente en su hábitat y cuyo consumo puede ocasionar la muerte en otros animales (de Alba, 2005). En 2002 se estimaba una población de 78 mil Criollos Chinampo puros en Baja California. Actualmente se conoce muy poco de sus características productivas, ya que las publicaciones referidas solamente señalan sus características de tipo, siendo en su mayoría color blanco con manchas negras o rojas, pero se pueden encontrar también animales casi totalmente blancos o de color amarillo claro (SAGARPA, 2002).

El ganado Criollo de Rodeo es tal vez el bovino Criollo más abundante en México y el de más variadas características. Este es un tipo de ganado descendiente de los bovinos españoles introducidos principalmente en la región norte del país a fines del siglo XVI, donde a través del tiempo, se fueron concentrando en serranía y

barrancas, áreas en la que desarrolló una gran rusticidad. Este ganado tiene una amplia aceptación como producto de exportación en el mercado de los EUA, donde se demanda de un novillo de bajo peso y cuernos grandes, apropiado para los eventos de rodeo profesional, aunque también representa una fuente de carne, leche y/o fuerza de tiro en las labores agrícolas de las unidades de producción rural (SAGARPA, 2002).

Una raza criolla colombiana introducida a México, es el ganado Romosinuano. Esta raza toma su nombre de “Romo” que significa sin cuernos y “sinuana” por haberse originado en el Valle del Sinú, Colombia. Existe controversia acerca de la formación de esta raza, pues hay quienes dicen que se formó mediante la cruce entre la raza Costeño con Cuernos de Colombia y el Aberdeen Angus Rojo y Red Polled, y la frecuencia del gen romo se incrementó rápidamente dentro de la población debido a su condición dominante (Hernández, 1976); sin embargo, Pinzón (1981) sostiene que lo que ocurrió fue una mutación espontánea en el Costeño con Cuernos que originó este ganado con ausencia de cuernos. Esta última teoría es más aceptada, puesto que cuando se introdujeron el Aberdeen Angus y Red Polled a Colombia, el Romosinuano ya existía; además de que las razas inglesas mencionadas tienen la reminiscencia del cuerno en forma puntiaguda, en cambio en el Romosinuano es obtusa (Primo, 1992; Ossa, 2007).

Las características externas del ganado Romosinuano corresponden a un animal con pelaje que varía del amarillo claro al rojo cereza, con cabeza armoniosa, dorso fuerte y cuerpo cilíndrico, lo que lo identifica como el criollo de más tipo cárnico (Primo, 1992). Las vacas, por sus índices de fertilidad (81%), se encuentran entre las más prolíficas de las razas bovinas, factor determinante para la productividad en el ganado para carne (Hernández, 1981; Martínez, 1998; Ossa, 2007). En México, los registros genealógicos de la raza son llevados por la AMCROLET.

Por otro lado, el Ganado Criollo Lechero Tropical (CLT), es una raza formada a partir de criollos provenientes de Nicaragua y Costa Rica y en menor importancia por

vacas criollas de los estados de Oaxaca y Colima, en México. Este ganado también se registra en la AMCROLET, con datos de producción en día de prueba desde 1974. La AMCROLET agremia a ganaderos mexicanos y nicaragüenses, conocedores de la raza y, que están desarrollando la mejora genética de la misma.

Las características anatómicas, fisiológicas y biológicas del ganado CLT le confieren gran adaptación, ya que posee un pelaje corto, escaso y brillante, piel gruesa y pigmentada, arrugas en la piel de la frente, alrededor de los ojos y en la tabla del cuello. El color del pelo es generalmente rojo, pero puede variar desde el bayo hasta el negro, también existen los animales con cabos negros (extremidades con pelo más oscuro), la inserción de la cola es alta, descarnada y con poco pelo en la borla (de Alba, 1985). Este ganado se ha desarrollado a lo largo de cinco siglos y su adaptación se evidencia a través de su resistencia a endo y ectoparásitos, y a enfermedades de origen bacterial y viral; además, compite exitosamente desde el punto de vista productivo y reproductivo con el ganado cebuino y muestra un buen vigor híbrido en los cruzamientos (Rouse, 1981).

En la selección del ganado bovino para producción de leche en ambientes tropicales se han realizado varios esfuerzos; son relevantes a este respecto los programas en Costa Rica y otros países de América para desarrollar nuevas razas lecheras específicamente adaptadas a climas cálidos de regiones tropicales y subtropicales (Wilcox *et al.*, 1992).

4.3 La producción lechera en los climas cálidos de México

Las regiones tropicales de climas cálidos se encuentran en desventaja ante la oferta de productos lácteos de regiones con climas templados. En México, el ingreso creciente de ellos lo coloca como el segundo país importador de leche en polvo al nivel mundial, con un gasto de 286 millones de dólares por este concepto (SIAP, 2003). El desarrollo de cuencas lecheras en el trópico de altura del Altiplano

Mexicano de clima templado y en la región árida de climas secos no ha sido capaz de modificar esta situación.

La estrategia de producción en regiones tropicales de climas cálidos, con animales cruzados primero de Suizo Pardo con Cebú y más tarde de Holstein por Cebú, generó complementariedad y vigor híbrido entre razas, pero esto no fue perdurable y menos aún cuando se han empleado toros mezclados en proporciones azarosas de dos o más razas, después de lo cual ya no fue posible renacer el vigor híbrido inicial (de Alba, 1999).

Actualmente, el comportamiento reproductivo del ganado bovino de la zona costera tropical cálida del Golfo de México es pobre, sobre todo en los sistemas de producción de doble propósito. En esta zona las vacas tienen una vida media de 10 años, con sólo 16% de días productivos. Esta situación es resultado de un período interparto largo de 540 días y una retardada edad al primer parto, mayor de 3 años (Villa-Godoy, 1994).

Muchas de las áreas tropicales de clima cálido del país tienen vocación ganadera, tradiciones, pequeñas industrias lecheras y queseras, pero ninguna de las razas de origen europeo que se adaptan al Altiplano Mexicano ha sido capaz de sobrevivir, producir y reproducirse satisfactoriamente en este ambiente. En este medio, las altas temperaturas, humedad, radiación solar y altas cargas parasitarias, cancelan las ventajas genéticas de esos animales inadaptados (de Alba, 1999).

México tiene la posibilidad de incrementar su producción de leche llevando a cabo investigación que busque superar los factores genéticos y ambientales que limitan la productividad. Una de las acciones estratégicas es mejorar al ganado para que sea más productivo y se adapte a las condiciones tropicales del país, pues esta región concentra cerca del 60% del hato lechero nacional (Rosendo-Ponce, 1998).

Afortunadamente la genética aditiva es acumulable si se utilizan las disciplinas de selección progresiva de razas puras adaptadas. Siguiendo este camino y a partir del ganado criollo lechero de Centroamérica y algunas adiciones de criollos tropicales mexicanos, se ha consolidado una raza lechera adaptada al trópico cálido, el Criollo Lechero Tropical (CLT), con adelantos genéticos en valores individuales tanto de toros como de vacas sobresalientes (de Alba, 1999).

La adaptabilidad de los genotipos criollos de América Latina a las regiones tropicales de climas cálidos se ha observado en estudios de fertilidad (Carmona y Muñoz, 1966; Rouse, 1981), calidad de la canal (Muñoz y Truman, 1969) y de producción de leche (de Alba y Carrera, 1958; Magofke, *et al.*, 1966; Magofke y Bodisco, 1966; Bodisco, *et al.*, 1966; Bodisco, *et al.*, 1968; Perozo *et al.*, 1975; de Alba, 1978; Contreras y Rincón, 1979; Bodisco, *et al.*, 1981; de Alba, 1985; de Alba y Kennedy, 1985; Campos, 1989; de Alba y Kennedy, 1994; Rosendo-Ponce, 1998; Rosendo-Ponce y Becerril-Pérez, 2002; Rueda, 2003).

El ganado Criollo Lechero Tropical ha mostrado una producción de leche de alta calidad, con 12.7% de sólidos totales 8.6% de sólidos no grasos, 3.9% de grasa, 3.9% de proteína total, 3.2% de caseínas y 3.8% lactosa. El rendimiento en queso se estima en 17%, con un contenido de grasa de 1.6%, esto equivale a decir que se requieren 6 litros en vez de 10 litros de leche de vacas Holstein o Cebuínas para producir un kilogramo de queso (Guerrero, 2004). El yogurt tiene una consistencia entre firme y muy firme en 81.7% de los casos, lo cual es importante porque no se requieren aditivos como leche en polvo (Estrella *et al.*, 2004).

La conducta reproductiva del macho y la calidad seminal de toretes CLT muestra una motilidad masal de 87% y una motilidad individual de 89%, con un porcentaje de anormalidad de 12% en primavera-invierno y 6% en verano (Estrella, 2005).

4.4 Origen y localización del hato Criollo Lechero Tropical de México

El hato CLT de México se inició en el Centro de Adiestramiento y Capacitación de la Asociación Mexicana de Producción Animal (AMPA), Rancho “El Apuro” en las Costas del Golfo de México y a 60 km al Norte del puerto de Tampico, a 10 msnm. En 1990 se vendieron los terrenos en Tampico y se adquirieron 100 ha de pastizales y bosques en la parte Centro-Norte del Estado de Veracruz a la altura del km 63.5 de la carretera Poza Rica-Nautla, fundándose así, el Rancho “El Respiro”. Posteriormente, se distribuyó parte del ganado en otros cinco ranchos, considerados como parte de un programa de cría de los socios del AMPA en la producción de becerros; se brindó apoyo técnico por parte del AMPA a los nuevos socios a cambio de recabar información periódica de los registros de producción (Rosendo-Ponce, 1998; Rueda, 2003).

Los animales fundadores fueron importados en 1965 de Nicaragua (18 vacas) y Costa Rica (2 toros), reproduciéndose por monta natural. En 1972 se importaron vacas Canadienne y Jersey de Canadá y se estableció la recolección de registros de producción, llevándose a partir de entonces, la reproducción por inseminación artificial. En 1979, se realizaron otras importaciones de semen de Costa Rica y Nicaragua. Se utilizaron además vacas criollas mexicanas provenientes de Oaxaca y Colima, quienes dejaron influencia en el hato cuando sus crías mostraron un comportamiento lechero y reproductivo sobresaliente. A partir de ese hato original, la población se ha mantenido de las hembras de reemplazo del mismo hato, además con dos toros de República Dominicana descendientes del antiguo hato de Turrialba y por la importación de semen, principalmente de Turrialba (Rosendo-Ponce, 1998; Rueda, 2003; de Alba, 2007 comunicación personal).

El hato experimental del Campus Veracruz, del Colegio de Postgraduados (CP) se adquirió de la AMPA en el año 2000 y consistió de 10 vacas calificadas como madres de toro, además de otras 48 hembras y 5 toretes. Actualmente se tienen 138 hembras de diferentes edades (ver fotos en Anexo A15) y el hato constituye el

núcleo más importante de la raza Criollo Lechero Tropical en México (Rueda, 2003), este hato mantiene conectividad a través del uso de la inseminación artificial con el hato fundador en la granja el Pino de Rivas, Nicaragua, propiedad de Doña Socorro, viuda de Reyna, con el cual ha retomado un esquema de mejoramiento genético conjunto.

Actualmente, el programa implementado con el ganado bovino Criollo Lechero Tropical representa uno de los esfuerzos más palpables de conservación y mejoramiento de recursos genéticos criollos en México, lo cual ha ocurrido gracias a la participación de la Asociación Mexicana de Criadores de Romosinuano y Lechero Tropical A. C. (AMCROLET) y el Colegio de Postgraduados, y mediante el apoyo financiero de proyectos con fondos SAGARPA-CONACYT.

4.5 El análisis de datos longitudinales

La característica distintiva de los datos longitudinales, es que se trata de mediciones tomadas sobre un mismo individuo repetidamente en el tiempo; por lo que su estudio apropiado permite caracterizar el cambio en la respuesta ocurrido en el tiempo y los factores que afectan dicho cambio (Diggle *et al.* 2000; Fitzmaurice *et al.*, 2004).

El estudio de fenómenos que involucran datos longitudinales no es nuevo en la producción animal. Por ejemplo, la producción láctea y los cambios de peso vivo de los animales han sido sujetos de estudio por décadas en ganado para leche y carne, respectivamente. Los animales difieren en su tasa de crecimiento y peso corporal adulto y es sabido que existe variación genética para esas características, tanto entre individuos como entre razas, lo cual puede ser usado en los programas de mejora genética animal. La elección de herramientas estadísticas efectivas que permitan medir adecuadamente esta variación es un aspecto fundamental (Sorensen y Gianola, 2002).

El análisis de datos longitudinales requiere métodos estadísticos especiales, debido a que el conjunto de observaciones realizadas en un mismo individuo tienden a estar correlacionadas y esta correlación debe tomarse en cuenta para obtener inferencias estadísticas válidas (Diggle *et al.* 2000). El ignorar la importancia de esta correlación, utilizando modelos de efectos fijos o modelos mixtos con estructuras de covarianzas muy simples, puede aumentar la tasa de error tipo I para la prueba de los efectos fijos del modelo (rechazar la hipótesis nula cuando ésta es cierta), mientras que un modelo muy complicado puede conducir a un sacrificio del poder y eficiencia de la prueba (Littell *et al.*, 2000; Wang y Goonewardene, 2004).

El surgimiento de esquemas de registro más extensivos y de nuevos y mejores métodos estadísticos de análisis para modelos longitudinales de efectos mixtos, ha renovado el interés por el análisis de estos datos en la ciencia animal (Sorensen y Gianola, 2002).

El modelo de repetibilidad ha sido empleado en evaluaciones genéticas para producción de leche acumulada a 305 días en la mayoría de los países hasta 1999 (Interbull, 2000). Este modelo considera las medidas sobre un mismo individuo a través del tiempo, como una expresión de la misma característica en el tiempo, es decir, asume una correlación genética de uno entre ellas; usualmente también asume igualdad de varianzas para todos los registros e igualdad en las correlaciones ambientales entre pares de registros. Las principales ventajas del modelo de repetibilidad son su simplicidad, sus bajos requerimientos computacionales y la estimación de pocos parámetros (Mrode, 2005).

El modelo de repetibilidad refleja muy poco la situación real de la estructura de datos longitudinales, requiere factores de ajuste para obtener la producción acumulada en la lactancia y demanda de factores de proyección cuando la lactancia está incompleta y el número de registros lo permite (Bar-Anan; *et al.*, 1985; Mrode, 2005).

Por otro lado, si se tiene interés en describir genética y ambientalmente la lactancia a través de una ecuación de predicción y sus parámetros, índices de herencia, índices de constancia, correlaciones genéticas y fenotípicas y valores genéticos, es necesario recurrir a los registros de producción en el día de pesada.

La alternativa del uso de la información completa y original de registros de producción en día de prueba (*test-day*) como base del análisis, en vez del único dato de producción acumulada a 305 días, ha sido un procedimiento estándar en las evaluaciones genéticas de los últimos años (Jamrozik *et al.*, 1997; Jensen, 2001). Los modelos para día de prueba (TDM por sus siglas en inglés, *test-day models*), tienen varias ventajas sobre el procedimiento tradicional, tales como la habilidad de considerar los efectos ambientales de cada registro (haciendo una corrección directa para efectos fijos a través del tiempo, sin necesidad de ajustes adicionales) y permitir modelar lactancias individuales (Swalve, 2000; Strabel *et al.*, 2005). Aunque los TDM implican el análisis de una gran cantidad de registros de producción y la estimación de más parámetros que el modelo tradicional, su desarrollo y utilización se promueve cada vez más en varios países (Strabel *et al.*, 2005).

Existen dos tipos de TDM que han sido usados ampliamente, a) análisis multi-tratamiento propuesto por Wiggans y Goddard (1997), donde las observaciones en días de prueba fijados son tratados como una misma característica, y b) modelos de regresión aleatoria (MRA) introducidos por Henderson (1982), y por Laird y Ware (1982), pero cuyo uso en ganado lechero para el análisis de producciones en día de prueba fue sugerido por Schaeffer y Dekkers (1994). En los MRA se utilizan funciones que describen la variabilidad de las covarianzas entre días de prueba. Un aspecto importante de estos dos tipos de modelos es que se obtienen componentes de varianza apropiados; sin embargo, en los modelos multi-carácter la exactitud decrece, debido a que los registros deben ser tomados en días establecidos y a determinados intervalos, por lo que cualquier registro que se encuentre fuera de estos intervalos requiere ser preajustado y puede no ser útil (Nobre *et al.*, 2003). Los modelos multi-carácter han sido usados típicamente para estudiar curvas de

crecimiento y realizar evaluaciones genéticas en ganado para carne, donde tradicionalmente se toman registros en día de prueba considerando días e intervalos fijados (peso al nacimiento, peso al año, peso al destete, peso final, etc.), aunque recientemente los MRA han mostrado su superioridad también en esta área (e.g., Meyer, 2004; Robbins *et al.*, 2005).

Los MRA permiten el uso irrestricto de toda la información de registros disponible y que haya sido obtenida en cualquier longitud de intervalo de tiempo (tolerando registros perdidos ocurridos en el curso del fenómeno de estudio, o procesos incompletos y/o en curso) y en ganado lechero provee el mecanismo para evaluar persistencia, debido a que los valores genéticos pueden ser calculados para cualquier día o intervalo de la lactancia (Jamrozik *et al.*, 1997). Además, los datos de día de prueba pueden ser usados como predictores tempranos del mérito genético (Jaffrézic y Minini, 2003). Esto es trascendente, porque el uso eficiente de toda la información disponible es especialmente importante en las áreas tropicales, donde los registros de producción de leche son generalmente escasos, costosos y solventados por los propios productores (Carvalho *et al.*, 1998; Ilatsia *et al.*, 2007).

El uso de MRA se ha incrementado en los últimos diez años, prueba de ello son los 24 artículos con esta metodología presentados en el 7º Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Ganadería, en agosto de 2002 y los 67 artículos presentados en la 8º edición de este Congreso, en septiembre de 2006. Además, esta metodología es oficial en las evaluaciones genéticas lecheras nacionales de países como Canadá (desde 1999), Finlandia (desde 2000), Holanda, EE.UU., Alemania y Bélgica, entre otros.

Los MRA estiman la variación en la lactancia promedio mediante una función de regresión fija, y la variación en los efectos genéticos aditivos y del ambiente permanente para cada animal, mediante funciones de regresión aleatoria. De esta manera, se pueden identificar la forma promedio de la lactancia, para diferentes clases de efectos fijos o las desviaciones individuales de la forma general de la

lactancia (Schaeffer and Dekkers, 1994). Las funciones de covarianza utilizadas como funciones de regresión son interesantes en análisis genéticos de animales, debido a que los vectores y valores característicos tienen una interpretación propia, *i.e.* el valor característico principal corresponde al coeficiente de la constante del polinomio (Meyer y Hill, 1997).

En los MRA se han aplicado una gran variedad de funciones de regresión. Las funciones lactacionales como la de Ali-Schaeffer (Ali y Schaeffer, 1987) y la función de Wilmink (Wilmink, 1987) han sido ampliamente utilizadas. Sin embargo, en años recientes los polinomios ortogonales han sido la elección más común, esto debido a que las funciones de covarianza basadas en polinomios ortogonales no involucran supuestos acerca de la forma de la lactancia o la estructura de dispersión, y sólo requieren la elección del orden de aproximación y en menor medida de las funciones base (Meyer y Kirkpatrick, 2005).

Los polinomios de Legendre, propuestos por Kirkpatrick *et al.* (1990), han sido usados extensamente en los análisis de regresión aleatoria. Los polinomios de Legendre tienen beneficios tales como: 1) las funciones son ortogonales, lo que es útil para analizar patrones de variación genética (Kirkpatrick *et al.*, 1990), 2) las covariables son de pequeña magnitud (unidades estandarizadas de tiempo, de -1 a +1) lo que reduce problemas con errores de redondeo (Schaeffer, 2004), 3) los registros perdidos pueden ser predichos con exactitud aceptable (Pool y Meuwissen, 1999), y 4) a diferencia de los polinomios convencionales, se pueden emplear altos órdenes, debido a su mejor convergencia en algoritmos iterativos (Pool y Meuwissen, 1999).

Algunas revisiones sobre el uso de MRA en ganado lechero han sido publicadas por Swalve (1995, 1998, 2000), Jensen (2001) y por Schaeffer *et al.*, (2004). Schaeffer *et al.* (2000) presentan un resumen detallado sobre las aplicaciones de los MRA en Canadá.

La elección de los efectos fijos a considerar en los MRA es también un aspecto importante, pues estos representan las correcciones ambientales que afectan la lactancia a través del tiempo y que el modelo realizará automáticamente. Ante los millones de registros en día de prueba que caracterizan a los esquemas de levantamiento de registros de producción en los países desarrollados de clima templado, el efecto hato-día de prueba es el efecto fijo que por sí solo controla gran parte de la variación ambiental existente; sin embargo, cuando los registros no son tan abundantes, el efecto hato-año-estación de parto puede seguir siendo el efecto ambiental más pertinente. Si se analizan registros multilactacionales, una opción es considerar el número de parto como efecto fijo y las regresiones fijas anidadas en el número de lactancia, pues en caso contrario se requiere aplicar un análisis multivariado, donde la producción diaria se considera característica longitudinal y la producción en diferentes lactancias son características correlacionadas, situación que complica el análisis del modelo.

Como ya se mencionó, la elección del orden apropiado de la función de regresión es un aspecto fundamental en los MRA y ello puede involucrar la comparación de un gran número de modelos con variación en el orden de la función de regresión fija y funciones de regresión aleatorias. Los modelos a comparar se pueden especificar con mayor claridad si previamente se visualiza la relación entre las variables, mediante gráficas de lactancias individuales y gráficas de valores medios para grupos homogéneos, generando así una idea de la forma funcional de la relación.

Adicionalmente se pueden calcular diferentes valores promedio de la variable de respuesta (y), para valores agrupados de la variable predictora (x). Esta última estrategia conduce al uso de las técnicas de regresión no paramétrica, donde el modelo general se escribe en forma similar al modelo tradicional de regresión no lineal, pero con la diferencia de que en regresión no paramétrica la función que relaciona los valores promedio de la respuesta y el predictor no requiere ser especificada para ajustar el modelo. El propósito de la regresión no paramétrica es estimar la función de regresión en lugar de los parámetros γ , asume generalmente

que la función de regresión es una función continua suavizada (Cleveland y Loader, 1996; Fox, 2000; Fox 2002).

4.6 El análisis Bayesiano y los métodos convencionales de estimación

En el análisis de datos nuevos, los métodos estadísticos de estimación tradicionales ignoran el pasado. Las técnicas Bayesianas, en contraste, permiten iniciar con información que se cree o supone acerca del fenómeno y enseguida analizar cómo la nueva información cambia los supuestos iniciales. Para trabajar con el Teorema de Bayes se requiere de cálculos relativamente complicados, pero el concepto fundamental es sencillo (Malakoff, 1999).

La aplicación del Teorema de Bayes (nombrado así en honor a su descubridor Thomas Bayes, 1702-1761) se presenta como una consecuencia simple de la definición de probabilidad condicional (Malakoff, 1999; Infante y Zárate, 1997), donde:

$$P(A / B) = \frac{P(B / A)P(A)}{P(B)},$$

y con base en ello, el Teorema de Bayes se enuncia como sigue: sean A_1, A_2, \dots, A_k , k eventos que forman una partición de un espacio muestral M y sea B un evento en M . Suponga que $P(A_1), P(A_2), \dots, P(A_k), P(B / A_1), P(B / A_2), \dots, P(B / A_k)$ son probabilidades conocidas. Entonces:

$$P(A_i / B) = \frac{P(B / A_i)P(A_i)}{\sum_{j=1}^k P(B / A_j)P(A_j)}; \quad i = 1, 2, \dots, k$$

donde $P(A_j)$ es una probabilidad *a priori*.

La principal objeción que se hace a este tipo de inferencia, se basa en la elección de las probabilidades *a priori*, que en ocasiones se consideran subjetivas (Infante y Zárate, 1997). Sin embargo, actualmente se reconoce que existen situaciones prácticas en las que es apropiado formular el problema de estimación con referencia a conocimientos previamente existentes. En este sentido, la distribución *a priori* expresa el conocimiento o ignorancia sobre los parámetros antes de que los datos sean analizados y el Teorema de Bayes proporciona el mecanismo formal para realizar la estimación de dichos parámetros bajo este principio (Neyman, 1962).

En una situación práctica y de acuerdo a la descripción realizada por Piles (2000), se puede denotar por \mathbf{y} al vector de datos supuestamente generados de acuerdo al modelo M y por θ el vector de parámetros de dicho modelo, siguiendo el teorema de Bayes, la distribución que representa el grado de incertidumbre acerca de θ puede ser expresada como:

$$P(\theta | \mathbf{y}, M) = P(\mathbf{y} | \theta, M) * P(\theta | M) / P(\mathbf{y} | M),$$

donde $P(\mathbf{y} | \theta, M)$ es la función de verosimilitud que describe la probabilidad de observar los datos dados, los valores de los parámetros y el modelo. $P(\theta | M)$ es la distribución *a priori*. $P(\mathbf{y} | M)$ es la distribución marginal de las observaciones, la cual es de interés para la selección del modelo y actúa como una constante de proporcionalidad para que la distribución integre a la unidad. $P(\theta | \mathbf{y}, M)$ es la densidad posterior conjunta de los parámetros que es una descripción probabilística cuantitativa del valor de éstos una vez realizado el análisis.

El resultado obtenido puede ser actualizado posteriormente con base en información aportada por nuevos datos, generando de esta manera un proceso de aprendizaje continuo y racional en el que la distribución final se convierte enseguida en información *a priori* como ingrediente para un nuevo experimento (Piles, 2000; Sorensen y Gianola, 2002).

La información previa acerca de los parámetros puede provenir de resultados de otros experimentos, o bien de consideraciones teóricas o subjetivas originadas de la experiencia del investigador y en casos en que no existe información previa generalmente se utiliza una distribución *a priori* “no informativa”. La poca o nula existencia de conocimiento previo de los parámetros genera una de las mayores controversias para la aplicación de los métodos Bayesianos al momento de elegir una distribución *a priori* en particular; sin embargo, si la cantidad de datos es “grande”, la distribución *a priori* no tiene gran influencia sobre la distribución final y el problema se ve reducido (Blasco, 2001).

En este sentido, resulta interesante hasta qué punto el uso de diferentes distribuciones *a priori* influye en la forma de la distribución final de los parámetros cuando se trabaja con una muestra “pequeña” (como es el caso de las bases de datos de producción de leche en algunas regiones tropicales), o de otro modo, hasta que punto el tamaño de la muestra resulta suficientemente “grande” para que la distribución posterior no cambie por la elección de determinadas distribuciones *a priori*. Desde luego, se espera que la magnitud de la variación en la muestra y el control que el modelo tenga de la misma, jueguen un papel fundamental.

La distribución *a priori* utilizada en la Inferencia Bayesiana permite hacer enunciados de probabilidad acerca de los parámetros, lo que no logra la estimación clásica, ya que en esta última se hacen inferencias basándose en las propiedades asintóticas de la distribución y asumiendo siempre que se trabaja con el modelo correcto. Al hacer enunciados de probabilidad todos los parámetros desconocidos se consideran como variables aleatorias y de esta manera la interpretación es más sencilla. Por ejemplo, en la inferencia sobre un parámetro, es más natural buscar la probabilidad de un parámetro dados los datos, como se hace en el enfoque Bayesiano, que realizar inferencia en la estadística clásica buscando cual valor de este parámetro, si este fuera el valor verdadero, produciría nuestra muestra con más alta probabilidad (Blasco, 2001).

El análisis Bayesiano involucra integraciones complejas, que son difíciles o imposibles de solucionar mediante cálculo o análisis numérico convencional y por este motivo, el razonamiento Bayesiano permaneció sin atención por mucho tiempo, incluso Karl Pearson y Ronald A. Fisher descubrieron la importancia de hacer enunciados de probabilidad para los parámetros y pensaron en los escritos de Thomas Bayes, pero en su tiempo no tenían aún la herramienta para generar las Cadenas de Markov-Monte Carlo y obtener las distribuciones marginales posteriores de los parámetros de interés (Blasco, 2001).

La aplicación de los métodos de inferencia Bayesiana en el campo del mejoramiento genético animal fue propuesta por Gianola y Foulley (1982) y Gianola y Fernando (1986), y ha experimentado un gran impulso en los últimos años con la aparición de nuevos algoritmos y computadoras de gran capacidad. En un futuro próximo y con la aparición de software amigable se espera que esté tan generalizada o más que la inferencia frecuentista, particularmente para la solución de problemas complejos en los que esta última es incierta (Piles, 2000).

Al respecto, Walsh (2001) hace la conjetura de que en los próximos 20 años los métodos Bayesianos desplazarán a sus contrapartes de máxima verosimilitud. Investigadores como Daniel Gianola, Jean-Louis Foulley y Rhoan Fernando, han promovido el análisis Bayesiano en la Genética Cuantitativa desde hace más de 20 años y sus trabajos han servido de referencia para otras áreas. Un hecho que empieza a hacer realidad este pronóstico es que en el 8º Congreso Mundial de Genética Aplicada a la Ganadería, en septiembre de 2006, al menos 94 artículos utilizaron estimadores Bayesianos para su análisis.

4.7 Importancia del estudio de la lactancia

El comportamiento reproductivo de la vaca y su producción de leche están íntimamente relacionados entre sí, y ambos dependen del balance energético entre los tejidos del cuerpo y del alimento consumido (Haresing y Cole, 1981). Por lo

anterior, es importante conocer la forma de la lactancia del hato y a partir de ello actuar sobre la programación del manejo alimenticio y reproductivo. La lactancia debe estudiarse como un criterio para la mejora genética y ambiental en las explotaciones de ganado Criollo Lechero Tropical, al igual que en hatos de ganado lechero europeo explotado bajo condiciones de climas templados en países desarrollados (Campos, 1989).

El conocimiento preciso de la lactancia ayuda en aquellas situaciones en que el productor y/o las instituciones encargadas de los programas de mejora genética requieren obtener una predicción de la producción total o en cierto periodo a partir de registros parciales, haciendo posible con ello seleccionar animales en etapas tempranas de producción. (Congleton y Everett, 1979; Schneeberger, 1979, Chang *et al.*, 2001). Además, se puede realizar una clasificación productiva de las vacas en producción, con base en parámetros de la lactancia como tiempo del inicio hasta el nivel máximo de producción, rendimiento máximo y persistencia de la lactancia, los cuales pueden ser utilizados como criterios de selección para mejorar la producción en las explotaciones.

Wood (1967) propuso una función no lineal que caracteriza la curva de lactancia en la forma de: $Y_t = a t^b e^{-ct}$, donde Y_t es la producción media diaria durante el período t (ya sea en días, semanas o meses) y los parámetros a , b y c representan la producción inicial, el ascenso hasta el máximo de la producción y el descenso después del máximo, respectivamente. En ganaderías especializadas en producción intensiva de leche, una gran cantidad de lactancias se caracterizan por un rápido incremento en la producción durante las primeras semanas después del parto, hasta llegar a un nivel máximo, seguido de un lento descenso, tal como se muestra en la Figura 1 (Wood, 1969).

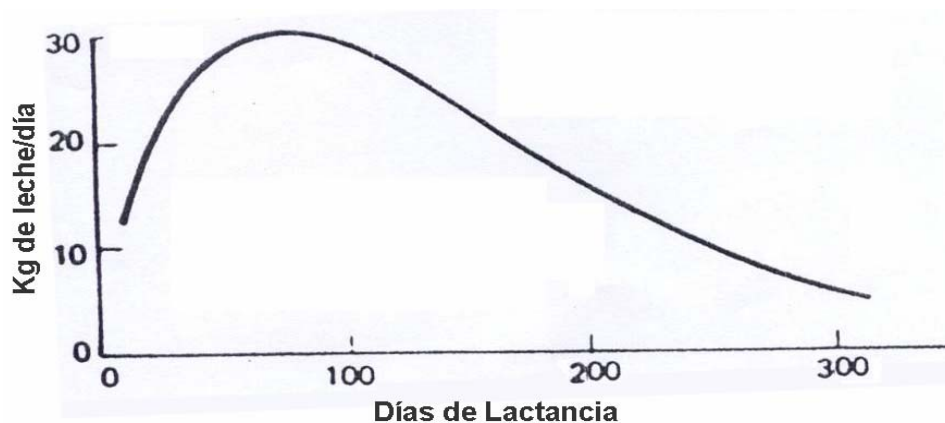


Figura 1. Curva de lactancia típica (Wood, 1969).

Por otro lado, Wilmink (1987) propuso una función exponencial lineal: $Y_t = a_1 + a_2t + a_3e^{-0.05t}$, que permite modelar el comportamiento de la producción diaria de leche al tiempo t (días en leche de la lactancia) y en años recientes ha sido ampliamente utilizada dentro de la metodología de los Modelos de Regresión Aleatoria. Lo mismo ha ocurrido con la función de Ali y Schaeffer (1987): $Y_t = a_0 + a_1 + a_2u + a_3u^2 + a_4v + a_5v^2$, donde $u = t/305$ y $v = \ln(305/t)$ y las funciones basadas en los polinomios de Legendre (Kirkpatrick, 1990), cuya flexibilidad para describir una gran variedad de formas de la lactancia ha sido descrita por varios autores (e.g. Meyer, 1998; Pool *et al.*, 2000; Macciotta *et al.*, 2005).

Ferris *et al.* (1983) señalan que una meta ambiciosa al estudiar la lactancia es el poder manipular, mediante estrategias de mejora genética, la forma de la misma, de manera tal que se logre una producción más eficiente de leche de acuerdo a necesidades específicas. Asimismo, si los parámetros de la lactancia son lo suficientemente heredables y su correlación genética con la producción de leche por lactancia es alta y positiva, estos podrían ser usados en un índice de selección con la búsqueda de incrementos en la ganancia genética sobre producción de leche, o para producir modificaciones deseables en la forma de la lactancia.

El estudio de la lactancia ha sido limitado en países como México, que cuenta con una alta variabilidad en relieves, climas y por tanto en sistemas de producción

lecheros, los cuales, generalmente se encuentran en desarrollo y/o supeditados o dependientes de tecnologías generadas por otros países y extrapoladas a nuestras condiciones; este hecho es más crítico aún en las áreas tropicales de climas cálidos del país, en las cuales los estudios sobre las razas o tipos bovinos adaptados a estas condiciones y con gran potencial, son poco frecuentes.

Aunque existen trayectorias esperadas de la lactancia del ganado de origen europeo, que han sido estudiadas y aceptadas para climas templados, existe un conocimiento limitado de estos tópicos para ganado lechero adaptado a climas cálidos de regiones tropicales. Esta situación ha contribuido a que se utilicen de manera generalizada funciones matemáticas que no necesariamente podrían ser las más adecuadas para describir la lactancia de vacas en hatos tropicales.

CAPÍTULO 1. EXPLORACIÓN DE LA FORMA DE LA LACTANCIA MEDIANTE REGRESIÓN NO PARAMÉTRICA

1.1 RESUMEN

La forma más común de caracterizar la lactancia en ganado lechero es a través de modelos paramétricos con coeficientes fijos y aleatorios, en cuyo caso el modelo resultante requiere la especificación de una función paramétrica subyacente. El ajuste de curvas mediante regresión local o *LOESS*, representa un enfoque no paramétrico en el cual los datos son explorados sistemáticamente, calculando diferentes valores promedio de la variable de respuesta para valores agrupados de la variable explicatoria y usando localmente mínimos cuadrados ponderados, que se basan en la distancia entre los puntos y el valor del predictor de interés. Se exploró la forma de la lactancia del ganado Criollo Lechero Tropical, considerando lactancias individuales y diferentes niveles de efectos fijos. La exploración permitió reducir el número de modelos de regresión aleatoria a comparar, pues la regresión no paramétrica mostró que es posible obtener ajustes apropiados con polinomios de bajo orden (primer y segundo grado) y niveles de *span* de 0.4 y 0.6.

Palabras claves: Criollo Lechero Tropical, lactancia, regresión no paramétrica, LOESS

1.2 INTRODUCCIÓN

Para analizar la relación entre dos variables cuantitativas, el análisis de regresión tradicional traza el valor promedio de la variable de respuesta (y) como una función del predictor (x). Un camino frecuente es suponer linealidad y estimar la relación con cuadrados mínimos ordinarios, pero la relación puede ser curvilínea y el supuesto de linealidad puede resultar en un sesgo en la especificación del modelo; entonces se puede recurrir a ajustar una función cuadrática basándose en la teoría e investigaciones previas sobre el fenómeno. Otro enfoque es explorar los datos sistemáticamente, calculando diferentes valores medios de la variable de respuesta

(y), para valores agrupados de la variable predictora (x), para descubrir la forma de la relación. Esta última estrategia conduce al uso de las técnicas de regresión no paramétrica (Fox, 2000).

Las técnicas de regresión no paramétrica son procedimientos para el ajuste de funciones de regresión cuando existe poco conocimiento *a priori* acerca de su forma. Los fundamentos de estas técnicas son antiguos, pero actualmente han logrado mayor desarrollo gracias a los avances recientes en computación, además de que los estudios por simulación han permitido establecer las bondades de su uso (Servy *et al.*, 2007).

Las técnicas de regresión lineal tradicionales tienen supuestos rígidos (linealidad, normalidad e independencia) y que pueden no cumplirse en varios sentidos y producir resultados impertinentes. En regresión no paramétrica el supuesto de linealidad se sustituye por una función de regresión suavizada (Cleveland *et al.*, 1992; Fox, 2000; Servy *et al.*, 2007). El costo de reducir el supuesto de linealidad en términos computacionales es grande y en algunos casos implica una mayor dificultad para entender los resultados; sin embargo, la ganancia en la exactitud de los estimadores de la función de regresión es potencialmente grande y ofrece la posibilidad de explorar áreas donde la relación varía con el predictor (Fox, 2000).

El modelo general de regresión no paramétrica se escribe en forma similar al modelo tradicional de regresión no lineal, pero con la diferencia de que en regresión no paramétrica la función que relaciona los valores medios de la respuesta y los predictores no requiere ser especificados para ajustar el modelo. En la regresión no paramétrica se tiene como objeto estimar la función de regresión en vez de los parámetros (Fox, 2002). Lo anterior se puede escribir como:

$$y_i = f(x_i) + \varepsilon_i = f(x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{ik}) + \varepsilon_i,$$

La técnica de regresión no paramétrica más utilizada es la regresión local o regresión localmente ponderada (*LOESS*), establecida por Cleveland (1979) y referida por Cleveland *et al.* (1988), y Cleveland y Loader (1996). Esta técnica permite ajustar curvas y superficies a datos, basándose en modelos de suavidad. *LOESS* aproxima espacialmente la relación entre la variable de respuesta y la variable explicatoria por medio de una curva suavizada basada en una función paramétrica, utiliza localmente mínimos cuadrados ponderados (MCP) y permite que los puntos más cercanos (en distancia Euclidiana) al valor del predictor de interés reciban la mayor ponderación (Cleveland y Devlin, 1988; Fox, 2000).

El presente capítulo se desarrolló como una primera aproximación a la forma de la lactancia del ganado Criollo Lechero Tropical (CLT), a través de explorar diferentes niveles de efectos fijos determinados y reducir así el número de modelos a comparar en el Capítulo 2.

1.3 MATERIALES Y MÉTODOS

Base de datos

Los datos utilizados en el estudio correspondieron a cuatro hatos de ganado CLT, tres de ellos (El Apuro, El Respiro y el hato del Colegio de Postgraduados Campus Veracruz) localizados en las tierras bajas del Golfo de México (entre 22°.28' y 19°.16' N, y alrededor de 96°.16' O, a una altura promedio de 14 msnm) y el cuarto (Finca El Pino, perteneciente a Doña Socorro, viuda de Reyna) ubicado en el sur de Nicaragua, en el Departamento de Rivas (11°.25' N y 85°.50' O, a 68 msnm).

En los cuatro hatos se utilizó un esquema de levantamiento de registros privado y solventado por los propios productores. Las condiciones climáticas varían entre cálido sub-húmedas y húmedas, con una temperatura media anual entre 23.5 y 27.0 °C y una precipitación entre 935 y 1,546 mm por año. La alimentación de los animales se basó en el pastoreo de pastos nativos e introducidos tales como

Cynodon plectostachyus, *Brachiaria mutica* y *Panicum maximum*. Las vacas fueron ordeñadas en forma manual, una vez al día (por la mañana) y con apoyo del becerro.

Se consideraron cuatro épocas de parto y de muestreo con base en los registros mensuales de temperatura y precipitación promedio para el periodo de 1961 a 1990 de las estaciones meteorológicas de Aldama, Tecolutla, Puente y Puente Jula que se encuentran cercanas a los hatos de El Apuro, El Respiro y del Colegio de Postgraduados, Campus Veracruz, respectivamente; y para el periodo 1994-2005 de la estación meteorológica Rivas, cercana a la finca El Pino (Figura 1.1).

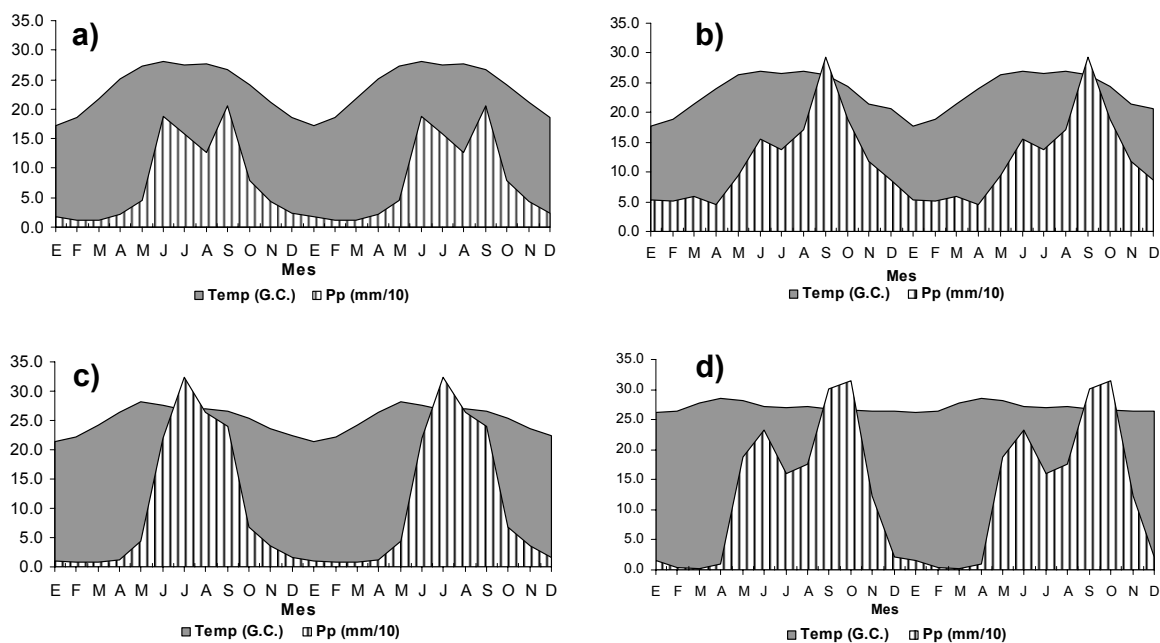


Figura 1.1. Distribución de la temperatura (grados Celsius) y precipitación (mm/10) media mensual, en los ranchos con ganado Criollo Lechero Tropical: a) El Apuro, b) El Respiro, c) Colegio de Postgraduados, Campus Veracruz y d) El Pino. Promedio del periodo 1961-1990 para los tres primeros y de 1994-2005 para el último rancho.

La base de datos inicial consideró 2,026 lactancias, con 22,083 registros de producción diaria, provenientes de 588 vacas CLT, paridas entre 1974 y 2006. Se desecharon registros y/o lactancias considerando los siguientes criterios: 1)

lactancias con menos de tres registros, 2) registros tomados en condiciones de enfermedad, 3) lactancias obtenidas sin el apoyo del becerro, 4) registros de producción correspondientes a una vaca que fue transferida a un segundo hato en el transcurso de su lactancia, y 5) registros tomados antes del día 6 del parto o después del día 400. La base de datos editada consideró 15,377 pesadas de leche (*test-day records*) con la estructura que se señala en el Cuadro 1.1.

Cuadro 1.1. Estructura de la base de datos.

Categoría	Hatos				Total
	Apuro	Respiro	CP	El Pino	
Animales con registro genealógico ¹					721
Sementales					119
Vacas					602
Animales con registros de producción	164	88	71	144	467
Lactancias por número de parto					
Primero	127	63	67	99	365
Segundo	97	61	36	88	282
Tercero	71	47	33	87	238
Cuarto o mas	206	107	57	192	562
Total	501	278	193	466	1,438
Kg de leche/día (400d*)	4.14	4.00	5.47	4.80	4.52
Registros	6,089	2,198	2,188	4,902	15,377

¹Los animales con registro genealógico pueden tener descendencia en dos o más hatos, por ello no se desglozan por hato. *La media de producción diaria de leche corresponde a 400 días de lactancia, con alimentación basada en pastoreo y un ordeño al día.

Se considerarán 400 días de lactancia, debido a que una proporción importante de las lactancias sobrepasaban los 305 días. Lo anterior porque cuando la vaca no se encuentra en un estado avanzado de preñez, los productores de ganado CLT continúan ordeñándola. Aún así, la base de datos es relativamente pequeña, en comparación con las bases de datos generadas en países desarrollados de clima templado y bajo esquemas oficiales de registro. Los valores medios de la producción diaria de leche a lo largo de la lactancia y la distribución del número de registros se muestran en la Figura 2.1 del siguiente capítulo.

Análisis

En primera instancia se analizaron visualmente lactancias de vacas individuales para tratar de descubrir patrones en su forma. Posteriormente se agruparon los datos por efectos fijos definidos (Número de Parto, Hato, Estación de Muestreo, Estación de Parto, Año de Parto) por medio del procedimiento *SORT* de SAS[®] (SAS, 2001).

Se ajustó una curva suavizada a los datos para efecto fijos determinados mediante regresión local y utilizando el paquete *nlm* y *lattice* del software libre R[®] (disponible en: <http://www.r-project.org>).

El análisis de regresión no paramétrica se enfoca en evaluar la función de regresión en un valor particular de x , llamado x_0 . Se ejecuta una regresión de y en x mediante un polinomio de p -ésimo orden y utilizando MCP, esto es:

$$y_i = a + b_1(x_i - x_0) + b_2(x_i - x_0)^2 + \dots + b_p(x_i - x_0)^p + e_i,$$

Los mínimos cuadrados ponderados fueron obtenidos para cada valor del predictor eligiendo primero un nivel de *span* (s), que determina el tamaño del vecindario (para el ajuste local); donde $s = 1$ implica que todos los puntos son usados en el ajuste local, mientras que un nivel de *span* < 1 denota que únicamente un subconjunto ($s \times 100\%$) de los puntos es usado en el ajuste local. Valores muy pequeños de *span* permiten una evaluación más detallada del enfoque local pero incrementan la varianza (Fox, 2000; Fox, 2002).

El número de puntos usados en el ajuste local dentro del vecindario (q) es igual a sn , donde n es el número total de predictores ($q = sn$). Los parámetros eliminados del ajuste local son utilizados para obtener los valores “predichos” de cada diferente predictor. Una vez que las predicciones locales han sido obtenidas para cada

predicor dado, los valores predichos son retornados y se forma una curva suavizada.

A medida que el nivel de *span* se incrementa, el ajuste local se acerca al ajuste global paramétrico (e.g., un ajuste local de un polinomio de segundo grado se acercaría a una regresión cuadrática a medida que *s* se incrementara). Sin embargo, aunque *s* sea igual a 1, el análisis *LOESS* arroja un ajuste local, debido a que los ponderadores locales son asignados *de novo* para obtener cada valor predicho (Fox, 2000).

Los ponderadores en *LOESS* están basados en la función kernel tricubica:

$$w_{ij} = \left[1 - \left(\frac{x_j - x_i}{\max(x_l - x_i)} \right)^3 \right]^3 \quad l = 1, 2, \dots, q_i$$

donde $i = 1, 2, \dots, n$, denota el número de valores distintos del predictor y w_{ij} indica el punto en el vecindario para el cual se asigna una ponderación.

En este sentido, las ponderaciones decrecen a medida que la distancia se incrementa, por lo que los puntos alejados de x_i tienen menor impacto en un valor dado de la curva suavizada.

En este estudio se valoraron polinomios de primero y segundo orden, así como niveles de *span* de 0.8, 0.6, 0.4 y 0.2. El análisis visual de los ajustes permitió tener una aproximación del orden apropiado de los polinomios y efectos fijos a considerar en la comparación de modelos de regresión aleatoria del Capítulo 2.

1.4 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las gráficas de lactancias individuales presentaron heterogeneidad en su forma (Figura 1.2); sin embargo, se debe tomar en cuenta la presencia de factores ambientales y genéticos que influyen en este comportamiento.

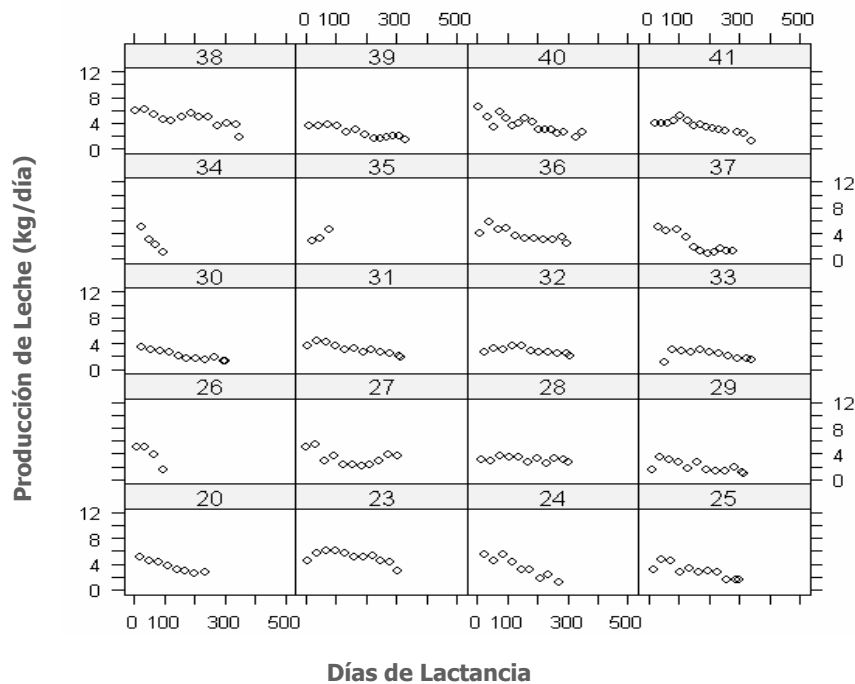


Figura 1.2. Lactancias individuales de algunas vacas Criollo Lechero Tropical

La forma de la lactancia obtenida por efecto fijos determinados mediante *LOESS*, es muy parecida en todos los partos, con un ligero o inexistente periodo inicial de ascenso en la producción (Figuras 1.3 a 1.6). A partir del segundo parto se observa una mayor producción media.

En las Figuras 1.3 a 1.6 se observa que los mejores ajustes se obtuvieron con el polinomio de segundo orden y mediante los niveles de *span* de 0.6 y 0.4. Con el nivel de *span* de 0.2 se presentaron problemas de ajuste.

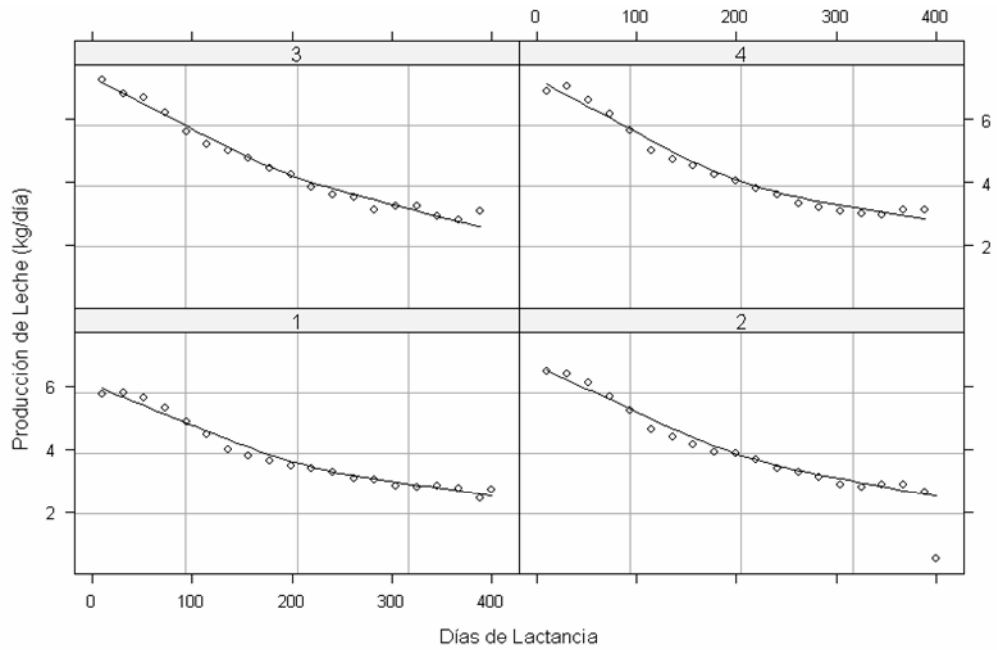


Figura 1.3. Lactancias por número de parto (1- 4 o más) ajustadas usando regresión local con polinomios de primer orden y *span* de 0.8.

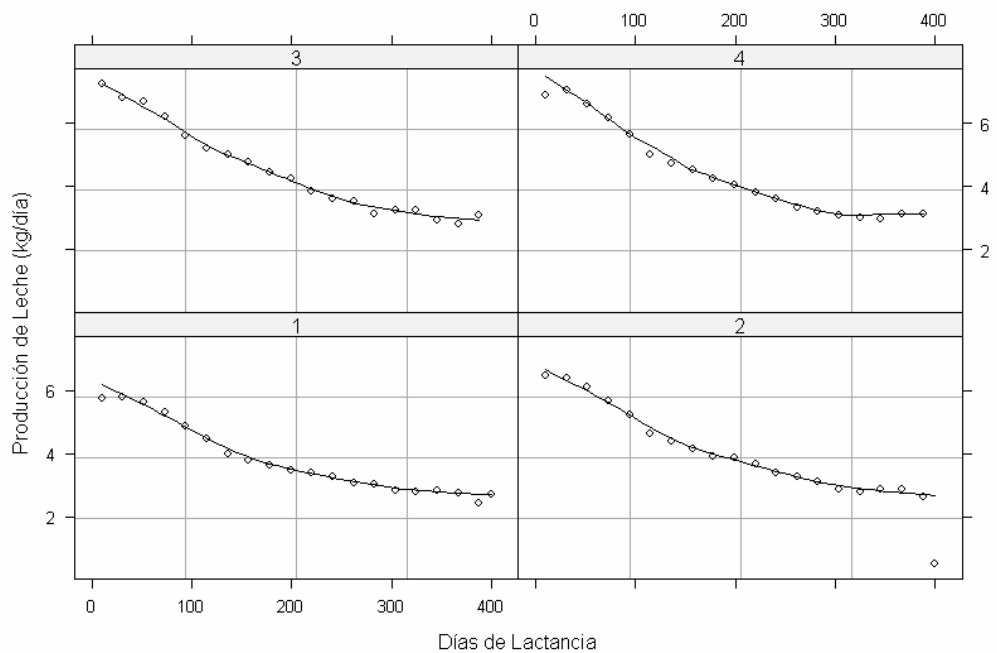


Figura 1.4. Lactancias por número de parto (1- 4 o más) ajustadas usando regresión local con polinomios de primer orden y *span* de 0.4.

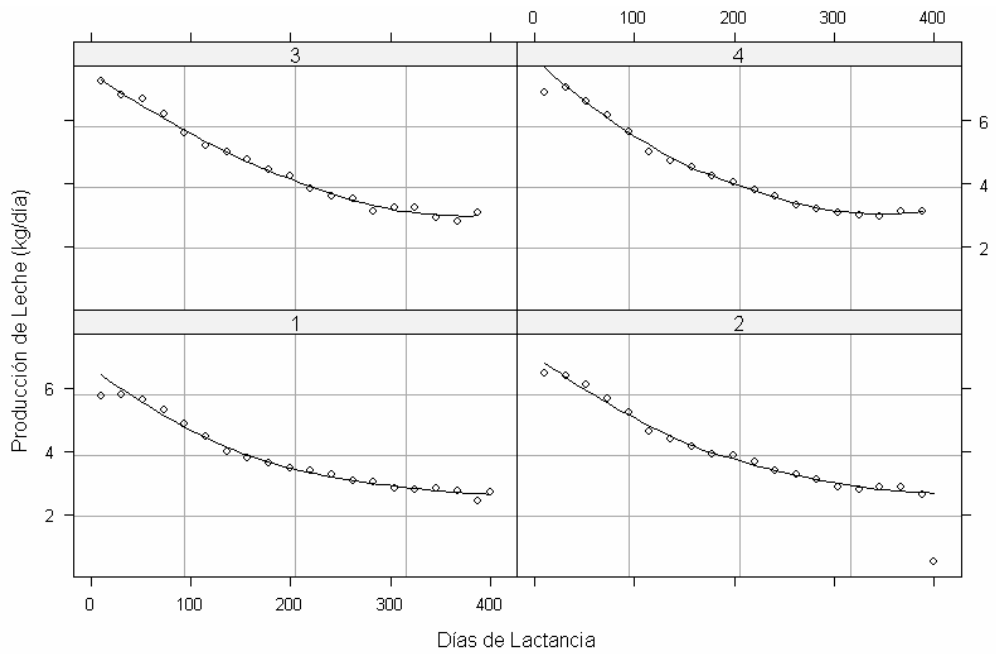


Figura 1.5. Lactancias por número de parto (1- 4 o más) ajustadas usando regresión local con polinomios de segundo orden y *span* de 0.8.

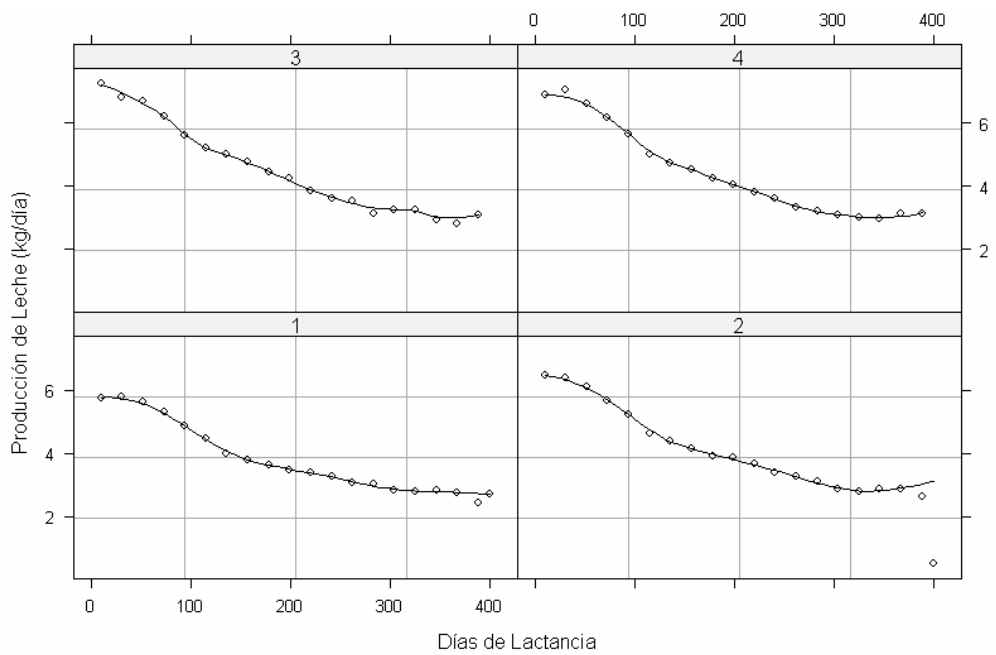


Figura 1.6. Lactancias por número de parto (1- 4 o más) ajustadas usando regresión local con polinomios de segundo orden y *span* de 0.4.

El polinomio de segundo orden y los niveles de *span* de 0.4 y 0.6 mostraron también el mejor ajuste cuando se analizaron los datos agrupados por Hato, Época de Parto, Época de Muestreo y Año. Por lo anterior, para estos efectos sólo se presenta el ajuste del polinomio de segundo orden con el nivel de *span* de 0.4.

En la Figura 1.7 se aprecian diferencias en la forma de la lactancia, sobre todo al considerar que los hatos del Colegio de Postgraduados (3) y de la Finca el Pino (4) no muestran un ascenso inicial en sus promedios de producción diaria, a diferencia de los hatos del Apuro (1) y el Respiro (2) en donde se obtuvo un ligero ascenso y un pico de producción muy temprano. Vale decir que el comportamiento heterogéneo en la parte final de la lactancia obedece a que no todas las lactancias alcanzaban registros después de los 305 días y por lo tanto se tiene menor cantidad de datos en esta fase.

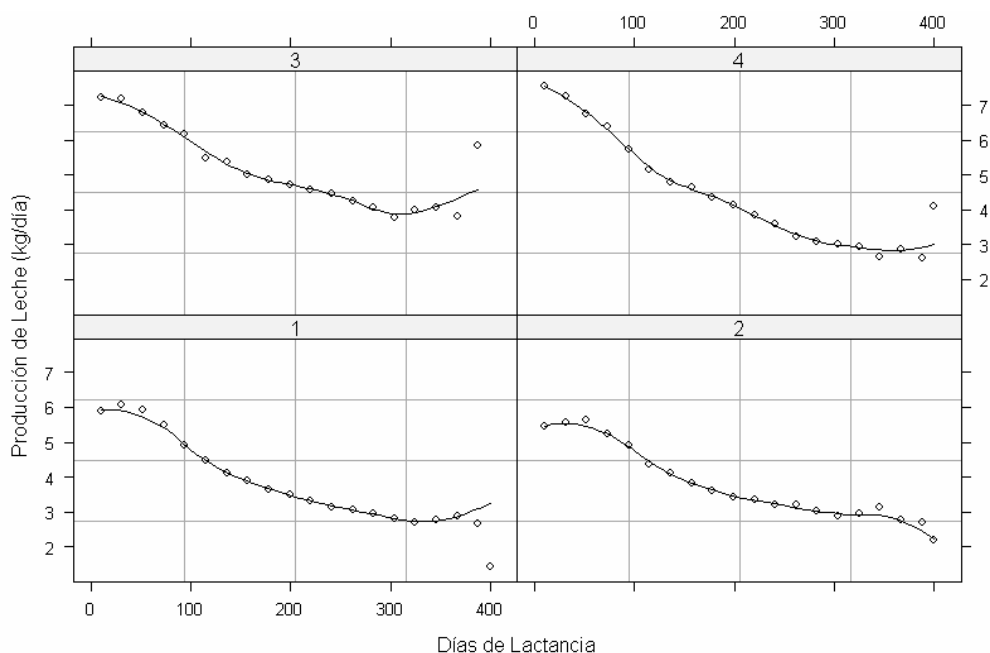


Figura 1.7. Lactancias por hato (1= Apuro, 2= Respiro, 3= CP, 4= El Pino), usando regresión local con polinomios de segundo orden y *span* de 0.4.

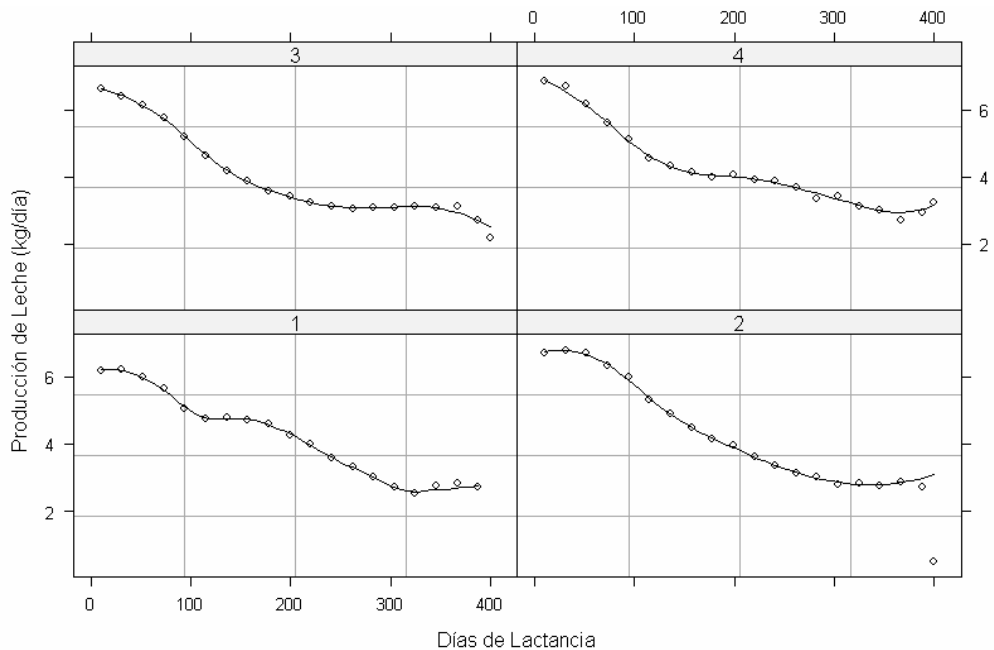


Figura 1.8. Lactancias por época de parto (1= Diciembre-Febrero, 2= Marzo-Mayo, 3= Junio-Agosto, 4= Septiembre-Noviembre) ajustadas usando regresión local con polinomios de segundo orden y *span* de 0.4.

En la Figura 1.8 se muestran las lactancias medias para las cuatro épocas de parto consideradas. Se observa cierta diferencia en la forma de acuerdo a la época en que ocurrió el parto de cada lactancia, con producciones de leche medias diarias ligeramente superiores después del primer parto.

En la Figura 1.9 se observan lactancias medias para las cuatro épocas de muestreo consideradas (coincidentes en tiempo y magnitud con las épocas de parto), siendo en apariencia la época de mayo a julio la que registró la mayor producción media, mientras que de noviembre a febrero se aprecia una menor producción media.

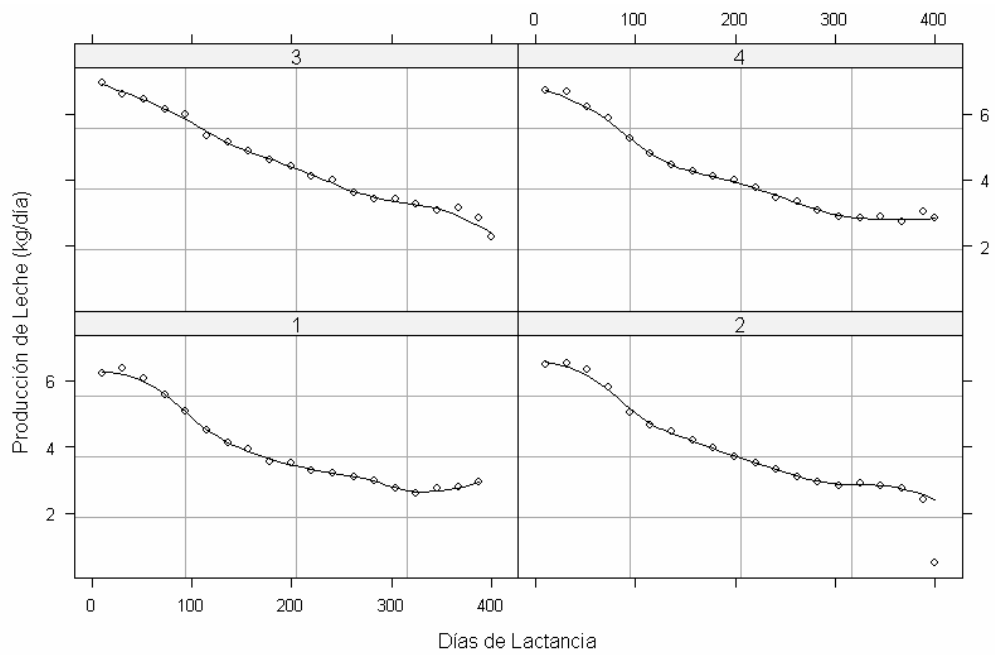


Figura 1.9. Lactancias por época de muestreo (1= Diciembre-Febrero, 2= Marzo-Mayo, 3= Junio-Agosto, 4= Septiembre-Noviembre) ajustadas usando regresión local con polinomios de segundo orden y *span* de 0.4.

Las lactancias medias muestran gran variabilidad entre años de parto (Figura 1.10), con diferentes pendientes y producción máxima al inicio o después de éste.

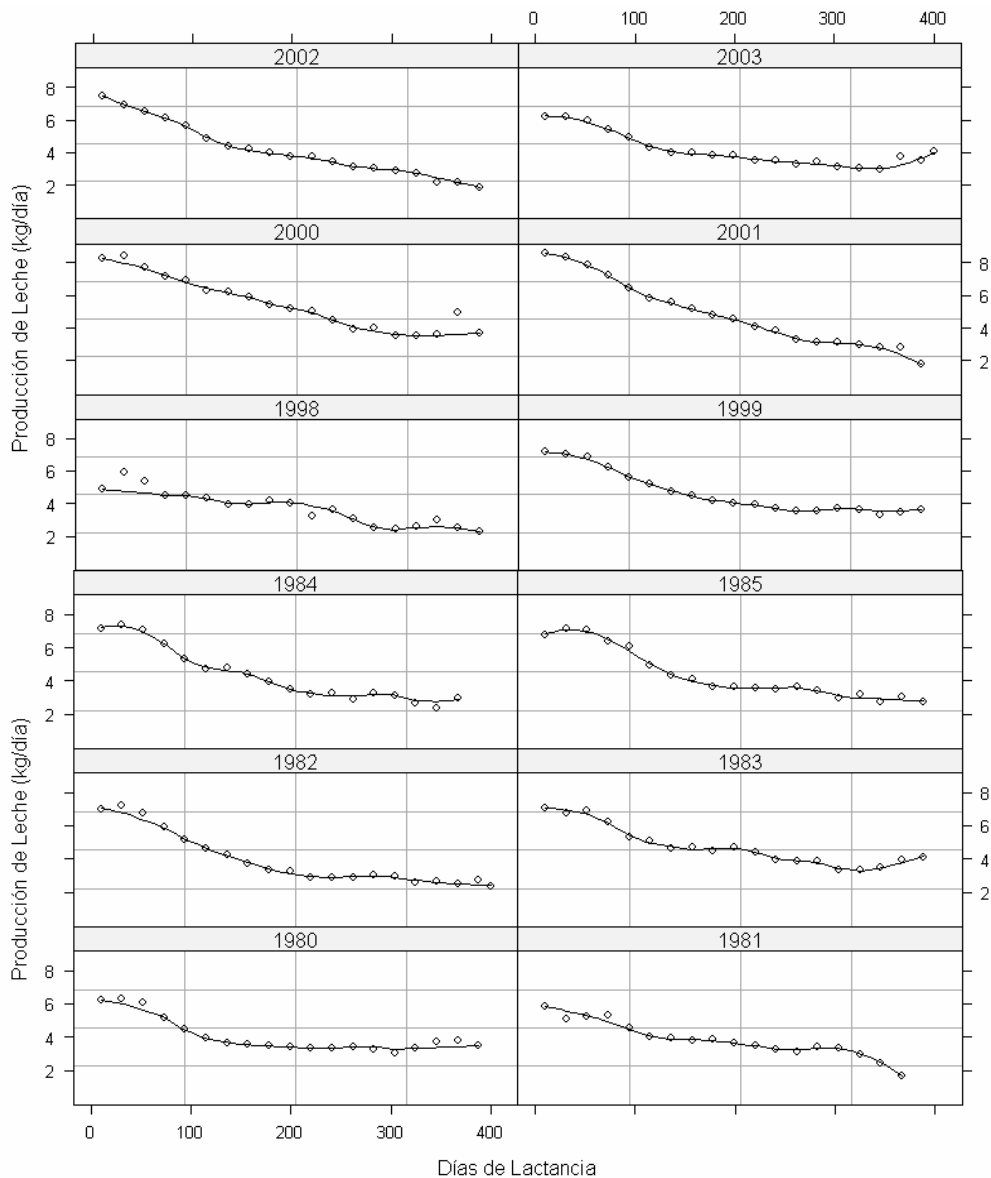


Figura 1.10. Lactancias por año de parto ajustadas usando regresión local con polinomios de segundo orden y *span* de 0.4.

1.5 CONCLUSIONES

Los polinomios de segundo orden con niveles de *span* de 0.4 y 0.6 mostraron los mejores ajustes. Por lo que se recomienda utilizar funciones de primer y segundo orden para las regresiones fijas y aleatorias en la comparación de modelos de regresión aleatoria para la lactancia de ganado Criollo Lechero Tropical.

Aunque visualmente se detectaron diferencias en los niveles de los efectos considerados, estas serán determinadas en las soluciones de los modelos de regresión aleatoria, en las que los ajustes por tales efectos se realizarán automáticamente para conocer la forma general de la lactancia.

CAPÍTULO 2. INFERRING GENETIC PARAMETERS OF LACTATION IN TROPICAL MILKING CRIOLLO CATTLE WITH RANDOM REGRESSION TEST-DAY MODELS¹

2.1 ABSTRACT

This study inferred genetic and permanent environmental variation of lactation in Tropical Milking Criollo cattle, and compared five random regression test-day models using Wilmink's function and Legendre polynomials. Data consisted of 15,377 test-day records from 467 Tropical Milking Criollo cows calved between 1974 and 2006 in the tropical lowlands of the Gulf Coast of Mexico and in southern Nicaragua. Estimated heritabilities of tests-day yield ranged from 0.18 to 0.45 and repeatabilities ranged from 0.35 to 0.68 for the period spanning from 6 to 400 days in milk. Genetic correlation between days in milk 10 and 400 was around 0.50, but higher than 0.90 for most pairs of test-days. The model used first order Legendre polynomials for additive genetic effect and second order for permanent environmental effect gave the smallest residual variance, and was favoured by the Akaike Information Criterion and likelihood ratio tests.

Key words: random regression, lactation, genetic parameter, Tropical Milking Criollo

2.2 INTRODUCTION

The quest towards increasing dairy productivity in tropical Latin America has refocused attention on the Tropical Milking Criollo (**TMC**) cattle (de Alba and Kennedy, 1994; Rosendo-Ponce and Becerril-Pérez, 2002). The current TMC is a *Bos taurus* descendant of Spanish cattle that was brought to tropical America more than five hundred years ago. The TMC breed has higher fertility, survival rate and longevity than other adapted breeds (Bodisco *et al.*, 1968; Rosendo-Ponce and Becerril-Pérez, 2002), and its milk is high in fat, proteins and total solids (de Alba, 1997). Studies of lactations under hot tropical conditions are very scarce especially

¹ Artículo en revisión en el *Journal of Dairy Science*.

with local breeds. Proper husbandry of these cattle requires consideration of genetic and environmental factors, and characterization of lactation is an important issue. Typically, mathematical functions developed for cows adapted to temperate regions are fitted to data from tropical cows (e.g., Osorio-Arce and Segura-Correa, 2005).

Use of test-day yields, instead of 305-day lactation production, has become common in genetic evaluation of dairy animals (Jensen, 2001). Test-day models have several advantages over traditional lactation models. These include the ability to account for environmental effects on each test-day (thus account for environmental signals that change over time), as well as the possibility of modelling individual cow lactations (Jensen, 2001; Strabel *et al.*, 2005). Although the use of test-day models implies analysis of larger data sets and possibly more parameters than for a traditional 305-day lactation model, they have already been developed and utilized in many countries (Strabel *et al.*, 2005).

Random regression test-day models (**RRTDM**), suggested by Schaeffer and Dekkers (1994), are appealing since all test-day records of an animal are utilized and genetic evaluation of persistency is a direct by-product given that breeding values can be predicted at any point of lactation (Jamrozik *et al.*, 1997). In addition, test-day records can be used to derive early predictors of genetic merit (Jaffrézik and Minini, 2003). In tropical areas, where data on milk production are generally scarce, efficient use of all information available is especially important (Carvalelheira *et al.*, 1998; Ilatsia *et al.*, 2007).

Different functions have been applied in RRTDM, and orthogonal polynomials are the most common choice. Covariance structures derived from orthogonal polynomials do not involve assumptions about the shape of the trajectory other than those implicit in the choice of order of approximation (Meyer and Kirkpatrick, 2005). Legendre polynomials, proposed by Kirkpatrick *et al.* (1990), have been used extensively in RRTDM analyses. Legendre polynomials have several attractive features, such as: 1) the polynomials are orthogonal, which is useful for analyzing

patterns of genetic variation (Kirkpatrick *et al.*, 1990), 2) covariates have small magnitudes (standardized unit of time, from -1 to +1), which reduces problems with rounding errors (Schaeffer, 2004), 3) missing records can be predicted with an acceptable accuracy (Pool and Meuwissen, 1999), and 4) a higher order regression is often estimable when conventional polynomials fail because of its better convergence in iterative algorithms (Pool and Meuwissen, 1999).

The objectives of this research were to infer genetic parameters of lactation in Tropical Milking Criollo cattle, and to compare five different random regression functions for test-day analyses.

2.3 MATERIAL AND METHODS

Data

Data were collected from three TMC herds located in the tropical lowlands of the Gulf Coast of Mexico (within 22°.28' and 19°.16' N, and nearby to 96°.16' W, at an average height of 14 m above sea level) and one in southern of Nicaragua (11°.25' N and 85°.50' W, at 68 m above sea level). The recording scheme used in all herds was unofficial and was supported by the farmers. Climatic conditions are hot sub-humid and humid, mean annual temperature ranges between 23.5 and 27.0 °C, and rainfall ranges from 935 to 1,546 mm per year. Cows grazed mostly on native and introduced pastures, like *Cynodon plectostachyus*, *Brachiaria mutica* and *Panicum maximum*; cows were manually milked once a day in the morning with the calf at foot.

The initial data base contained 2,026 lactations from 588 TMC cows, calved between 1974 and 2006. Records were discarded if fell in either of the following cases: lactations with less than three test-day records, observations under disease status, lactations in which the calf was not used to induce let-down, cow's records for the same lactation were in two different herds, and records before 6 or after 400 days in milk (**DIM**). After these edits, 15,377 test-day records form 1,438 multi-lactations

(356 first-lactation, 282 second, 238 third, and 562 \geq fourth-lactation), of 467 cows were used for the analysis. There were 119 sires and 602 dams presented in the pedigree. Proportion of sires to cows was high due to the importance to avoid mating related animals and consanguinity, because we are dealing with a small population. Moreover, we had eliminated several cows from the original data base because they did not have the test-day records (in many cases, the only information available was the total production by lactation). Herds were connected through the use of a number of the same sires through AI. A common practice in TMC is to continue milk the cow beyond 305 days because small amounts of milk per cow are still valuable in the tropical dairy unit. Figure 2.1 shows the distribution of number of test-day records and mean milk yield along lactation. The numbers of test-day records after 305 DIM was smaller than for other stages of lactation.

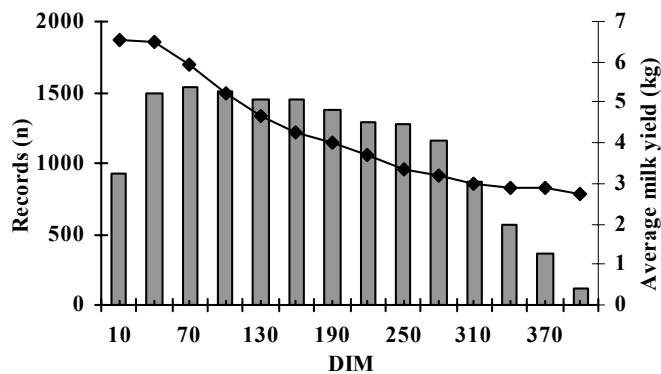


Figure 2.1. Distribution of number of test-day records (grey bars) and average daily milk yield (solid line) in 30-day intervals along lactation.

Statistical Analyses

All random regression models analyzed had the basic structure as:

$$y_{ijklq:t} = \text{HYS}_i + \text{TS}_j + \text{Parity}_k + f_k(t) + \sum_{m=0}^{m_1} a_{lm} z_{1lq:t} + \sum_{m=0}^{m_2} p_{lm} z_{2lq:t} + e_{ijklq:t}$$

where $y_{ijklq:t}$ is the q th observation on the l th animal at time t ; HYS_i , TS_j and $Parity_k$ are the fixed effects of herd-year-calving season i , test-day season j and parity k ; $f_k(t)$ is a fixed regression function on time that accounts for an average trajectory of yield across all animals within parity k ; $\sum_{m=0}^{m_1} a_{lm} z_{1lq:t}$ represents a random regression function, in which a_{lm} are the animal additive genetic regression coefficient to be estimated, $z_{1lq:t}$ are the covariables related to time t , and m_1 is the order of the regression function; $\sum_{m=0}^{m_2} p_{lm} z_{2lq:t}$ denotes a random regressions associated with permanent environmental effects, where p_{lm} are the permanent environmental regression coefficients to be estimated and $z_{2lq:t}$ are the covariables related to time t , and m_2 is the order of the regression function. Furthermore, $e_{ijklq:t}$ is a random residual with null mean and variance σ^2 that assumed to be a constant in the interval from 6 to 400 DIM. All random effects were assumed to be normally distributed as described below.

In matrix notation the basic structure of the RRTDM used can be written as:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}_1\mathbf{a} + \mathbf{Z}_2\mathbf{p} + \mathbf{e},$$

where \mathbf{b} includes HYS, TS, Parity effects and the fixed regressions; \mathbf{a} contains $m_1 + 1$ additive genetic regression coefficients for each animal in the pedigree; \mathbf{p} contains $m_2 + 1$ permanent environmental regression coefficients for each animal with records; \mathbf{X} , \mathbf{Z}_1 and \mathbf{Z}_2 are incidence matrices relating \mathbf{y} to elements of \mathbf{b} , \mathbf{a} , and \mathbf{p} , respectively; and \mathbf{e} is the residual vector. The following (co)variance structure was assumed:

$$Var \begin{pmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{e} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \mathbf{A} \otimes \mathbf{G} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{I} \otimes \mathbf{P} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{I}\sigma^2 \end{pmatrix},$$

where **A** is the numerator relationship matrix; \otimes is the Kronecker product; **G** is the (co)variance matrix for the additive genetic random regression coefficients of order $m_1 + 1$; **P** is the (co)variance matrix for the permanent environmental random regression coefficients of order $m_2 + 1$; and **I** is an identity matrix.

The fixed effects were the same for all RRTDM that included herd-year-calving season with 165 levels, test-day season with four levels (December to February, March to May, June to August and September to November) and parity with four levels (1, 2, 3 and ≥ 4). Due to the limited number of test-day records available for TMC cattle, all available lactations for each cow were considered.

Based on earlier examination of lactations using local regression, a non-parametric approach (Cleveland and Loader, 1996), five random regression functions were chosen for this study. The first model used random regression covariables as in Wilmink's function (Wilmink, 1987), and the other four used covariables defined through Legendre polynomials (Kirkpatrick *et al.*, 1990). In brief: **WI** = Wilmink's function for both additive genetic and permanent environmental effects, **L1** = $L_{a(1)} + L_{p(1)}$, **L2** = $L_{a(1)} + L_{p(2)}$, **L3** = $L_{a(2)} + L_{p(1)}$, and **L4** = $L_{a(2)} + L_{p(2)}$; where the number in parenthesis gives the order of the Legendre polynomial for additive genetic effect (L_a) or permanent environmental effect (L_p). Fixed regressors were Wilmink's function for WI ($\beta_0 + \beta_1 * W_1 + \beta_2 * W_2$, where $W_1 = DIM/10$ and $W_2 = e^{-0.05W_1}$), and second order Legendre polynomials for models L1, L2, L3, and L4 ($\beta_0 + \beta_1 * L_1 + \beta_2 * L_2$, where $L_1 = -1 + \frac{2(t - t_{MIN})}{t_{MAX} - t_{MIN}} = -1 + \frac{2(DIM - 6)}{305 - 6}$, and $L_2 = \frac{3 * L_1^2 - 1}{2}$). Fixed regressions were fitted within lactation for each cow.

The residual variance (**V_R**) and Akaike Information Criterion (**AIC**) were used for model comparison. In addition, the likelihood ratio test was used to compare nested models using Legendre polynomials. The shapes of estimated variances along lactation and correlations among different DIM were examined. Variance components, solutions of location effects and likelihoods were estimated using

AIREMLF90 package for Legendre polynomials models. The Wilmink function estimations were obtained from REMLF90 package, since it did not converge when using AIREMLF90 (Misztal *et al.*, 2002).

Estimates of the (co)variance matrices among random regression coefficients for the additive genetic effects (Σ_a) were utilized to calculate additive genetic (co)variances along lactation from the covariance function $f(t_i, t_j) = \mathbf{z}(t_i)' \Sigma_a \mathbf{z}(t_j)$, where $\mathbf{z}(t_i)$ and $\mathbf{z}(t_j)$, are the vectors of covariates evaluated at times t_i and t_j . An equivalent procedure was applied to calculate the permanent environmental (co)variances.

2.4 RESULTS

Variance Components

The magnitudes of daily additive genetic (V_G) and permanent environmental variances (V_{PE}) throughout lactation were given for all models in Figure 2.2. Values of V_G for all Legendre polynomials models declined from the onset of lactation, attaining minimums at approximately 160 and 250 DIM and increased thereafter. Wilmink's function model had a different shape and magnitude of V_G and V_{PE} along lactation compared to Legendre polynomials models. Wilmink model tended to have larger V_G and smaller V_{PE} .

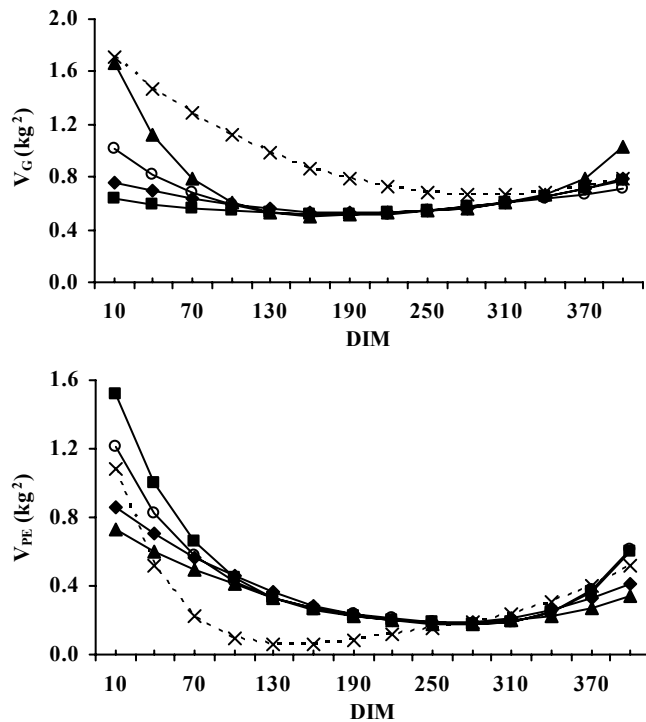


Figure 2.2. Estimated additive genetic variance (V_G) and permanent environmental variance (V_{PE}) for test-day milk yield along lactation in five models: Wilink's function (---x---) and Legendre polynomials, with L1 (—◆—) = $L_{a(1)} + L_{p(1)}$, L2 (—■—) = $L_{a(1)} + L_{p(2)}$, L3 (—▲—) = $L_{a(2)} + L_{p(1)}$, and L4 (—○—) = $L_{a(2)} + L_{p(2)}$, where the number within parenthesis gives the order of polynomials for genetic (L_a) or permanent environmental effect (L_p).

Between the four Legendre polynomials models, magnitudes of V_G were similar between 130 and 340 DIM; however, larger differences were observed near the beginning and at the end of lactation. All models had similar V_{PE} values between 100 and 340 DIM. Differences between models at the edges of lactation were less marked for V_{PE} than for V_G . Model L3 gave the largest estimates of V_G at the beginning of lactation, the lowest V_G in the middle and intermediate estimates at the end. Model L3 seemed to give the most heterogeneous V_G estimates across lactation among the Legendre polynomials models.

Heritability and Repeatability

As a consequence of different estimates of V_G and V_{PE} , estimated heritabilities and repeatabilities were different between models. In general, heritability of test-day yield ranged from 0.18 to 0.45 across lactation. Differences in estimated heritabilities among Legendre polynomials models were observed at the edges of the lactation, which were similar to those in V_G . Standard errors for heritability in the model using first order Legendre polynomials for additive genetic effect and second order for permanent environmental effect (L2), are lower at the beginning of lactation (0.027-0.030) and higher at the ends (0.045-0.048). WI model had a different shape in heritabilities along lactation, and it gave larger heritability estimates. Figure 2.3 showed the heritabilities and repeatabilities for models WI and L2.

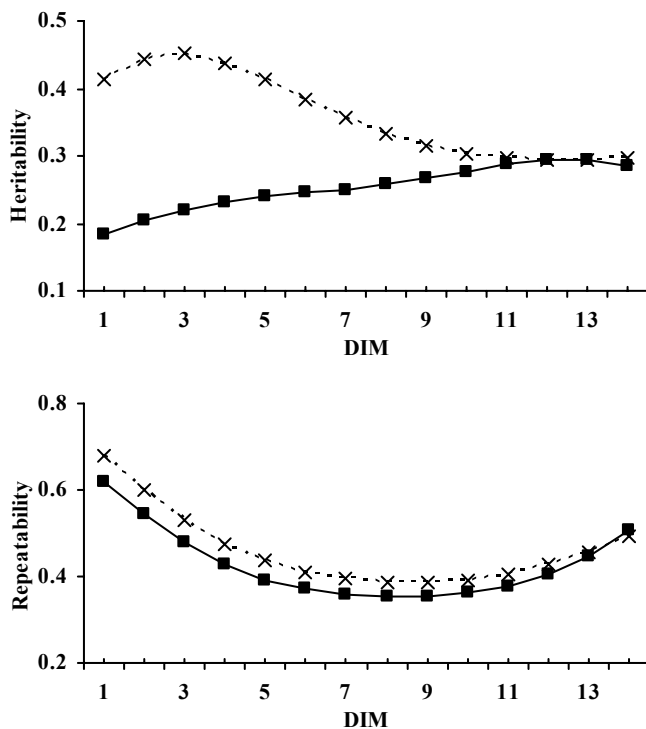


Figure 2.3. Estimated heritability and repeatability for test-day milk yield along lactation in Wilmlink model (---x---) and first order Legendre polynomials for additive genetic effect and second order Legendre polynomials for permanent environmental effect model (—■—).

Repeatabilities from different models were less heterogeneous than heritabilities, and had the largest values at the beginning (ranged between 0.54 and 0.68 for DIM 10), declined through the middle lactation (ranged between 0.34 and 0.39 for DIM 220) and increased slowly until the end of lactation (up to 0.47 and 0.51 for DIM 400). Standard errors for repeatability are lower in early DIM (0.044-0.050) and higher from DIM 190 to the end of the lactation (0.071-0.103) for model L2. Again, Wilmink model gave the largest estimates of repeatability.

Genetic and Phenotypic Correlations

Genetic and phenotypic correlations among DIM for most models were, as expected, near unity for adjacent DIM and decreased as the time-lag between the test-days increased. Figure 2.4 gave the genetic correlations between all pairs of DIM throughout lactation for L2 and WI models.

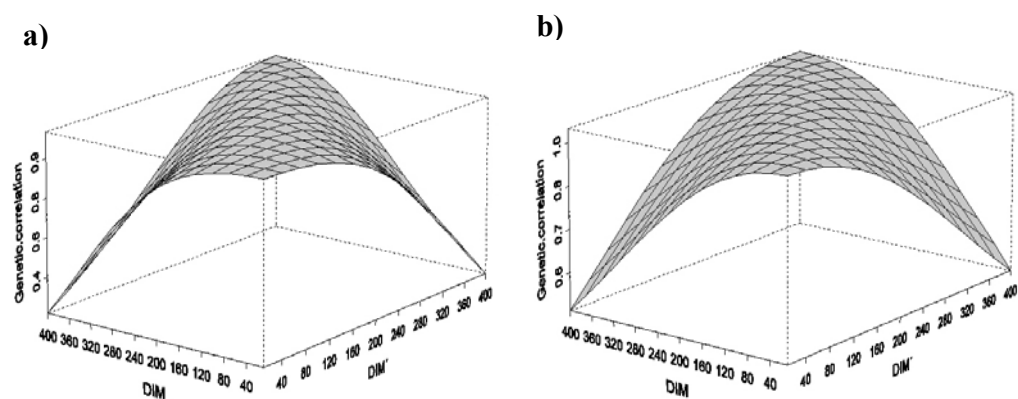


Figure 2.4. Genetic correlations between DIM in a) Wilmink model and b) first order Legendre polynomials for additive genetic effect and second order Legendre polynomials for permanent environmental effect model.

The descending pattern in genetic correlation according to the time distance between DIM was less marked when using first order Legendre polynomials for additive genetic effect and second order for permanent environmental effect (model L2), creating a plateau in Figure 2.4b. Genetic correlations for this model ranged

between 0.99 for all adjacent estimated DIM, and 0.50 for the pair of DIM having the longest time-lag interval (10 and 400). For the Wilmink model, the genetic correlation ranged between 0.97 and 0.99 for adjacent DIM. Model L3 produced a pattern of genetic correlations that departed from the other four models. In model L3 the correlation decayed rapidly to 250 DIM, and then increased to about 0.75 at 400 DIM. In general, model L2 had the largest genetic correlations among all models considered.

The trends of phenotypic correlations among DIM was similar to those of genetic correlations. Estimates of phenotypic correlations were higher than genetic correlations, and there was less variation among models. An exception was model L1, and it produced a gentler decay pattern in early and mid-lactation. Model L1 also gave lower phenotypic correlations in the early and later DIM. Overall, the phenotypic correlations ranged between 0.64 and 0.99 across lactation for most models. Both genetic and phenotypic correlations were positive for all models studied.

Model Comparison

Table 2.1. Estimated residual variance (V_R), Akaike's Information Criterion (AIC) and minus twice logLikelihood ($-2\log L$), for the studied models.

Model ¹	Free parameters	V_R	AIC ²	$-2\log L^2$
WI	13	1.3320	497.43	_____
L4	13	1.3300±0.01128	413.63	403.63 ^c
L3	10	1.3337±0.01130	427.93	427.93 ^d
L2	10	1.3300±0.01128	0.00	0.00 ^a
L1	7	1.3667±0.01145	156.40	166.40 ^b

^{a-d}Values with different superscripts differ using likelihood ratio test ($P < 0.01$) for nested models.

¹Models: WI = Wilmink's function and L = Legendre polynomials, with L1 = $L_{a(1)} + L_{p(1)}$, L2 = $L_{a(1)} + L_{p(2)}$, L3 = $L_{a(2)} + L_{p(1)}$, and L4 = $L_{a(2)} + L_{p(2)}$, where the number within parenthesis gives the order of polynomials for genetic (L_a) or permanent environmental effect (L_p).

²Values are expressed as a deviation from L2.

The residual variances (V_R), AIC and $-2\log\text{Likelihood}$ for all models were given in Table 2.1. Model L2 had the lowest $-2\log\text{Likelihood}$ value among models using Legendre polynomials. The likelihood ratio tests among nested Legendre polynomials models favoured L2 ($P < 0.01$). In addition, model L2 had the lowest AIC and V_R values among the five competing specification.

2.5 DISCUSSION

Heterogeneity of genetic and permanent environmental variance across DIM was found for milk test-day yields in TMC cattle. The general trend in V_G along lactation is similar to those in Spanish Holsteins (Rekaya *et al.*, 1999; López-Romero and Carabaño, 2003) and in Polish Black and White cows (Strabel *et al.*, 2005). The behaviour of increasing patterns of variances at the edges of the lactation observed in this study was also reported by López-Romero and Carabaño (2003), and it was noted as the culprit of the polynomial functions. The magnitude of the values of V_G and V_{PE} obtained under tropical grazing dairy systems in this study are lower than those reported for temperate climates and intensive dairy systems. This is probably a scale effect related to the relationship between mean and variance, i.e., the lower the mean production (tropical conditions), the smaller the variation. The residual variance (V_R) was similar among all models, being the highest estimated value for the model L1 (Table 1).

It is important to mention that models analyzed here distinguish differences in the genetic and permanent environmental components within lactation, but ignore differences for both components across lactations (justified by the relatively small number of data available per lactation).

Several studies have discussed levels and patterns of daily milk yield heritability obtained using RRTDM (Misztal *et al.*, 2000; Strabel *et al.*, 2005). We observed different trends between the models studied. Models L1 and L4 had less variation

through lactation; whereas model L2 had lower estimates at the beginning and then a monotonically increasing trend until the final part of the lactation. Models L3 showed higher estimates at the edges of lactation and lower estimates in the middle of lactation. The last observation was also reported in Canadian Holsteins under intensive dairy systems (Jamrozik and Schaeffer, 1997). However, this pattern is opposite to other studies with higher heritability in the middle of lactation and lower at the edges (e.g., Rekaya *et al.*, 1999; Druet *et al.*, 2003) in Holsteins. On the other hand, Wilmink model in this study produced a contrasting pattern compared to model L2, which had higher values at the beginning of the lactation and lower at the end. Behaviour of daily milk yield heritabilities with lower values at the beginning of lactation, as in model L2, seem more acceptable because the first lactation period is influenced by nongenetic effects cumulated before calving.

One of the earliest studies with test-day milk yield records was that of Van Vleck and Henderson (1961) for Holstein cows in the USA. Their estimates of heritability for monthly record were 0.11, 0.17, 0.22, 0.19, 0.19, 0.15, 0.14, 0.14, 0.12, and 0.08 for months 1 to 10, respectively. Our estimates were higher, and the declining pattern at the end of lactation detected by Van Vleck and Henderson (1961) was different from what we have found in TMC cattle (with the exception of model WI). Estimated heritability of TMC in the mid lactation (ranged between 0.20 and 0.25) were similar to those found with RRTDM by López-Romero and Carabaño (2003) for Holstein in the Andalusia and Navarre regions of Spain, and our estimates were lower than those in the Holsteins in Catalonia in the same study (ranged between 0.35 and 0.40).

Studies of lactation under tropical conditions and using RRTDM are scarce. Carvalheira *et al.* (1998) used a first order autoregressive process within and across lactations to account for effects of repeated observations (within cow) in a test-day animal model. Estimates of heritability were 0.13, 0.11 and 0.09 for first, second and third lactations in Lucerna cattle, a synthetic dual purpose breed (about 40% of its genes come from Holstein, 30% from Milking Shorthorn and 30% from Hartón del

Valle Creole cattle). According to the authors, 45% of the records were from cows with unknown sires, and the resulting sparse relationship coefficient matrix hampered their estimation of heritability. Morales *et al.* (1989) reported heritability estimates of 0.12 for 305-day milk yield for the Venezuelan Carora breed (developed from Amarillo de Quebrada Arriba Creole and Brown Swiss). Mackinnon *et al.* (1996) reported a heritability estimate of 0.09 for 305-day equivalent mature milk yield in a crossbred dairy herd in Kenya (different percentages of Sahiwal, Brown Swiss and Ayrshire genes). Ilatsia *et al.* (2007) estimated heritability between 0.28 and 0.52 for Sahiwal cows in Kenya using both univariate and multi-trait fixed regressions test-day models.

In an earlier research conducted in Turrialba, Costa Rica, using TMC cattle, Jersey and their reciprocal F1 crosses and backcrosses, de Alba and Kennedy (1985) found estimates of heritability and repeatability of 0.28 and 0.53, respectively, for 305-day milk yield. Later on, de Alba and Kennedy (1994) studied TMC and their crosses with several breeds (Holstein, Canadienne, Brown Swiss, Jersey and native Mexican cows) in Tamaulipas, Mexico, and found a heritability of 0.17 for 305-day milk yield and a repeatability of 0.44. Recently, Rosendo-Ponce and Becerril-Pérez (2002) reported heritability and repeatability for 305-day milk yield at 0.17 and 0.50, respectively, for purebred TMC herds in Mexico.

From previous studies, heritability estimates of milk yield from cows in the tropics tend to be smaller than those in temperate regions. However our estimates for TMC cattle under tropical environments do not differ from other breeds in temperate conditions. This may be attributed to random regression models that better account for variation between environmental conditions in tropical grazing dairy systems.

In our study, model L2 had the highest genetic correlations between DIM had longer time-lags, and, it produced the largest correlations among DIM at the end of lactation. A similar pattern in genetic correlations has been reported in other studies (Van Vleck and Henderson, 1961; Jakobsen *et al.*, 2002; Cobuci *et al.*, 2005).

However, our estimates are larger than those reported by Van Vleck and Henderson (1961) and Cobuci *et al.* (2005) for Holsteins in the USA and Brazil, and are similar in magnitudes to those obtained by Jakobsen *et al.* (2002) in Danish Holsteins. Genetic correlations obtained in this study are much higher than those reported by Ilatsia *et al.* (2007) for Sahiwals in Kenya. High and medium values between initial and final DIM suggest that selection for increased milk yield in early lactation will have a positive effect on yield in late lactation.

Although models using higher order polynomials had been widely used under temperate environments, because they generally improve the model plausibility, authors mention several problems associated with them. The V_G follows more oscillatory patterns, which leads to extreme values at the peripheries of lactation and a negative correlation for the extremes of lactation (Pool *et al.*, 2000; López-Romero and Carabaño, 2003; Strabel *et al.*, 2005). Moreover, the more parameters are used, the less accurately they are estimated, because fewer records are available for each estimate. High estimates of genetic variance for some parts of the lactation may lead to overestimation of the average genetic variance across the whole lactation and the accuracy in genetic evaluations may be overestimated (Strabel *et al.*, 2005). In this sense results obtained here for TMC cattle, based on an early exploration of data set and statistically valid comparison criteria, imply an important first step for alternative RRTDM for tropical dairy conditions in México and Central America.

2.6 CONCLUSIONS

Based on the residual variance, Akaike's Information Criterion and likelihood ratio test, the model using second order Legendre polynomials on fixed regressions, first order and second order Legendre polynomial for additive genetic effects and second order for permanent environmental effects seemed to fit the data better than the other functions studied.

Random regression test-day models allowed estimating milk yield heritability and repeatability at different phases of the lactation of Tropical Milking Criollo cattle. Although our study is limited in data size, it illustrates the usefulness of test-day models for genetic evaluation of TMC cattle based on daily milk yield. It gives an advantage in tropical dairy systems where records are scarce and costly to obtain for farmers. Further, the magnitudes of additive genetic variances and heritabilities of test-day records estimated for TMC cattle suggest scope for attaining genetic progress in a selection scheme.

ACKNOWLEDGMENTS

Financial support for the senior author by Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, México (CONACYT), is gratefully acknowledged. This research was supported by funds from the project SAGARPA-CONACYT 2002-C01-1928. Gratitude is expressed to Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Lechero Tropical A. C. (AMCROLET); Colegio de Postgraduados, Campus Veracruz, México; and El Pino Farm from Rivas, Nicaragua, for access to data used in this study. Support by the Wisconsin Agriculture Experiment Station and by grants NRICGP/USDA 2003-35205-12833, NSF DEB-0089742 and NSF DMS-NSF DMS-044371 is acknowledged. The authors thank Dr. Shogo Tsuruta of the University of Georgia for assisting the use of the AIREMLF90 program.

CAPÍTULO 3. CARACTERIZACIÓN DE LA LACTANCIA Y EVALUACIÓN GENÉTICA

3.1 RESUMEN

Muchas de las áreas tropicales bajas de clima cálido de México tienen vocación ganadera, tradiciones, pequeñas industrias lecheras y queseras, pero ninguna de las razas de origen europeo ha sido capaz de sobrevivir, producir y reproducirse satisfactoriamente en estos ambientes. El ganado Criollo Lechero Tropical ubicado en estas regiones presenta alta fertilidad, tasa de sobrevivencia y longevidad superiores a otras razas adaptadas; además de que es capaz de producir leche de alta calidad con alimentación exclusivamente basada en el pastoreo. Para su aprovechamiento se requiere establecer criterios de mejora genética y ambiental específicos, donde el estudio de su lactancia es una herramienta fundamental. En el presente trabajo se estudió la lactancia del ganado Criollo Lechero Tropical y se realizó una evaluación genética utilizando la metodología de modelos de regresión aleatoria. Se estimaron índices de herencia para días de prueba entre 0.18 y 0.30 (siendo de 0.24 y 0.25 para producción acumulada a 305 y 400 días, respectivamente) e índices de constancia entre 0.35 y 0.62 (0.43 para producción acumulada a 305 y a 400 días), además de una correlación genética de 0.5 entre los días 10 y 400, aunque ésta fue mayor a 0.90 entre la mayoría de los pares adyacentes de días de prueba. La estación de prueba junio-agosto mostró una producción mayor de 0.60 kg que la estación diciembre-febrero, la cual registró la menor producción de las cuatro épocas. La producción media diaria en los partos 2, 3 y 4 ó más, fue superior al primer parto en 0.39, 0.61 y 0.70 kg, respectivamente. La lactancia no mostró un ascenso inicial.

Palabras clave: Criollo Lechero Tropical, lactancia, evaluación genética, regresión aleatoria, efectos ambientales.

3.2 INTRODUCCIÓN

El ingreso creciente de productos lácteos a México lo coloca como el segundo país importador de leche en polvo al nivel mundial, con un gasto de 286 millones de dólares por este concepto (SIAP, 2003). El desarrollo de cuencas lecheras en el trópico de altura del Altiplano Mexicano y en la región árida de climas secos no ha sido capaz de modificar esta situación, pues los sistemas lecheros de estas regiones han presentado problemas de comercialización de la leche, de escasez de agua, altos costos de inversión y una gran dependencia de pie de cría del extranjero.

Muchas de las áreas tropicales bajas de climas cálidos del país tienen vocación ganadera, tradiciones y pequeñas industrias lecheras y queseras, pero ninguna de las razas europeas de origen templado ha sido capaz de sobrevivir, producir y reproducirse satisfactoriamente en un ambiente donde las altas temperaturas, humedad, radiación solar y altas cargas parasitarias, cancelan las ventajas genéticas de esos ganados inadaptados (de Alba, 1999).

La introducción del ganado Cebú en el siglo XX con el propósito de mejorar la producción de leche y carne de los genotipos criollos produjo excelentes resultados, especialmente en la generación F1, pero el mejoramiento atribuido al Cebú se debió a la heterosis y ésta se perdió cuando el cruzamiento con el Cebú se continuó y ocurrió una absorción de las razas nativas. Más tarde, la estrategia de producción en regiones tropicales de climas cálidos con Suizo Pardo x Cebú y Holstein x Cebú, generó complementariedad y vigor híbrido entre razas, pero esto no fue perdurable y menos aún cuando se han empleado toros mezclados en proporciones azarosas de dos o más razas (FAO, 1981; de Alba, 1999).

Por fortuna la genética aditiva trabaja por caminos diferentes y es acumulable si se utiliza una selección progresiva de razas puras adaptadas. Siguiendo este camino y a partir del criollo lechero de Centroamérica y algunas adiciones de criollos mexicanos, se ha consolidado la raza Criollo Lechero Tropical (CLT), como animales

adaptados al trópico cálido, con adelantos genéticos palpables y obtenidos en uno de los esfuerzos más evidentes de preservación y mejoramiento de recursos genéticos en México. Para el correcto aprovechamiento de este ganado se requiere establecer criterios de mejora genética y ambiental específicos, dónde el estudio de los registros de producción de leche es una herramienta fundamental.

El modelo de repetibilidad fue empleado habitualmente en evaluaciones genéticas para producción de leche acumulada a 305 días en la mayoría de los países hasta 1999 (Interbull, 2000). Este modelo asume una correlación genética de uno entre las medidas repetidas sobre un mismo individuo y usualmente considera igualdad de varianzas e igualdad en las correlaciones ambientales entre pares de registros (Mrode, 2005); aunque su implementación es sencilla, este modelo refleja muy poco la situación real de la estructura de datos longitudinales y requiere factores de ajuste para obtener la producción acumulada y factores de proyección cuando la lactancia está incompleta (Bar-Anan *et al.*, 1985; Mrode, 2005).

La alternativa del uso de la información original de registros de producción en día de prueba (*test-day*) como base del análisis, en vez del único dato de producción acumulada a 305 días, ha sido un procedimiento estándar en las evaluaciones genéticas de los últimos años (Jamrozik *et al.*, 1997, Jensen, 2001), lo cual se ha favorecido por el surgimiento de nuevos y mejores métodos estadísticos de análisis para modelos longitudinales de efectos mixtos (Sorensen y Gianola, 2002). El análisis de datos longitudinales requiere métodos estadísticos especiales debido a que las observaciones presentan una correlación entre sí que debe tomarse en cuenta para obtener inferencias estadísticas válidas (Diggle *et al.*, 2000). El ignorar la importancia de esta correlación, utilizando modelos de efectos fijos o modelos mixtos con estructuras de covarianzas muy simples, puede aumentar la tasa de error tipo I para la prueba de los efectos fijos del modelo (Littell *et al.*, 2000; Wang y Goonewardene, 2004).

Los modelos para día de prueba (TDM por sus siglas en inglés, *test-day models*) tienen varias ventajas sobre el procedimiento tradicional, tales como la habilidad de considerar los efectos ambientales al nivel de cada registro (haciendo una corrección directa para efectos fijos cuyo efecto cambia a través del tiempo sin necesidad de ajustes adicionales) y permitir modelar lactancias individuales (Swalve, 2000; Strabel *et al.*, 2005).

Los modelos de regresión aleatoria (MRA) introducidos por Henderson (1982) y por Laird y Ware (1982), fueron propuestos para utilizarse como TDM en ganado lechero por Schaeffer and Dekkers (1994). Los MRA utilizan funciones que describen la variabilidad de las covarianzas entre días de prueba. Esos modelos son atractivos porque permiten el uso irrestricto de toda la información de registros disponible y tomada a cualquier longitud de intervalos de tiempo (tolerando registros perdidos ocurridos en el curso del fenómeno de estudio, o procesos incompletos y/o en curso) y en ganado lechero provee el mecanismo para evaluar persistencia, debido a que los valores genéticos pueden ser calculados para cualquier día o intervalo de la lactancia (Jamrozik *et al.*, 1997). Además, los datos de día de prueba pueden ser usados como predictores tempranos del mérito genético (Jaffrézic y Minini, 2003).

En el presente trabajo se estudió la lactancia del ganado Criollo Lechero Tropical y se realizó una evaluación genética utilizando la metodología de modelos de regresión aleatoria.

3.3 MATERIALES Y MÉTODOS

Base de datos

Se utilizaron 15,377 registros de producción diaria de leche de ganado Criollo Lechero Tropical (CLT) de 467 vacas provenientes de tres hatos de México y uno de

Nicaragua. Se empleó un registro genealógico de 119 sementales y 602 hembras. La base de datos aquí utilizada se describe con detalle en los capítulos 1 y 2.

Análisis estadístico

Se utilizó un modelo de regresión aleatoria elegido con base en una etapa previa de exploración desarrollada en el Capítulo 1 y una selección de modelos realizada en el Capítulo 2. El modelo contiene un polinomio de Legendre de segundo orden como función de regresión fija y un polinomio de Legendre de primer orden para los efectos genéticos aditivos y segundo orden para los efectos del ambiente permanente. La estructura general del modelo se detalla en el Capítulo 2.

Los componentes de varianza, las soluciones de los efectos y la verosimilitudes fueron estimadas usando el paquete AIREMLF90 (Miszta *et al.*, 2002).

3.4 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Estimadores finales para los coeficientes de regresión aleatorios

El análisis AIREMLF90 (Miszta *et al.*, 2002) convergió hacia las siguientes matrices de (co)varianzas genéticas aditivas (G) y del ambiente permanente (P) para los coeficientes de regresión aleatoria de primer y segundo orden, respectivamente:

$$G = \begin{pmatrix} 0.52346 & 0.03230 \\ 0.03230 & 0.18210 \end{pmatrix} \quad P = \begin{pmatrix} 0.24697 & -0.13732 & 0.10913 \\ -0.13732 & 0.32907 & -0.11556 \\ 0.10913 & -0.11556 & 0.30623 \end{pmatrix}$$

Estas matrices fueron fundamentales para el cálculo de los componentes de varianza en determinados días de la lactancia.

Las matrices de correlaciones entre los coeficientes para efectos genéticos aditivos (r_G) y del ambiente permanente (r_P) fueron:

$$r_G = \begin{pmatrix} 1 & 0.10463 \\ 0.10463 & 1 \end{pmatrix} \quad r_P = \begin{pmatrix} 1 & -0.48167 & 0.39683 \\ -0.48167 & 1 & -0.36405 \\ 0.39683 & -0.36405 & 1 \end{pmatrix}$$

Las correlaciones entre los coeficientes de regresión estimados utilizando polinomios de Legendre resultaron relativamente altas para el caso del efecto ambiental permanente. Lo anterior es contrario a lo señalado por Lewis y Brotherstone (2002) y Schaeffer (2004), pero coincidente con los resultados en otros estudios (e.g. Pool y Meuwissen, 1999; Pool *et al.*, 2000; Albuquerque y Mayer, 2001).

Los vectores característicos para los coeficientes de regresión aleatoria de los efectos genéticos aditivos (λ_G) y del ambiente permanente (λ_P) fueron:

$$\lambda_G = \begin{pmatrix} 0.09340 & -0.99563 \\ -0.99563 & 0.09340 \end{pmatrix} \quad \lambda_P = \begin{pmatrix} 0.84806 & -0.12604 & 0.51469 \\ 0.48057 & 0.59216 & -0.64684 \\ -0.22325 & 0.79591 & 0.56276 \end{pmatrix}$$

Los valores característicos para los coeficientes de regresión aleatoria de los efectos genéticos aditivos (λ_G) y del ambiente permanente (λ_P) resultaron:

$$\lambda_G = (0.17907 \quad 0.52649) \quad \lambda_P = (0.14043 \quad 0.20297 \quad 0.53887)$$

Los valores característicos para efectos genéticos aditivos indican que los coeficientes del modelo explican 70.56 % de la variación genética aditiva en la producción de leche; mientras para los efectos del ambiente permanente los coeficientes del modelo explican 88.23% de la variación en el ambiente permanente.

El valor característico del efecto genético aditivo correspondiente al intercepto (0.53) indica la tasa de respuesta a la selección, lo que es conceptualmente similar al índice de herencia (h^2) (Lewis y Brotherstone, 2002); resultando un valor relativamente alto e indicando la posibilidad de mejoramiento genético del ganado Criollo Lechero Tropical a través de la selección de los individuos superiores para su reproducción.

Los valores de $-2 \log$ Verosimilitud, criterio de información de Akaike (AIC, por sus siglas en inglés) y varianza residual (V_R), de 51092.03, 51120.03 y 1.33, respectivamente, fueron utilizados en el Capítulo 2 como criterios de comparación y ubicaron al modelo aquí utilizado como el de mejor ajuste comparado con otros cuatro modelos. El valor de $-2 \log$ Verosimilitud permitió realizar una prueba de razón de verosimilitud entre los modelos, siendo éste superior al resto ($p < 0.01$).

Componentes de varianza

La matriz de (co)varianzas genéticas aditivas para los coeficientes de regresión aleatoria (G) se utilizó para calcular las (co)varianzas genéticas aditivas a lo largo de la lactancia, a través de la función $f(t_i, t_i) = \mathbf{z}(t_i)' \mathbf{G} \mathbf{z}(t_i)$, donde $\mathbf{z}(t_i)$ y $\mathbf{z}(t_i)$ son los vectores de covarianzas evaluados al tiempo t_i y t_i . Un procedimiento equivalente fue aplicado para el cálculo de las (co)varianzas del ambiente permanente. Las varianzas genéticas aditivas (V_G) y del ambiente permanente (V_{AP}) para determinados días en leche (cada 30 días) se presentan en la Figura 3.1. Por ejemplo, la varianza genética aditiva al día 10 se obtuvo de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}
 V_G = \mathbf{Z}' \mathbf{G} \mathbf{Z} &= \begin{pmatrix} 1 & L_1 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} g_{11} & g_{12} \\ g_{12} & g_{12} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 \\ L_1 \end{pmatrix} = \\
 &= \begin{pmatrix} 1 & -0.98 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0.52346 & 0.03230 \\ 0.03230 & 0.18210 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 \\ -0.98 \end{pmatrix} = 0.6349
 \end{aligned}$$

$$\text{donde } L_1 = -1 + \frac{2(DEL_t - DEL_{MIN})}{DEL_{MAX} - DEL_{MIN}} = -1 + \frac{2(10 - 6)}{400 - 6} = -0.98$$

y DEL_{MAX} , DEL_{MIN} , y DEL_t , son los días en lactancia máximos, mínimos y al tiempo t al que se calcula el parámetro, respectivamente.

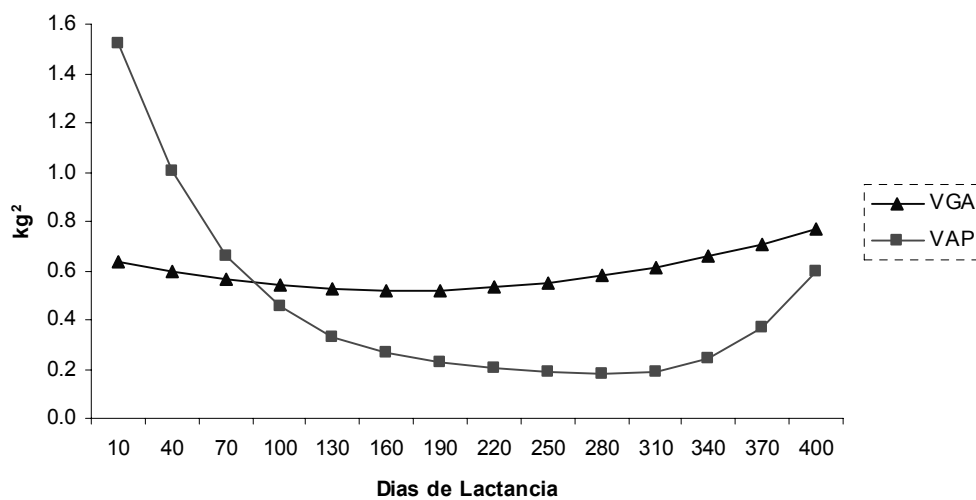


Figura 3.1. Varianza genética aditiva (V_G) y varianza del ambiente permanente (V_{AP}) para producción de leche en días de prueba.

Para el caso de la varianza del efecto ambiental permanente (V_{AP}) para el día 10, el cálculo fue como sigue:

$$V_{AP} = Z'PZ = \begin{pmatrix} 1 & L_1 & L_2 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} p_{11} & p_{12} & p_{13} \\ p_{12} & p_{22} & p_{23} \\ p_{13} & p_{23} & p_{33} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 \\ L_1 \\ L_2 \end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} 1 & -0.98 & 0.94 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 0.24697 & -0.13732 & 0.10913 \\ -0.13732 & 0.32907 & -0.11556 \\ 0.10913 & -0.11556 & 0.30623 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1 \\ -0.98 \\ 0.94 \end{pmatrix} = 1.5202$$

donde L_1 es igual que en la ocasión anterior, y $L_2 = \frac{3 * L_1^2 - 1}{2} = \frac{3 * (-0.98)^2 - 1}{2} = 0.94$.

La magnitud de la V_G y V_{AP} cambió a lo largo de la lactancia, experimentando un descenso en la primera parte hasta alcanzar los valores mínimos en la parte media y posteriormente incrementarse nuevamente al final. El comportamiento anterior fue más marcado en el caso de la V_{AP} . Un comportamiento similar de las V_G fue reportado por López-Romero y Carabaño (2003) y Rekaya *et al.* (1999) con vacas Holstein en España, y por Strabel *et al.* (2005) con vacas *Black and White* en Polonia.

Parámetros genéticos

Una vez estimados los componentes de varianza, estos fueron utilizados para calcular el índice de herencia (h^2) e índice de constancia (r) para cada día de la lactancia especificado, empleando las siguientes ecuaciones:

$$h^2 = \frac{V_G}{V_G + V_{AP} + V_R}$$

$$r = \frac{V_G + V_{AP}}{V_G + V_{AP} + V_R}$$

Los h^2 se ubicaron entre 0.18 y 0.30 para los días de la lactancia considerados, siendo de 0.24 para la producción acumulada a 305 días y de 0.25 para la producción acumulada a 400 días. Los r se ubicaron entre 0.35 y 0.62, y fue de 0.43 tanto para la producción acumulada a 305 días, como para la producción acumulada a 400 días (Figura 3.2).

Los índices de constancia estimados mostraron una tendencia similar a las V_G y V_{AP} . Por el contrario, los índices de herencia mostraron valores pequeños al inicio de la lactancia y posteriormente un comportamiento ascendente.

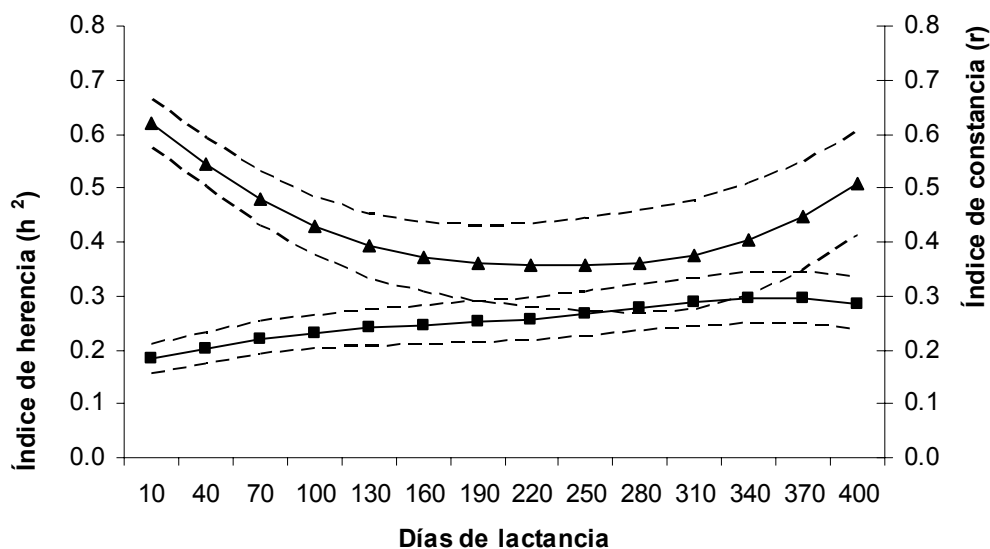


Figura 3.2. Índice de herencia (—■—) e índice de constancia (—▲—) para producción de leche en días de prueba. Las líneas discontinuas indican \pm error estándar.

Los índices de herencia estimados en el presente estudio fueron mayores a los estimados para vacas Holstein por Van Vleck y Henderson (1961) en EE.UU. y por López Romero y Carabaño (2003) en Andalucía y Navarra, España, pero menores que los estimados en el último estudio para vacas Holstein de Cataluña.

Los estudios de la lactancia en condiciones tropicales y utilizando MRA son escasos; por lo que no es posible hacer comparaciones para diferentes días de la lactancia; sin embargo, se puede establecer una comparación del índice de herencia estimado para la producción acumulada a 305 días (0.24).

El cuadro 3.1 presenta h^2 estimados en trabajos realizados en condiciones tropicales. Los únicos trabajos de este cuadro que utilizaron registros de producción en días de pesada (*test-day*) fueron el de Carvalheira *et al.* (1998) realizado con un modelo autoregresivo de primer orden, y el de Ilatsia *et al.* (2007) con un modelo multitratamiento. En el primero los autores atribuyen los bajos h^2 a que 45% de los registros provenían de vacas con padres desconocidos y la matriz de parentesco

resultante generó una pobre estimación del parámetro. El estudio de Ilatsia *et al.* (2007) obtuvo valores superiores a los reportados en el presente estudio.

Cuadro 3.1. Índices de herencia estimados en trabajos realizados en condiciones tropicales.

Autor	Raza	País	h^2
Morales <i>et al.</i> , 1989.	Carora	Venezuela	0.12
Mackinnon <i>et al.</i> , 1996.	Multibreed	Kenia	0.09
Carvalho <i>et al.</i> , 1998.	Lucerna	Colombia	0.13, 0.11 y 0.09, 1 ^a , 2 ^{do} y 3 ^{er} parto
Cobuci <i>et al.</i> , 2000.	Guzerat	Brasil	0.16-0.23
Ilatsia <i>et al.</i> , 2007.	Sahihual	Kenia	0.25 - 0.30
de Alba y Kennedy, 1985	CLT, Jersey y Cruzas	Costa Rica	0.28
de Alba y Kennedy, 1994	CLT, Holstein, Suizo Pardo y Jersey	México	0.17
Rosendo-Ponce y Becerril-Pérez, 2002	CLT	México	0.17
Rueda, 2003	CLT	México	0.20

En algunos trabajos desarrollados con ganado CLT y/o sus cruzas en México (de Alba y Kennedy, 1994; Rosendo-Ponce y Becerril-Pérez, 2002; Rueda, 2003) y utilizando la producción acumulada a 305 días, los índices de herencia encontrados fueron inferiores a los aquí estimados; sin embargo, en el estudio realizado por de Alba y Kennedy (1986) con CLT, Jersey y sus cruzas, en Costa Rica, el valor de h^2 fue superior.

Correlaciones genéticas y fenotípicas

En las figuras 3.3 y 3.4 se muestran las correlaciones genéticas y fenotípicas entre pares de días de la lactancia. En general ambas correlaciones fueron cercanas a la unidad para días adyacentes de la lactancia y decrecieron a medida en que se

incrementaba la distancia entre ellos, siendo los valores siempre positivos. Tendencias similares fueron encontradas en otros estudios (Cobuci *et al.*, 2005; Jakobsen, *et al.*, 2002; Van Vleck y Henderson, 1961); sin embargo, los valores aquí estimados son mayores que los mostradas por Cobuci *et al.* (2005) y Van Vleck y Henderson (1961) para vacas Holstein en Brasil, y EE.UU. respectivamente, y son más altos que los estimados por Ilatsia *et al.* (2007) para vacas Sahiual en Kenia.

La correlación genética entre los días 10 y 400 fue de 0.5, aunque entre la mayoría de los pares adyacentes de días de prueba esta correlación fue mayor a 0.90 (Figura 3.3).

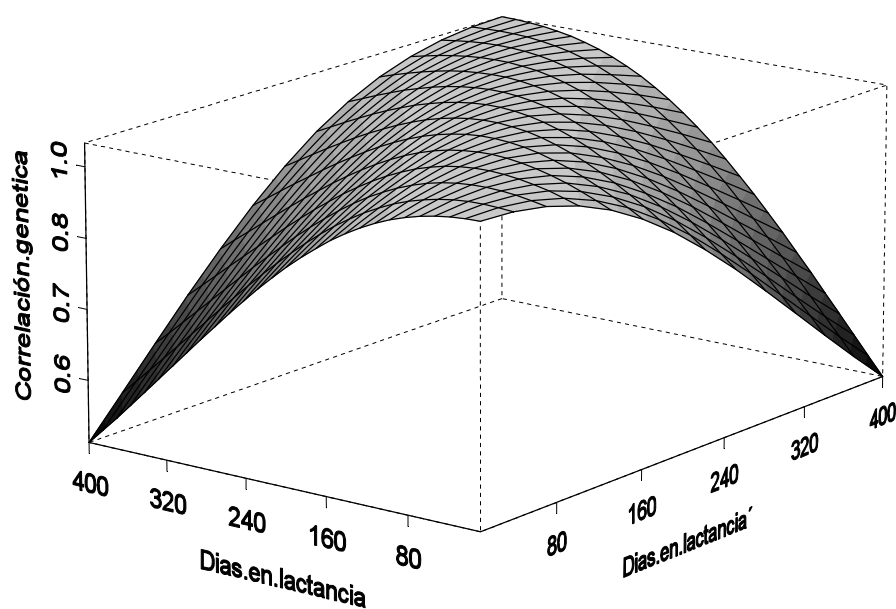


Figura 3.3. Correlaciones genéticas entre días de la lactancia.

La correlación fenotípica entre los días de lactancia 10 y 400 fue de 0.69 y fue mayor a 0.90 entre la mayoría de los pares adyacentes de días de la lactancia (Figura 3.4).

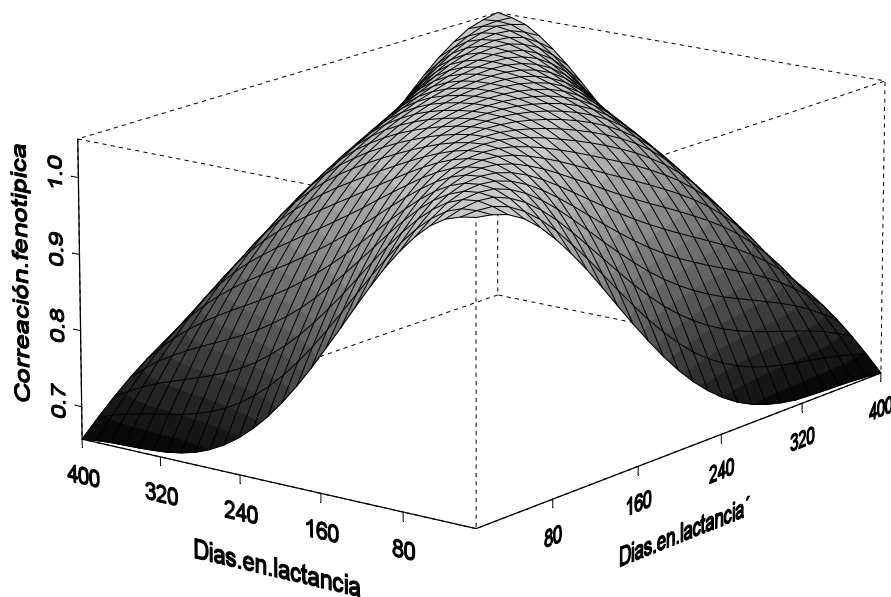


Figura 3.4. Correlaciones fenotípicas entre días de la lactancia.

Curva de la lactancia y efectos fijos

El término “curva de lactancia” se refiere a la representación gráfica de la producción de leche y el tiempo transcurrido después del parto (Papajcsik y Boderó, 1988). La curva de lactancia media del ganado CLT inició alrededor de los 6.8 kg de leche por día y declinó gradualmente, alcanzando 3.0 kg alrededor del día 305 y llegando a una producción de 2.6 kg/día en su parte final (día 400). La curva de lactancia del ganado CLT mostró un patrón diferente al obtenido para la mayoría de las lactancias de clima templado (e.g. Wood, 1969; Stanton *et al.*, 1992; Jamrozik *et al.*, 1997), pues ésta careció de un ascenso inicial (Figura 3.5). La lactancia obtenida resultó diferente de la caracterizada utilizando la función de Wood (1967) para ganado Criollo Lechero Centroamericano (antecesor del CLT) por Campos (1986) y para Holstein x Cebú y Holstein x Sahiual por Osorio y Segura-Correa (2005), ambas en condiciones tropicales. Vale resaltar que Campos (1986) tuvo un rechazo de entre 25 y 31% de las lactancias por considerarlas atípicas, cuando tal vez fue el modelo utilizado el que no realizó un ajuste apropiado.

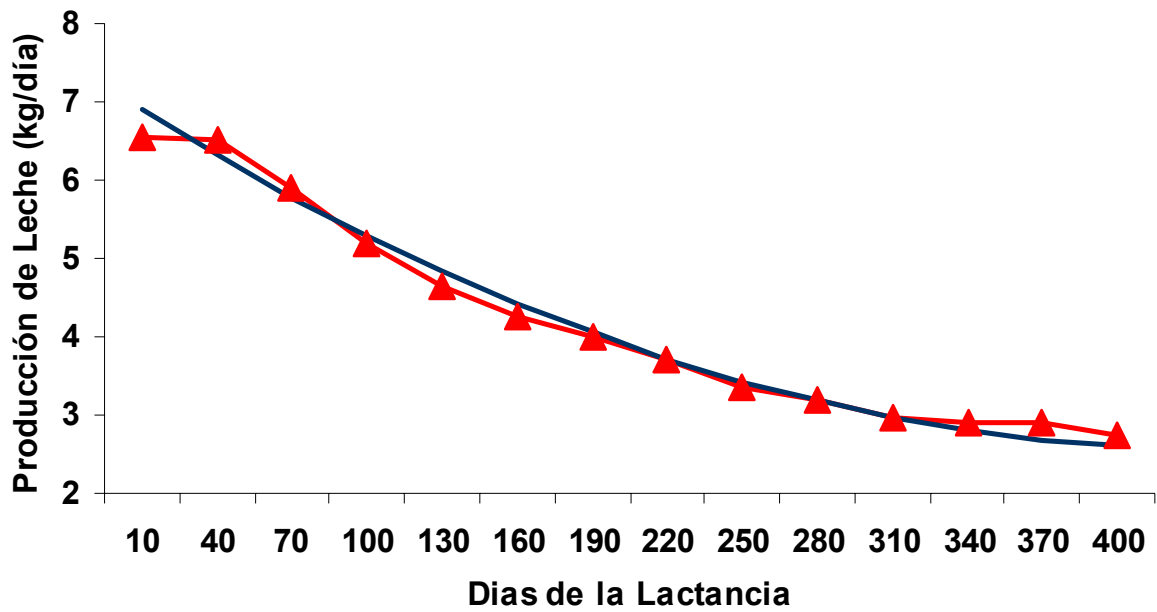


Figura 3.5. Curva de lactancia media observada (—▲—) y curva de lactancia media ajustada (—).

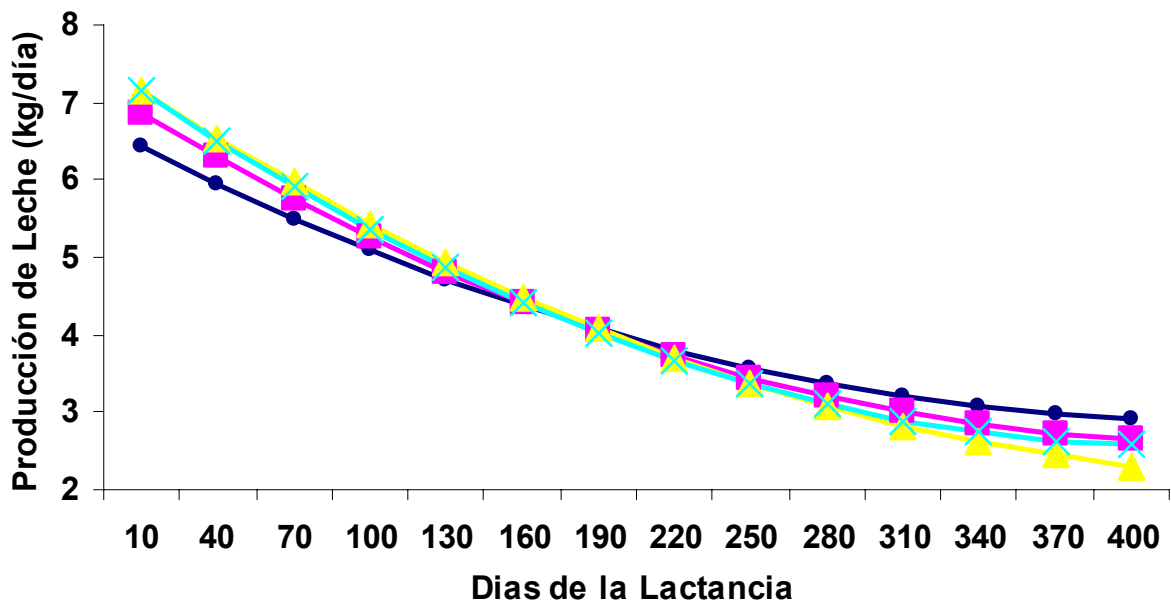


Figura 3.6. Curvas de lactancia estimadas para diferente número de parto. Primero (—●—), segundo (—■—), tercero (—▲—) y cuarto ó más partos (—x—).

Salas (1998) y Val-Arreola *et al.* (2004) observaron lactancias sin un ascenso inicial en la producción de leche en ganado Holstein de la región central de México. Madalena *et al.* (1979) también observaron este comportamiento en vacas Holsteín y Holstein x Gyr, en Brasil. Cobby y Le Du (1978) y Rook *et al.*, (1993) mencionan que la inexistencia de esta fase de ascenso se puede atribuir a que la población de células secretoras de la glándula mamaria se encuentre en una fase decreciente al momento del parto. Existen pocos estudios en condiciones tropicales que utilicen funciones desarrolladas ex profeso.

Los polinomios de Legendre utilizados en los MRA son capaces de describir una gran variedad de formas de la lactancia, aunque puede ocurrir una sobreestimación de las varianzas en las partes periféricas de la trayectoria (Meyer, 1998; Pool *et al.*, 2000; Macciotta *et al.*, 2005). La forma de la lactancia en el ganado CLT varió de acuerdo al número de parto (Figura 3.6), siendo la producción inicial de mayor magnitud después del primer parto, pero similar después del tercer parto. La producción entre los días 130 y 250 se muestra muy similar en magnitud en todos los partos, pero el descenso en la producción es más drástico en las lactancias de partos avanzados que iniciaron con una mayor producción.

Por otro lado, la estación de prueba de junio-agosto fue la estación que mostró la mayor producción de leche por lactancia a 400 días, con 278 kg más que la estación diciembre-febrero que registró la menor producción. Las estaciones de prueba de septiembre-noviembre y de marzo-mayo registraron 163 y 73 kg arriba de la estación de menor rendimiento, respectivamente. La producción a 400 días en los partos 2, 3 y ≥ 4 , fue superior al primer parto en 155, 245 y 281 kg, respectivamente.

Evaluación genética

Los modelos de regresión aleatoria ofrecen la posibilidad de obtener valores genéticos para cualquier día de la lactancia, intervalos de la lactancia o la

producción total acumulada. En el presente estudio se obtuvieron valores genéticos estimados para producción de leche acumulada a 305 días de toros y vacas.

En las evaluaciones genéticas anteriormente realizadas al CLT de México, Rosendo-Ponce (1998) y Rueda (2003), consideraron solamente la producción acumulada a 305 días para animales provenientes de hatos mexicanos. En la presente evaluación se consideró toda la información original de producción en día de prueba (test-day) mediante un MRA que ajusta automáticamente los efectos ambientales que inciden a lo largo de la lactancia y se incluyeron animales provenientes del hato de la Finca El Pino de Rivas, Nicaragua, propiedad de Doña Socorro, viuda de Reyna.

Se evaluaron 119 sementales, de los cuales 15 tuvieron más de 10 hijas con registros de producción de leche, 85 sementales con 1 a 9 hijas en esta condición y 19 sementales que fueron solamente padres de otros toros o vacas con hijas con registros de producción. Se evaluaron 602 vacas, 467 de las cuales poseían registros de producción.

En el anexo A1 se muestran los valores genéticos para producción de leche acumulada a 305 días para toros que tuvieron 10 ó más hijas con registros de producción de leche, siendo nueve los sementales que muestran valores genéticos positivos y de los cuales resaltan los sementales *Dundo*, *Cristalino*, *Coronel* y *Catrín* con valores genéticos superiores a 230. Los sementales *Coronel* y *Catrín* han aparecido como animales superiores en las tres evaluaciones genéticas; sin embargo, en esta última fueron superiores a ellos los sementales *Dundo* (de Rivas Nicaragua) y *Cristalino* (de México), posiblemente por la incorporación de mayores registros favorables de sus parientes y/o por una mayor precisión en las estimaciones. Es válido señalar que a diferencia de evaluaciones anteriores, la presente evaluación incorpora información adicional de México y agrega información de Nicaragua, pero no considera lactancias que carecen de confiabilidad o sin antecedentes confiables de las pesadas originales (*test-days*).

Resalta el caso de sementales viejos como *Jarano*, quien a pesar de tener 23 hijas, muestra un valor genético bajo; sin embargo, no debe considerarse un mal semental, pues en su tiempo, sin los efectos favorables de la selección ejercida, pudo haber representado una buena alternativa entre los sementales existentes.

Dentro de los sementales con menos de 10 hijas con registros de producción (Anexo A2) se tuvieron 68 sementales con valores genéticos positivos y de los cuales 26 nacieron en la década pasada. Vale decir que la evaluación no consideró toros jóvenes sin hijas con registros de producción, los cuales constituyen una herramienta fundamental para continuar con la mejora genética de los hatos.

La categorización de vacas (Anexo A3) también refleja que gran parte de las que obtuvieron valores genéticos mayores, son animales jóvenes (ubicados en el Colegio de Postgraduados y en la Finca el Pino), lo que refleja el éxito del programa de mejora genética emprendido con este ganado. Lo anterior se refuerza al observar las Figuras 3.7 y 3.8 sobre tendencias genéticas, donde se registra una ganancia anual de 7.700 ± 1.352 y 11.040 ± 0.708 kg de leche por lactancia a 305 días, en toros y vacas, respectivamente ($P < 0.001$).

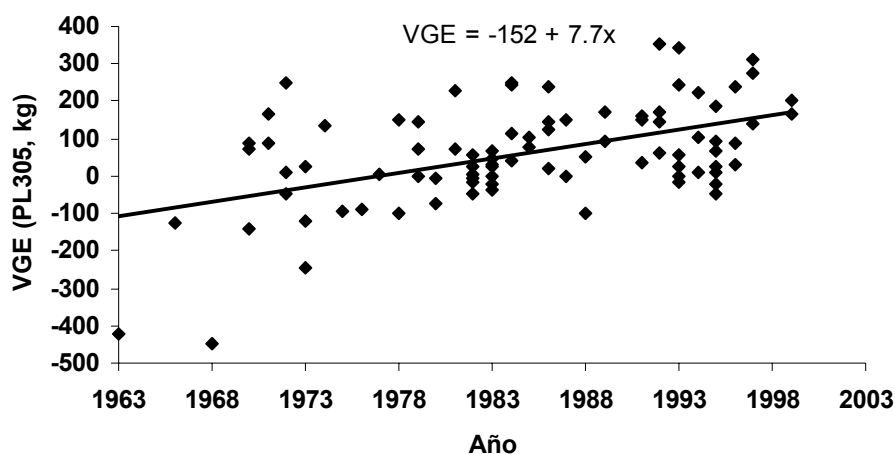


Figura 3.7. Tendencias genéticas para producción de leche acumulada a 305 días en toros Criollo Lechero Tropical.

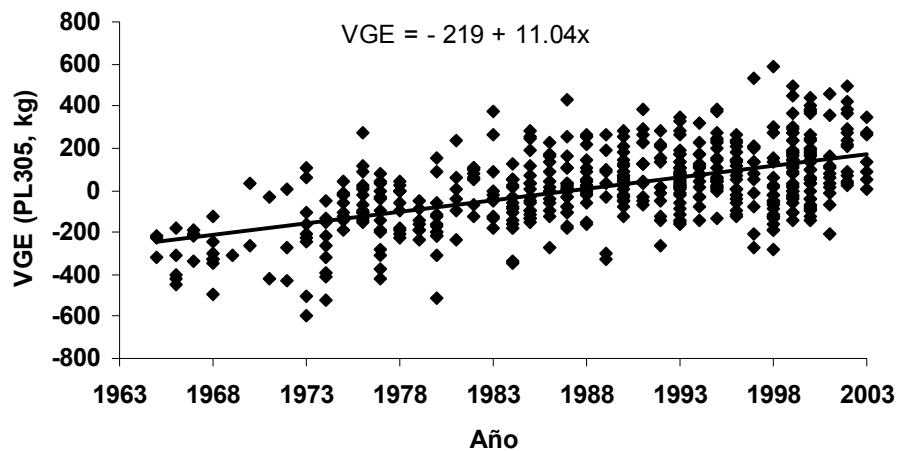


Figura 3.8. Tendencias genéticas para producción de leche acumulada a 305 días en vacas Criollo Lechero Tropical.

Los coeficientes estimados de las tendencias genéticas fueron superiores a los estimados por Rosendo-Ponce (1998) (3.41 ± 1.57 kg para toros y 2.86 ± 0.89 para vacas) y Rueda (2003) (3.8 ± 1.03 para toros y 2.65 ± 0.55 para vacas), lo que se puede explicar por una mayor precisión de las evaluaciones al utilizar toda la información original de las pesadas, en vez del dato único de producción acumulada a 305 días por lactancia y/o por la mayor cantidad de lactancias incluidas, además de la incorporación de la información de Nicaragua.

La tendencia genética resultó más favorable en vacas que en toros, tal vez porque el esquema de selección seguido en los hatos se ha basado en la selección de madres de toro. En el Anexo A15 se pueden observar fotos del ganado Criollo Lechero Tropical que fue evaluado.

3.5 CONCLUSIONES

La lactancia del ganado Criollo Lechero Tropical no mostró la fase de ascenso inicial característica de la lactancia que se obtiene al ajustar datos de producción diaria de leche en condiciones de clima templado con razas europeas.

El progreso genético detectado en toros y vacas muestra el éxito del programa de mejoramiento que se ha empleado en el ganado Criollo Lechero Tropical desde 1974 a la fecha.

CAPÍTULO 4. EFECTO DE DIFERENTE INFORMACIÓN A *PRIORI* SOBRE LA DISTRIBUCIÓN FINAL DE PARÁMETROS DE LA LACTANCIA AL AJUSTAR UN MODELO DE REGRESIÓN ALEATORIA EN UN ANÁLISIS BAYESIANO

4.1 RESUMEN

En el presente estudio se realizó un análisis Bayesiano para un modelo de regresión aleatoria ajustado a 1,438 lactancias con 15,377 registros de producción en día de prueba de vacas Criollo Lechero Tropical, paridas entre 1974 y 2006 en las tierras bajas del Golfo de México y en Rivas, al sur de Nicaragua. Se utilizaron cuatro diferentes informaciones *a priori* para los componentes de varianza (niveles altos y bajos de grados de libertad y de parámetros de escala) y se observó el efecto sobre la distribución final bajo la situación actual de una muestra relativamente pequeña. Las densidades marginales posteriores de los parámetros de interés se vieron influidas por el tipo de información *a priori* utilizada, sobre todo para los parámetros de escala de la distribución.

4.2 INTRODUCCIÓN

Actualmente se reconoce que existen situaciones prácticas en las que es apropiado formular el problema de estimación con referencia a conocimientos previamente existentes. La distribución *a priori* expresa el conocimiento o ignorancia sobre los parámetros antes de que los datos sean analizados y el Teorema de Bayes proporciona el mecanismo formal para realizar la estimación de dichos parámetros bajo este principio (Neyman, 1962).

La distribución *a priori* permite hacer enunciados de probabilidad acerca de los parámetros, mientras que en la estimación clásica se hacen inferencias basándose en las propiedades asintóticas de la distribución y asumiendo siempre que se está trabajando con el modelo correcto (Blasco, 2001). Los procedimientos Bayesianos en conexión con los métodos MCMC (*Markov Chain Monte Carlo*), pueden ser

utilizados para ajustar cualquier modelo, independientemente de su complejidad (e.g., Gilks *et al.*, 1996). Walsh (2001) hace la conjetura de que en los próximos 20 años los métodos Bayesianos desplazarán su contraparte de máxima verosimilitud. Investigadores como Daniel Gianola, Jean-Louis Foulley y Rhoan Fernando, han promovido el análisis Bayesiano en la Genética Cuantitativa desde hace más de 20 años y sus trabajos han servido de referencia para otras áreas; prueba del presagio anterior es que al menos 94 artículos del 8th *World Congress on Genetics Applied to Livestock Production* (Bello Horizonte, Brasil; septiembre de 2006), utilizaron estimadores Bayesianos en su análisis.

La información *a priori* puede provenir de resultados de otros experimentos o de consideraciones teóricas o subjetivas originadas de la experiencia del investigador. Cuando no existe información previa generalmente se utiliza una distribución *a priori* objetiva o no informativa, aunque aún falta consenso entre los investigadores respecto a lo apropiado de esta elección (Blasco, 2001; Sorensen y Gianola, 2002). Si existe algún conocimiento disponible, se puede asignar una distribución *a priori* informativa al parámetro desconocido, con hiperparámetros elegidos de alguna forma; donde el conocimiento previo puede permitir especificar algunas características de la distribución *a priori*, pero no la distribución completa (Gianola *et al.*, 2002).

Una de las críticas que se hacen a la inferencia Bayesianas es el efecto potencial que una información *a priori* posiblemente subjetiva, arbitraria o errónea puede tener sobre las inferencias en la distribución final (Gianola *et al.*, 2002). Sin embargo, el efecto de la *a priori* desaparece a medida que el tamaño de la muestra se incrementa, por lo que cuando la muestra es “suficientemente grande”, el problema de la elección de una información *a priori* confiable se ve reducido (Blasco, 2001; Gianola *et al.*, 2002; Sorensen y Gianola, 2002). Por otro lado, resulta interesante hasta que punto el uso de diferente información *a priori* influye en la forma de la distribución final cuando se trabaja con muestras “pequeñas”, como es el caso de las bases de datos de producción de leche en algunas regiones tropicales.

El objetivo del presente estudio fue evaluar el efecto de diferente información *a priori* sobre la distribución marginal final de los componentes de (co)varianza en la producción diaria de leche del ganado Criollo Lechero Tropical, utilizando un modelo de regresión aleatoria para rendimiento en día de prueba.

4.3 MATERIALES Y MÉTODOS

Base de datos

Se trabajó con 1,438 lactancias, que contenían 15,377 registros en día de pesada de 467 vacas Criollo Lechero Tropical, provenientes de cuatro hatos, tres de ellos ubicados en la región tropical baja del Golfo de México y uno en Rivas, al sur de Nicaragua. La base de datos utilizada y las condiciones bajo las cuales ésta fue obtenida, se describen con detalle en los capítulos precedentes.

Análisis estadístico

Con base en el estudio previo de comparación de modelos, se utilizó un modelo de regresión aleatoria (MRA) para días de prueba que contiene un polinomio de Legendre de segundo orden como función de regresión fija y un polinomio de Legendre de primer orden para los efectos genéticos aditivos y segundo orden para efectos del ambiente permanente. La estructura general del modelo se describe en el Capítulo 2.

La distribución *a priori* utilizada para todos los efectos fijos fue uniforme, $U(-9999, 9999)$; mientras que para los efectos genéticos aditivos fue Normal multivariada: $[g_1, g_2]' \sim N(0, V_G \otimes A)$, donde V_G es la matriz de (co)varianzas 2x2 para el vector de interceptos y pendientes (g_1, g_2) y A es la matriz de parentesco, al igual que para los efectos ambientales permanentes: $[p_1, p_2, p_3]' \sim N(0, V_{AP})$, donde V_{AP} es la matriz de (co)varianzas 3x3 para el intercepto y pendientes (p_1, p_2, p_3) .

Para los componentes de varianza se utilizaron distribuciones *a priori* conjugadas (distribuciones que originan nuevas distribuciones en su misma familia) para facilitar los cálculos mediante el muestreador de Gibbs y obtener distribuciones marginales exactas. Para la varianza residual (σ_e^2), la distribución *a priori* fue Ji-cuadrada invertida escalada, $\chi^2 (v_e, S_e)$; donde v_e y S_e son los hiperparámetros, siendo v_e los grados de libertad o grados de confianza y S_e el parámetro o matriz de escala; para las (co)varianzas de los efectos del ambiente permanente, la *a priori* fue Wishart invertida, WI (v_p, S_p), al igual que para las (co)varianzas de los efectos genéticos aditivos, WI (v_a, S_a); con v_p, S_p, v_a y S_a , equivalentes en significado a v_e y S_e .

Se consideraron algunas restricciones sobre los valores mínimos permitidos para tener varianzas finitas en las distribución Wishart Invertida, WI (v, S) de tal manera que S fuera una matriz escala $k \times k$ simétrica y positiva definida, siendo v igual o mayor que k para evitar formas degeneradas. El valor de v refleja que tan fuerte era la confianza en el valor del parámetro de escala S .

Las matrices de (co)varianza de los efectos genéticos aditivos (G), del ambiente permanente (P) y de la varianza residual (R), de las cuales se obtuvieron y analizaron las distribuciones marginales posteriores, son las siguientes:

$$G = \begin{pmatrix} g_{11} & g_{12} \\ & g_{22} \end{pmatrix}, \quad P = \begin{pmatrix} p_{11} & p_{12} & p_{13} \\ & p_{22} & p_{23} \\ & & p_{33} \end{pmatrix}, \quad R = (r)$$

Las distribuciones finales de estas matrices fueron obtenidas a través de considerar la máxima verosimilitud de los datos, combinada con la información *a priori* brindada por las diversas matrices de escala S_a, S_p y S_e , para G, P y R , respectivamente; además de los grados de libertad asociados (v_a, v_p y v_e) a cada caso. Se evaluaron dos niveles diferentes de valores para los seis hiperparámetros (v_a, v_p, v_e, S_a, S_p y S_e), considerando un nivel bajo (subíndice 0) y alto (subíndice 1)

en cada caso. De esta manera se generaron cuatro diferentes grupos de informaciones *a priori*, los cuales se muestran en el cuadro 4.1.

El efecto de las diferentes informaciones *a priori* sobre las distribuciones marginales finales se analizó utilizando programación en Fortran 90[®] en el servidor breeder3 del Departamento de Ciencia Animal de la Universidad de Wisconsin. Se utilizó el muestreador de Gibbs como técnica para obtener las distribuciones marginales posteriores. Se empleó el programa *Bayesian Output Analysis* (BOA) del software libre R[®] (Smith, 2005) para el diagnóstico de convergencia y para el análisis de las cadenas de Markov Monte Carlo (MCMC, por sus siglas en inglés). Cada análisis consideró 100,000 iteraciones, con 20,000 iteraciones iniciales para descartar (*burn-in*).

Cuadro 4.1. Grupos de información a priori con variación en grados de libertad (v) y matrices de escala (S) para componentes de varianza.

$A \text{ priori}^1$	v_a	v_p	v_e	S_a	S_p	S_e
v_0S_0 (0,0)	2	3	3	$\begin{pmatrix} 0.1 & 0.01 \\ 0.1 & 0.1 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 0.1 & 0.01 & 0.01 \\ 0.01 & 0.1 & 0.01 \\ 0.01 & 0.01 & 0.1 \end{pmatrix}$	0.1
v_0S_1 (0,1)	2	3	3	$\begin{pmatrix} 2.0 & 1 \\ 1 & 2.0 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 2 & 1 & 1 \\ 1 & 2 & 1 \\ 1 & 1 & 2 \end{pmatrix}$	2.0
v_1S_0 (1,0)	5	5	5	$\begin{pmatrix} 0.1 & 0.01 \\ 0.1 & 0.1 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 0.1 & 0.01 & 0.01 \\ 0.01 & 0.1 & 0.01 \\ 0.01 & 0.01 & 0.1 \end{pmatrix}$	0.1
v_1S_1 (1,1)	5	5	5	$\begin{pmatrix} 2.0 & 1 \\ 1 & 2.0 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 2 & 1 & 1 \\ 1 & 2 & 1 \\ 1 & 1 & 2 \end{pmatrix}$	2.0

Nota: ¹ v_i = grados de libertad; S_i = parámetros de escala, donde i es el nivel bajo (0) o alto (1).

4.4 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se obtuvieron las distribuciones marginales posteriores de los parámetros de interés, analizándose valores de medias muestrales, desviaciones estándar,

intervalos de máxima probabilidad; además de otros indicadores descriptivos y/o de convergencia de las MCMC generadas.

Autocorrelaciones

En general se observaron valores altos para autocorrelaciones entre muestras a diferentes distancias (*lag-autocorrelations*) para cada componente de (co)varianza dentro de una misma cadena. Las autocorrelaciones para efectos genéticos aditivos y del ambiente permanente, con espacios (*lag*) de 1 y 5 iteraciones (Figuras anexas A4, A5 y A6), fueron frecuentemente mayores a 0.9, lo que indica una alta asociación entre los valores de los componentes de varianza dentro de las MCMC y en general una buena convergencia hacia la distribución final.

Aunque las muestras de la varianza residual mostraron valores bajos en sus autocorrelaciones (Figura anexa A6), esto no implica una pobre convergencia, sino tal vez que la convergencia hacia la distribución final se logró en las primeras iteraciones y la variación posterior en el muestreo fue poca y sin un patrón claro de dependencia entre las muestras.

Trazado de la muestra

El trazado de la muestra puede indicar cómo los valores del muestreo generalmente convergen hacia niveles de menor variación. Si se observa por ejemplo el caso de g_{11} en la Figura 4.1 (varianza del intercepto para el efecto genético aditivo), se puede apreciar cómo existe mayor variación en los valores de la muestra hasta la iteración 1000. Se puede observar como dos grupos de información *a priori* con el mismo nivel en los parámetros de escala S (00 y 10, 01 y 11) mostraron valores casi idénticos entre ellos en las iteraciones iniciales; sin embargo, en iteraciones más avanzadas la magnitud de los valores fue diferente (Figuras anexas A7, A8 y A9).

Al analizar el trazado del muestreo en iteraciones avanzadas (Figuras anexas A7, A8 y A9), se observa cómo los valores muestran un comportamiento variable pero generalmente consistente en posición considerando las diversas informaciones *a priori* utilizadas, por ejemplo, la combinación de niveles bajos de ν y S (0,0) obtuvo valores de g_{11} y g_{12} casi siempre mayores al resto de informaciones *a priori* y siempre inferiores para el componente g_{22} . El trazado de la muestra para la varianza residual (r) mostró menores discrepancias al utilizar diferente información *a priori* (Figura anexa A9).

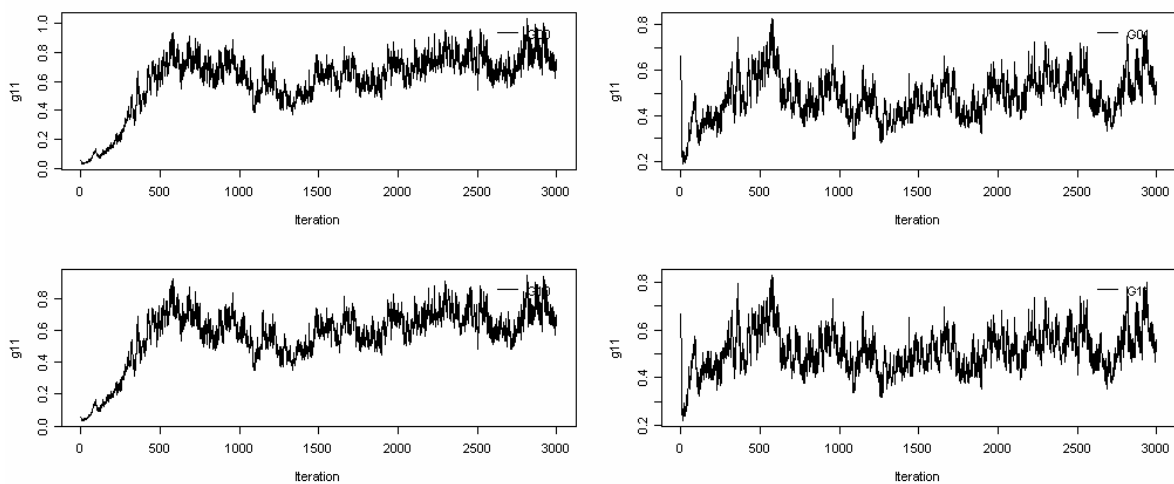


Figura 4.1. Trazas del muestreo (*sampler trace*) para la varianza del intercepto para el efecto genético aditivo (g_{11}).

Diagnóstico de convergencia

Se dice que una MCMC converge al tiempo T , cuando las muestras provienen con seguridad de la verdadera distribución estacionaria de la cadena de Markov, para toda $t > T$. Aunque esta definición no es completamente precisa desde que no se define el término “seguridad”, es suficiente para implementaciones prácticas, donde las muestras obtenidas después de lograda la convergencia deben ser conservadas para realizar las inferencias subsecuentes (Carlin, 2000).

Se analizó la convergencia para las MCMC generadas utilizando el diagnóstico de convergencia de Heidleberger y Welch (1983) para estacionalidad (*Stationarity*) y para amplitud de la mitad (*Halfwidth*) del intervalo (Cuadro 4.2).

Cuadro 4.2. Diagnóstico de convergencia de las cadenas de Markov mediante la prueba de Heidleberger y Welch para estacionalidad (*Stationarity test*) y amplitud de mitad de intervalo (*Halfwidth interval test*).

<i>A priori</i> ¹	(Co)va- rianza	Prueba de Estacionalidad	Iteraciones conservadas ²	Iteraciones descartadas ²	C-von-M ³	Amplitud de mitad	Prueba de amplitud
$v_0 S_0$ (0,0)	g11	pasó	100,000	0	0.09070	0.01575	pasó
	g12	pasó	100,000	0	0.03593	0.01116	falló
	g22	pasó	100,000	0	0.09705	0.01006	pasó
	p11	pasó	100,000	0	0.09306	0.00830	pasó
	p12	pasó	100,000	0	0.03382	0.00704	pasó
	p13	pasó	100,000	0	0.14626	0.00184	pasó
	p22	pasó	100,000	0	0.08986	0.00900	pasó
	p23	pasó	100,000	0	0.21176	0.00150	pasó
	p33	pasó	100,000	0	0.05701	0.00112	pasó
r	pasó	100,000	0	0.09929	0.00018	pasó	
$v_0 S_1$ (0,1)	g11	pasó	100,000	0	0.10977	0.00551	pasó
	g12	pasó	100,000	0	0.04201	0.00379	falló
	g22	pasó	100,000	0	0.06774	0.00298	pasó
	p11	pasó	100,000	0	0.05868	0.00308	pasó
	p12	pasó	100,000	0	0.07250	0.00202	pasó
	p13	pasó	100,000	0	0.18076	0.00121	pasó
	p22	pasó	100,000	0	0.06179	0.00228	pasó
	p23	pasó	100,000	0	0.16234	0.00105	pasó
	p33	pasó	100,000	0	0.18696	0.00073	pasó
r	pasó	100,000	0	0.41363	0.00012	pasó	
$v_1 S_0$ (1,0)	g11	pasó	100,000	0	0.07731	0.01109	pasó
	g12	pasó	100,000	0	0.21328	0.00808	falló
	g22	pasó	100,000	0	0.04345	0.00754	pasó
	p11	pasó	100,000	0	0.10800	0.00634	pasó
	p12	pasó	100,000	0	0.20515	0.00537	pasó
	p13	pasó	100,000	0	0.11045	0.00187	pasó
	p22	pasó	100,000	0	0.04938	0.00695	pasó
	p23	pasó	100,000	0	0.21876	0.00113	pasó
	p33	pasó	100,000	0	0.06772	0.00096	pasó
r	pasó	100,000	0	0.12819	0.00018	pasó	
$v_1 S_1$ (1,1)	g11	pasó	100,000	0	0.11593	0.00368	pasó
	g12	pasó	100,000	0	0.13873	0.00257	pasó
	g22	pasó	100,000	0	0.04005	0.00263	pasó
	p11	pasó	100,000	0	0.08580	0.00230	pasó
	p12	pasó	100,000	0	0.15820	0.00163	pasó
	p13	pasó	100,000	0	0.10981	0.00122	pasó
	p22	pasó	100,000	0	0.04267	0.00190	pasó
	p23	pasó	100,000	0	0.30558	0.00088	pasó
	p33	pasó	100,000	0	0.19406	0.00071	pasó
r	pasó	100,000	0	0.31761	0.00014	pasó	

Notas: Exactitud de la prueba de amplitud de mitad = 0.1

¹ v_i = grados de libertad; S_i = parámetros de escala, donde i es el nivel bajo (0) o alto (1)

² Se refiere a las iteraciones conservadas y descartadas exclusivamente para este diagnóstico.

³ Estadística de Cramer-von-Mises

El diagnóstico de Heidleberger y Welch (1983) se basa en la teoría de puente Browniano (*Brownian bridge theory*) y usa la estadística de Cramer-von-Mises. Si existe evidencia de no estacionalidad, la prueba se repite después de descartar el primer 10% de las iteraciones. Este proceso continúa hasta que la cadena resultante pasa la prueba o hasta que se descarta más del 50% de las iteraciones. Una falla de una cadena para pasar la prueba indica que se requiere una corrida más larga del muestreador para alcanzar la convergencia (Smith, 2005).

La convergencia falló exclusivamente en la cadena del componente g12 cuando se realizó la prueba de amplitud de la mitad del intervalo, mientras que con la prueba de estacionalidad de la distribución todas las cadenas pasaron el diagnóstico de convergencia. Se decidió continuar el análisis de las cadenas a pesar del resultado obtenido con la cadena del componente g12, toda vez que ésta pasó la prueba de estacionalidad y que para fines del presente estudio es posible observar el efecto de diferente información *a priori* sobre la distribución marginal posterior de los parámetros.

Verosimilitud y Criterio de Información de Akaike (AIC)

En el cuadro 4.3 se presentan los valores de la verosimilitud y del criterio de información de Akaike (AIC, por sus siglas en inglés) obtenidos al ajustar el modelo con diferente información *a priori* para los componentes de varianza.

Cuadro 4.3. Valor de la verosimilitud y del criterio de información de Akaike (AIC) al ajustar el modelo con diferente información *a priori* para componentes de varianza.

<i>A priori</i> ¹	Verosimilitud	AIC
v_0S_0	-24151.11	49071.54
v_0S_1	-24094.63	49050.26
v_1S_0	-24150.94	49072.76
v_1S_1	-24077.48	49044.24

Nota: ¹ v_i = grados de libertad; S_i = parámetros de escala, donde i es el nivel bajo (0) o alto (1).

Las informaciones *a priori* que consideraron los mismos parámetros de escala pero diferentes grados de libertad mostraron valores muy similares tanto en verosimilitud como en AIC, siendo los valores ligeramente diferentes al ajustar diferentes parámetros de escala.

Medias posteriores estimadas y desviaciones estándar

Las medias posteriores estimadas y las desviaciones estándar se obtuvieron considerando 100,000 iteraciones en cada análisis y utilizando 20,000 iteraciones para descarte (Cuadro 4.4).

Cuadro 4.4. Medias posteriores estimadas y sus desviaciones estándar para componentes de varianza, utilizando diferente información *a priori*.

Parámetro	<i>A priori</i> ¹							
	v_0S_0		v_0S_1		v_1S_0		v_1S_1	
	\bar{X}	DE	\bar{X}	DE	\bar{X}	DE	\bar{X}	DE
g11	0.624	0.125	0.482	0.086	0.583	0.117	0.511	0.079
g12	0.075	0.076	0.023	0.055	0.061	0.071	0.045	0.052
g22	0.157	0.072	0.251	0.057	0.151	0.062	0.339	0.061
p11	0.184	0.064	0.337	0.055	0.200	0.062	0.364	0.053
p12	-0.167	0.050	-0.061	0.041	-0.159	0.048	-0.033	0.039
p13	0.105	0.034	0.149	0.035	0.104	0.033	0.163	0.036
p22	0.316	0.073	0.366	0.058	0.316	0.068	0.376	0.056
p23	-0.137	0.033	-0.047	0.035	-0.135	0.032	-0.012	0.036
p33	0.267	0.042	0.344	0.045	0.265	0.041	0.373	0.046
r	1.332	0.016	1.325	0.016	1.332	0.016	1.323	0.016

Nota: Uso del muestreador de Gibbs, con 100,000 iteraciones, con 20,000 iteraciones para descarte.

¹ v_i = grados de libertad; S_i = parámetros de escala, donde i es el nivel bajo (0) o alto (1).

Se pueden observar diferencias notables en los valores de la media para un mismo componente de (co)varianza al utilizar diferente información *a priori*. Los valores de la media posterior están más condicionados por la variación en los parámetros de escala que por la variación en los grados de libertad. Las mayores diferencia se registraron entre las (co)varianzas para el ambiente permanente, mientras que la varianza residual posterior se vio muy poco afectada por el uso de diferente información *a priori*.

Lo anteriormente señalado también puede apreciarse al observar la media muestral a lo largo de las iteraciones del muestreador de Gibbs (Figuras anexas A10, A11 y A12).

Densidades marginales posteriores

Las densidades marginales posteriores se graficaron para cada componente y considerando las cuatro diferentes informaciones *a priori* utilizadas (Figuras 4.2 a 4.4).

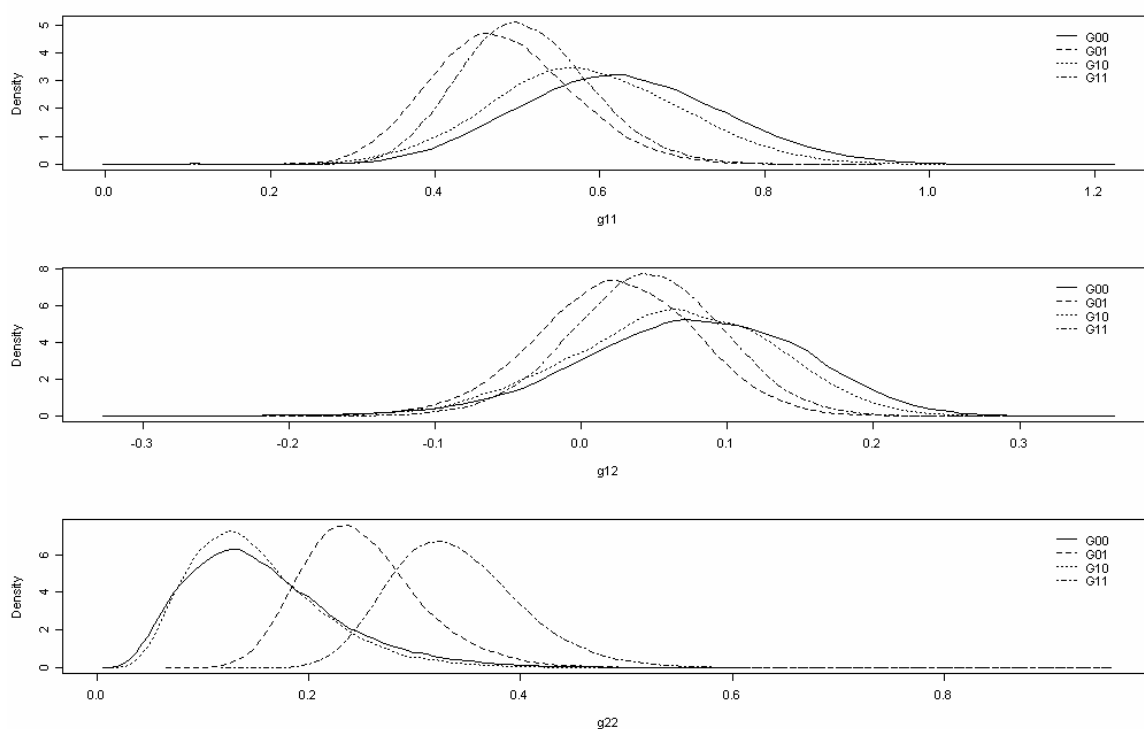


Figura 4.2. Densidades posteriores para componentes de (co)varianza del efecto genético aditivo, considerando diferentes informaciones *a priori*.

La mayor diferencia en las densidades posteriores se debió al uso de diferentes parámetros de escala; mientras que la variación en los grados de libertad tuvo menor efecto. Lo anterior se pudo apreciar porque informaciones *a priori* con los mismos grados de libertad, pero con diferentes parámetros de escala, generaron densidades posteriores muy diferentes.

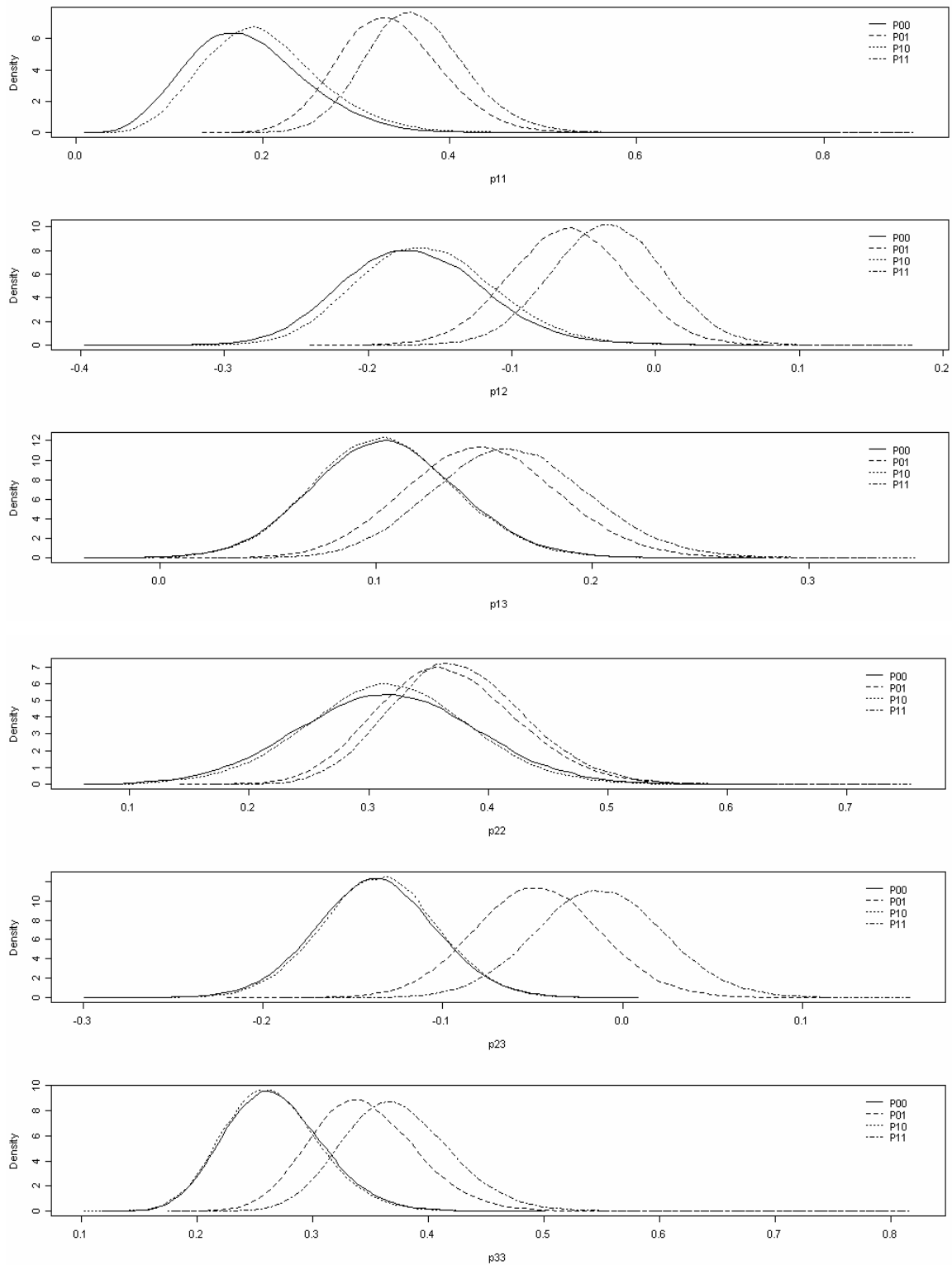


Figura 4.3. Densidades posteriores para componentes de (co)varianza del efecto ambiental permanente, considerando diferentes informaciones *a priori*.

Las diferencias no fueron tan grandes cuando se utilizaron informaciones *a priori* con los mismos parámetros de escala y diferente magnitud en grados de libertad.

Las diferencias fueron más marcadas en los componentes de varianza de los efectos genéticos aditivos y del ambiente permanente, y especialmente en los componentes g22, p11, p12 y p23 (Figuras 4.2 y 4.3). Para el caso de la varianza residual el efecto del uso de diferente información a priori sobre la distribución marginal posterior fue menos marcado (Figura 4.4).

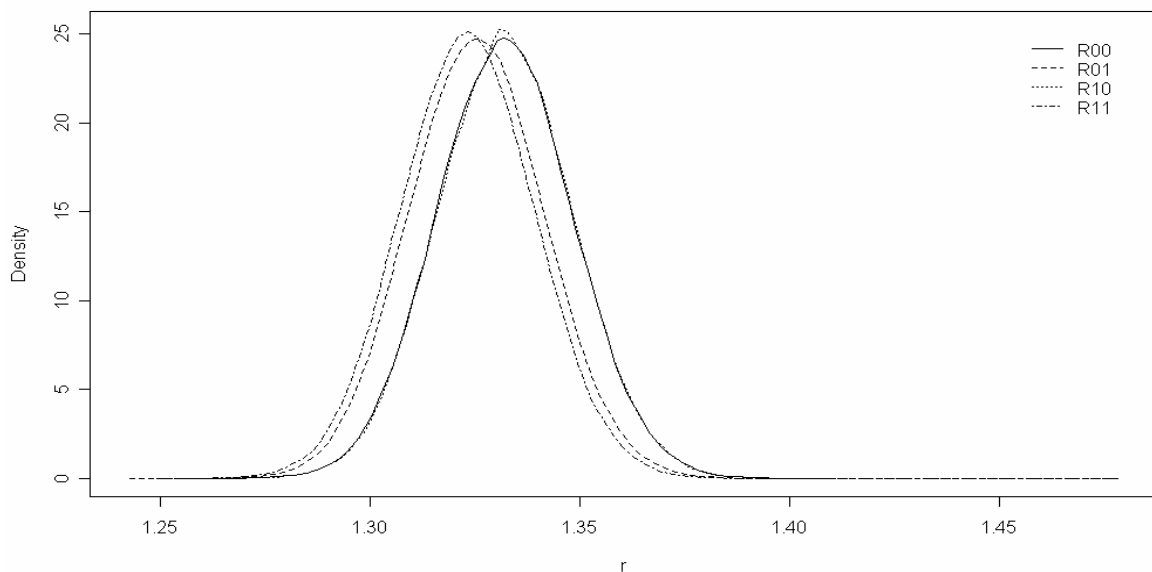


Figura 4.4. Densidad posterior para la varianza residual, considerando diferentes informaciones *a priori*.

Intervalos de máxima probabilidad (IMP)

Los IMP cubren una región de valores que contiene $(1 - \alpha) \times 100$ de la densidad posterior, de tal manera que la densidad posterior dentro del intervalo es siempre mayor que la de afuera y por ello los IMP son de menor longitud que cualquier otro intervalo Bayesiano. Para la construcción de los IMP, BOA utiliza el algoritmo de Shao, bajo el supuesto de distribuciones marginales posteriores unimodales (Smith, 2005).

En general los IMP más amplios, fueron los correspondientes al parámetro g11 (varianza del intercepto), sobre todo cuando se usó la matriz de escala de mayor magnitud. En general existieron discrepancias entre intervalos de mayor probabilidad para los componentes de (co)varianza de los efectos genéticos aditivos y del ambiente permanente al utilizar distintas informaciones *a priori*. Esta discrepancia fue menor en el caso de los intervalos de máxima probabilidad para la varianza residual. También aquí se apreció la mayor influencia de la magnitud de los valores de las matrices de escala sobre la amplitud y ubicación de los intervalos, siendo menor la variación ocurrida por el uso de diferentes valores de los grados de libertad.

Cuadro 4.5. Intervalos de mayor probabilidad (95%) para componentes de varianza, utilizando diferente distribución *a priori*.

Parámetro	<i>A priori</i>							
	$v_0 S_0$		$v_0 S_1$		$v_1 S_0$		$v_1 S_1$	
	L_1	L_2	L_1	L_2	L_1	L_2	L_1	L_2
g11	0.3937	0.8734	0.3170	0.6504	0.3607	0.8150	0.3618	0.6701
g12	-0.0744	0.2202	-0.0861	0.1307	-0.0804	0.1921	-0.0590	0.1479
g22	0.0348	0.2975	0.1499	0.3664	0.0482	0.2765	0.2280	0.4631
p11	0.0704	0.3078	0.2327	0.4447	0.0867	0.3235	0.2651	0.4704
p12	-0.2619	-0.0670	-0.1402	0.0187	-0.2502	-0.0638	-0.1080	0.0445
p13	0.0388	0.1713	0.0810	0.2187	0.0392	0.1683	0.0931	0.2337
p22	0.1749	0.4634	0.2569	0.4816	0.1812	0.4491	0.2680	0.4854
p23	-0.2024	-0.0724	-0.1170	0.0207	-0.1981	-0.0714	-0.0823	0.0592
p33	0.1862	0.3502	0.2577	0.4335	0.1855	0.3472	0.2859	0.4659
r	1.3008	1.3637	1.2945	1.3567	1.3013	1.3640	1.2922	1.3540

Nota: Se utilizaron 100,000 iteraciones con el muestreador de Gibbs, con 20,000 iteraciones iniciales para descartar.

¹ v_i = grados de libertad; S_i = parámetros de escala, donde i es el nivel bajo (0) o alto (1).

4.5 CONCLUSIONES

El uso de diferentes valores para los hiperparámetros de la información *a priori* de los componentes de varianza para producción diaria de leche del ganado Criollo Lechero Tropical tuvo un efecto notable en las distribuciones marginales posteriores, sobre todo en el caso de los parámetros de escala de la distribución. Lo anterior indica que los datos (función de verosimilitud) pueden no contener suficiente información para disminuir la influencia de la distribución *a priori* que se utilice en el análisis Bayesiano.

Lo anterior sin embargo, no descarta el análisis Bayesiano en el estudio de la lactancia de este ganado, sino más bien indica que su utilización requiere el uso de información *a priori* confiable y que contribuya a la obtención de inferencias válidas. Por ejemplo, la información generada en los capítulos precedentes, mediante métodos clásicos, puede utilizarse como información *a priori* confiable en estudios posteriores, e iniciar así un proceso de aprendizaje continuo en el terreno Bayesiano.

Por otro lado, si se requiere realizar comparaciones de modelos en el terreno Bayesiano y utilizando bases de datos relativamente pequeñas, como la aquí analizada, habrá que considerar que las diferencias observadas podrían ocurrir por la información *a priori* usada para cada modelo y no por el modelo en si.

CONCLUSIONES GENERALES

Mediante el presente trabajo se logró seleccionar un modelo para caracterizar la lactancia del ganado CLT a partir de un análisis que permitió el uso de toda la información disponible (aspecto fundamental en las regiones tropicales, donde los registros de producción son generalmente escasos y costosos para el productor), la obtención de estimadores precisos de parámetros genéticos y la identificación certera de toros y vacas superiores.

Se detectaron resultados positivos del progreso genético en toros y vacas desde 1974 y se concluye que existe variabilidad genética suficiente para continuar con el mejoramiento a través de selección.

La lactancia del ganado Criollo Lechero Tropical no mostró un ascenso inicial que es característico de lactancias obtenidas en los climas templados y su modelado fue posible con polinomios de bajo orden.

Al hacer un análisis Bayesiano de la lactancia del ganado Criollo Lechero Tropical, se observó que la distribución marginal posterior de algunos parámetros se afecta notablemente por el tipo de información *a priori* utilizada, esto principalmente por el tamaño relativamente pequeño de la base de datos. Lo anterior indica la importancia de utilizar información *a priori* confiable para hacer inferencias válidas y aprovechar las ventajas de estos métodos con este tipo de datos.

BIBLIOGRAFÍA

- Albuquerque, L. G., and K. Meyer. 2001. Estimates of covariance functions for growth from birth to 630 days of age in Nelore cattle. *J. Anim. Sci.* 2001. 79:2776–2789.
- Ali, T. E., and L. R. Schaeffer. 1987. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. *Can. J. Anim. Sci.* 67:637-644.
- Bar-Anan, R., M. Ron, and G. R. Wiggans. 1985. Association among milk yield, yield persistency, conception and culling of Israeli Holstein dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 68:382-386.
- Blasco, A. 2001. The Bayesian controversy in animal breeding. *J. Anim. Sci.* 79: 2023-2046.
- Bodisco V., y O. Abreu. 1981. Producción de leche por vacas Criollas puras. *In: Recursos genéticos animales en América Latina.* B. Müller-Haye y Gelman J. (Eds.). FAO. 22:17-39.
- Bodisco V., A. Carnevalli., E. Cevallos, y J. Gómez. 1968. Cuatro lactancias consecutivas en vacas Criollas y Pardo Suizo en Maracay, Venezuela. *In: Mem. ALPA.* 3:61-75.
- Bodisco V., E. Cevallos, y A. Carnevalli. 1966. Influencia de la estación climática sobre la producción de vacas Criollo Lechero. *In: Mem. ALPA.* 1:141-153.
- Campos S., M. S. 1989. Caracterización de la curva de lactancia y utilización de registros parciales en genotipos lecheros bajo condiciones de trópico húmedo. Tesis de Magister Scientiae. Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE). Turrialba, Costa Rica.
- Carlin, B. P., and Thomas A. L. 2000. Bayes and empirical bayes methods for data analysis. 2nd ed. Chapman & Hall/CRC. USA. 434 p.
- Carmona S., y H. Muñoz. 1966. Intervalo entre partos y número de servicios por preñez en vacas Criollas, Jersey y encastadas de Suizo en clima tropical húmedo. *In: Mem. ALPA* 1:7-19.
- Carvalho, J. G. V., R. W. Blake, E. J. Pollak, R. L. Quaas, and C. V. Durán-Castro. 1998. Application of an autoregressive process to estimate genetic parameters and breeding values for daily milk yield in a tropical herd of Lucerna cattle and in United States Holstein herds. *J. Dairy Sci.* 81:2738–2751.

- Chang, Y., R. Rekaya, D. Gianola, and D. L. Thomas. 2001. Genetic variation of lactation curves in dairy sheep: a Bayesian analysis of Wood's function. *Livest. Prod. Sci.* 71:241:251.
- Cleveland, W. S. 1979. Robust locally weighted regression and smoothing scatterplots. *J. Am. Stat. Assoc.* 74:829–836.
- Cleveland, W. S., and S. J. Devlin. 1988. Locally weighted regression: An approach to regression analysis by local fitting. *J. Am. Stat. Assoc.* 83:596–610.
- Cleveland, W. S., S. J. Devlin, and E. Grosse. 1988. Regression by Local Fitting. *Journal of Econometrics.* 37: 87-114.
- Cleveland, W.S., E. Grosse, and W.M. Shyu. 1992. Local regression models. Páginas 309–376 en *Statistical Models* en S. J. M. Chambers y T. J. Hastie, ed. S. Wadsworth and Brooks/Cole, Pacific Grove, CA.
- Cleveland W. S., and C. L. Loader. 1996. Smoothing by local regression: Principles and methods. Pages 10–49 in: *Statistical Theory and Computational Aspects of Smoothing.* W. Härdle and M. G. Schimek, ed. Springer, New York, NY.
- Cobby, J. M., and L. P. Le Du. 1978. On fitting curves to lactation data. *Anim. Prod.* 26:127–133.
- Cobuci, J. A., R. F. Euclides, P. S. Lopes, C. N. Costa, R. A. Torres, and C. S. Pereira. 2005. Estimation of genetic parameters for test-day milk yield in Holstein cows using a random regression model. *Genet. Mol. Biol.* 28:75–83.
- Cobuci, J. A., R. F. Euclides, R. S. Verneque, R. L. Teodoro, P. S. Lopes, M. A. Silva. 2000. Lactation curve in Guzera Breed. *Rev. Bras. Zootec.* 29:1332-1339.
- CONARGEN (Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios A.C.). 2000. Plan de Acción. Tewolde *et al.* (Eds). México. Noviembre de 2000.
- Congleton, W. R., Everett, and R. W. 1979. Application of the incomplete gamma function to predict cumulative milk production. *J. Dairy Sci.* 26:127-133.
- Contreras R., y E. Rincón. 1979. Curvas de lactancia de vacas Criollo Limonero en un ambiente de trópico húmedo. Universidad de Zulia. Venezuela. *Revista LUZ de la Facultad de Agronomía.* 5:458-467.
- de Alba M., J. 1985. El Criollo Lechero en Turrialba. Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza. Turrialba, Costa Rica. *Boletín Técnico* No. 13. p 15.
- de Alba M., J. 1997. Polimorfismo en caseína y la calidad de la leche en ganados criollos lecheros. *In: Proc. Symposium "Utilización de razas y tipos bovinos*

creados y desarrollados en Latinoamérica y el Caribe”. Maracaibo, Venezuela. Pages 21–26.

- de Alba M., J. 1999. Búsqueda de soluciones genéticas y administrativas para la producción de leche en América Tropical. AMPA-Colegio de Postgraduados. Documento interno. México. 7 p.
- de Alba M., J. 2005. Los principios de una zootecnia en concordancia con la selección natural. En “Dialogo sobre recursos genéticos animales en la agricultura. La necesidad de su conservación y mejora para lograr sistemas de producción competitivos en Mesoamérica”. ILRI. FAO. Montelimar, Nicaragua. 5-7 de diciembre de 2005.
- de Alba M., J. 2006. Meditaciones sobre la presencia de Darwin en la ganadería tropical. Conferencias con motivo del 50 Aniversario del Instituto de Investigación de Zonas Desérticas. San Luís Potosí, S. L. P, México.
- de Alba M., J., y C. Carrera, 1958. Selección del ganado Criollo Lechero Tropical. Publicaciones Turrialba, No. 61. Departamento de Industria Animal IICA, Turrialba, Costa Rica. 70 p.
- de Alba M., J., and B. W. Kennedy. 1985. Milk production in the Latin-American Milking Criollo and its crosses with Jersey. *Anim. Prod.* 58:159-165.
- de Alba M., J., and B. W. Kennedy. 1994. Genetic parameters of purebred and crossbred milking criollos in tropical Mexico. *Anim. Prod.* 58: 159-165.
- Diggle, P.J., P. Heagerty, K. Y. Liang, and S. L. Zeger. 2000. Analysis of longitudinal data. New York: Oxford University Press. 253 p. ISBN: 0-19852-284-3.
- Druet, T., F. Jaffrézic, D. Boichard, and V. Ducrocq. 2003. Modeling lactation curves and estimation of genetic parameters for first lactation test-day records of French Holstein cows. *J. Dairy Sci.* 86:2480–2490.
- Estrella A., G. 2005. Aptitud Reproductiva de toros de la raza Criollo Lechero Tropical. Tesis de Maestría. Colegio de Postgraduados, Campus Veracruz. Programa de Agroecosistemas Tropicales. Tepetates, Veracruz.
- Estrella A., G., P. Cervantes-Acosta; N. Cisneros-Rubio, C. M. Becerril-Pérez, P. Pérez-Hernández, A. Rosendo-Ponce. 2004. Características fisicoquímicas del yogurt elaborado con leche de vacas Criollo Lechero Tropical. Avances de Investigación 2004. Colegio de Postgraduados Campus Veracruz. Programa de Agroecosistemas Tropicales. Tepetates, Veracruz.
- FAO. 1981. Recursos genéticos animales en América Latina. B. Müller-Haye y Gelman J. (Eds.). Roma, Italia. Folleto 22. 177 p.

- FAO. 2002. Animal genetic resources information. Bulletin 32. S. Galal, and J. Boyazoglu (Eds.), Rome, Italy.
- FAO. 2006. Protecting animal genetic diversity for food and agriculture. Animal Genetic Resources Group. Rome Italy. FOLLETO. Consultado el 1ro de octubre de 2007 en: <http://www.fao.org/ag/magazine/pdf/anr.pdf>).
- Ferris, T. A., I. L. Mao, and C. R. Anderson. 1983. Selecting for lactation curve and milk yield in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 68:1438-1448.
- Fitzmaurice, G. M., N. M. Laird, and J. H. Ware. 2004. Applied longitudinal analysis. Wiley series in probability and statistics.
- Fox, J. 2000. Nonparametric Simple regression: Smoothing scatterplots. Thousand Oaks CA: Sage.
- Fox, J. 2002. Nonparametric Regression; Appendix to an R and S-PLUS Companion to Applied Regression. Consulted: November 05, 2007. Available in: <http://cran.r-project.org/doc/contrib/Fox-Companion/appendix-nonparametric-regression.pdf>.
- Gianola, D., and R. L. Fernando. 1986. Bayesian methods in animal breeding theory. *J. Anim. Sci.* 63:217–244.
- Gianola, D., and J. L. Foulley. 1982. Non linear prediction of latent genetic liability with binary expression: An empirical Bayes approach. *In: Proc. 2nd World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Madrid, Spain.* 7:293–303.
- Gianola, D., R. Rekaya, G. J. M. Rosa, and A. Sanches. 2002. Advances in Bayesian methods for quantitative genetic analysis. *In: Proc. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production.* August 19-23. Montpellier, France.
- Gilks, W. R., S. Richardson, and D. J. Spiegelhalter. 1992. Markov chain Monte Carlo in practice. Chapman & Hall. London, UK.
- Guerrero H., J., P. Cervantes-Acosta, N. Cisneros-Rubio, C.M. Becerril-Pérez, P. Pérez-Hernández, y A. Rosendo-Ponce. 2004. Composición láctea y rendimiento quesero de vacas de la raza criollo lechero tropical. Colegio de Postgraduados Campus Veracruz. Avances de Investigación 2004.
- Haresing, W., and D. J. A. Cole. 1981. Recent developments in ruminant nutrition. Butterworths, Great Britain. 363 p.
- Heidleberger, P., and P. Welch. 1983. Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Operation research.* 31:1109-1144.

- Henderson Jr., C. R. 1982. Analysis of covariance in the mixed model: higher level, nonhomogeneous, and random regressions. *Biometrics* 38:623–640.
- Hernández B., G. 1976. Ganado Romosinuano. *In: Razas criollas Colombianas. Manual de Asistencia Técnica.* Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (CORPOICA). Centro de Investigación Turipaná. Córdoba, Colombia. 21: 1-16.
- Hernández B., G. 1981. Las razas criollas colombianas para la producción de carne. *In: Recursos genéticos animales en América Latina.* B. Müller-Haye y Gelman J. (Eds.). FAO. 22:55-80.
- Hodges, J. 2001. Conservation of farm animal biodiversity: history and prospects. International Symposium on "Conservation, management and use of rare livestock genetic resources", Budapest, August 23.
- Ilatsia, E. D., T. K. Muasya, W. B. Muhuyi, and A. K. Kahi. 2007. Genetic and phenotypic parameters for test day milk yield of Sahiwal cattle in the semi-arid tropics. *Animal* 1:185:192.
- Infante G., S., y G. Zárate D. 1997. *Métodos estadísticos. Un enfoque interdisciplinario.* Editorial Trillas. México. 643 p.
- Interbull. 2000. National genetic evaluation programmes for dairy production traits practiced in Interbull member countries 1999-2000. Uppsala, Sweden, Bulletin 24.
- Jaffrézic, J., and P. Minini. 2003. Modelling and analysis of incomplete and short lactations. *Anim. Sci.* 76:19–25.
- Jakobsen, J. H., P. Madsen, J. Jensen, J. Pedersen, L.G. Christensen, and D. A. Sorensen. 2002. Genetic parameters for milk production and persistency for Danish Holsteins estimated in random regression models using REML. *J. Dairy Sci.* 85:1607–1616.
- Jamrozik, J., and L. R. Schaeffer. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regressions for yield traits of first-lactation Holsteins. *J. Dairy Sci.* 80:762–770.
- Jamrozik J., L. R. Schaeffer and J. C. M. Dekkers. 1997. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. *J. Dairy Sci.* 80:1217–1226.
- Jensen, J. 2001. Genetic evaluation of dairy cattle using test day models. *J. Dairy Sci.* 84:2803– 2812.

- Kirkpatrick, M., D. Lofsvold, and M. Bulmer. 1990. Analysis of the inheritance, selection and evolution of growth trajectories. *Genetics*. 124:979–993.
- Laird, N. M., and J. H. Ware. 1982. Random effects models for longitudinal data. *Biometrics*. 38:963– 974.
- Lewis, R. M., and S. Brotherstone. 2002. A genetic evaluation of growth in sheep using random regression techniques. *Animal Science*. 74:63-70.
- Littell, R. C., J. Pendergast, and R. Natarajan. 2000. Modelling covariance structure in the analysis of repeated measures data. *Stat. Med.* 19:1973-1819.
- López-Romero, P., and M. J. Carabaño. 2003. Comparing alternative random regression models to analyse first lactation daily milk yield data in Holstein–Friesian cattle. *Livest. Prod. Sci.* 82:81–96.
- Lush, J. L. 1945. *Animal breeding plans*. Third edition. Iowa State University Press, Ames, Iowa. 443 p.
- Macciotta, N. P. P., D. Vicario, and A. Cappio-Borlino. 2005. Detection of different shapes of lactation curve for milk yield in dairy cattle by empirical mathematical models. *J. Dairy Sci.* 88:1178–1191.
- MacKay, D. J. C. 2003. *Information Theory, Inference, and Learning Algorithms*. Cambridge University Press. 628 p.
- Mackinnon, M. J., W. Thorpe, and R. L. Baker. 1996. Sources of genetic variation for milk production in a crossbred herd in the tropics. *Anim. Sci.* 62:5–16.
- Madalena, F. E., M. L. Martínez, A. F. Freitas. 1979. Lactation curves of Holstein-Friesian and Holstein-Friesian x Gir cows. *Anim. Prod.* 29:101-107.
- Magofke S., J., y V. Bodisco. 1966. Estimación del mejoramiento genético del ganado Criollo Lechero en Maracay, Venezuela, entre los años 1955-1964. *In: Mem. ALPA* 1:105-127.
- Magofke S., J., J. de Alba M., y H. Muñoz. 1966. Informe del progreso sobre el mejoramiento genético del ganado Criollo Lechero en Turrialba. *In: Mem. ALPA* 1:77-103.
- Malakoff, D. 1999. Bayes offers a “new” way to make sense of numbers. *Science*. 286:1460-1464.
- Martínez C., G. 1998. El ganado criollo Romosinuano (Romo). *In: Boletín de información sobre recursos genéticos animales*. FAO. 24:1-11.

- Meyer, K. 1998. Estimating covariance functions for longitudinal data using random regression models. *Genet. Sel. Evol.* 30:221–240.
- Meyer, K. 2004. Scope for a random regression model in genetic evaluation of beef cattle for growth. *Livest. Prod. Sci.* 86:69–83.
- Meyer, K., and W. G. Hill. 1997. Estimation of genetic and phenotypic covariance functions for longitudinal or ‘repeated’ records by restricted maximum likelihood. *Livestock Production Science* 47, 185–200.
- Meyer, K., and M. Kirkpatrick. 2005. Up hill, down dale: quantitative genetics of curvaceous traits. *Phil. Trans. R. Soc. B* 360:1443–1455.
- Misztal, I., T. Strabel, J. Jamrozik, E. A. Mäntysaari, and T. H. E. Meuwissen. 2000. Strategies for estimating the parameters needed for different test-day models. *J. Dairy Sci.* 83:1125–1134.
- Misztal, I., S. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet, and D. H. Lee. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). *In: Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Montpellier, France. CD-ROM Commun. N° 28–07.*
- Morales, F., R. W. Blake, T. L. Stanton, and M. V. Hahn. 1989. Effects of age, parity, season of calving, and sire on milk yield of Carora cows in Venezuela. *J. Dairy Sci.* 72:2161–2169.
- Mrode, R. A. 2005. Linear models for the prediction of animal breeding values. 2nd Edition. CABI Publishing. 344 p. ISBN: 0-85199-000-2.
- Muñoz H., y G. M. Truman. 1969. Características en canal de las razas Santa Gertrudis, Brahman y Criolla y sus cruces recíprocos. *In: Mem. ALPA.* 4:29-46.
- Neyman, J. 1962. Two breakthroughs in the theory of statistical decision making. *Rev. Inst. Statist.* 30:11-27.
- Nobre, P., R. C., I. Misztal, S. Tsuruta, J. K. Bertrand, L. O. C. Silva and P. S. Lopes. 2003. Analyses of growth curves of Nellore cattle by multiple-trait and random regression models. *J. Anim. Sci.* 81:918-926.
- Ortiz L., I. C. 1998. Conservación de los recursos genéticos criollos y su utilidad económica. *In: Mem. IV Congreso Iberoamericano de Razas Autóctonas y Criollas. Del 23 al 27 de Noviembre, Tampico, Tamaulipas, México. Pág. 53-55.*
- Osorio-Arce, M. M., and J. C. Segura-Correa. 2005. Factors affecting the lactation curve of *Bos taurus* x *Bos indicus* cows in a dual purpose system in the humid tropics of Tabasco, Mexico. *Téc. Pecu. Méx.* 43:127–137.

- Ossa S., G. A. 2007. El ganado criollo Romosinuano. Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (CORPOICA). Centro de Investigación Turipaná. Córdoba, Colombia. Consultado el 25 de septiembre de 2007 en: http://www.turipana.org.co/ganado_romosinuano.html
- Papajcsik, I. A., and J Boderó. 1988. Modelling lactation curves of Friesian cows in a subtropical climate. *Anim. Prod.* 47:201-207.
- Perozo N., S. Labbé, O. Abreu y E. Díaz. 1975. Producción de leche del ganado criollo Venezolano. *Agronomía Tropical.* 28:205-220.
- Piles R., M. 2000. Análisis bayesiano de los efectos de la selección por velocidad de crecimiento sobre las curvas de crecimiento y la calidad de la canal y la carne de conejo. Tesis doctoral. Universidad Politécnica de Valencia. Depto. de Ciencia Animal. 168 p.
- Pinzón M., E. 1981. Vacuno Romosinuano. Suplemento ganadero. Banco Ganadero. Bogotá, Colombia. Volumen 2. 60 p.
- Pool, M. H., L. L. G. Janssen, and T. H. E. Meuwissen. 2000. Genetic parameters of Legendre polynomials for first parity lactation curve. *J. Dairy Sci.* 83:2640–2649.
- Pool, M. H., and T. H. E. Meuwissen. 1999. Prediction of daily milk yields from a limited number of test days using test day models. *J. Dairy Sci.* 82:1555–1564.
- Primo A., T. 1992. El ganado bovino ibérico en las Américas: 500 años después. *Arch. Zootec.* 41(extra): 421-432.
- Rekaya, R., M. J. Carabaño, and M. A. Toro. 1999. Use of test day yields for the genetic evaluation of production traits in Holstein-Friesian cattle. *Livest. Prod. Sci.* 57:203–217.
- Robbins, K. R., I. Misztal, and J. K. Bertrand. 2005. A practical longitudinal model for evaluating growth in Gelbvieh cattle. *J. Anim. Sci.* 83:29–33.
- Rook, A. J., J. France, and M. S. Dhanoa. 1993. On the mathematical description of lactation curves. *J. Agric. Sci.* 121:97–102.
- Rosendo-Ponce, A. 1998. Evaluación genética de una población de ganado Criollo Lechero en el trópico mexicano. Tesis de Maestría. Colegio de Postgraduados. México. 81 p.
- Rosendo-Ponce, A., and C. M. Becerril-Pérez. 2002. Productive performance and genetic parameters in the Tropical Milking Criollo cattle in Mexico. *In: Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.* Montpellier, France. CD-ROM Commun. N° 25–25.

- Rouse, J. E. 1977. The Criollo. Spanish cattle in the Americas. Univ. Oklahoma Press. 303 p.
- Rouse, J. E. 1981. Renacimiento del Criollo en República Dominicana. Instituto superior de Agricultura. Santiago, República Dominicana. 28 p.
- Rueda B., A. 2003. Estimación de parámetros y evaluación genética del ganado Criollo Lechero Tropical. Tesis de Maestría. Colegio de Postgraduados, México. 57 p.
- SAGARPA (Secretaria de Agricultura, Ganadería y Pesca y Alimentación). 2002. Informe sobre la Situación de los Recursos Genéticos Pecuarios de México. *In*: Revista Claridades Agropecuarias. Noviembre de 2002. ASERCA.
- Salas R., G. 1998. Reinicio de la actividad ovárica posparto en vacas Holstein bajo sistemas de producción en pequeña escala. Tesis de Maestría. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. Morelia, Michoacán, México.
- SAS (Statistical Analysis System). 2001. SAS/STAT User's Guide. (Release 8.20). Cary, NC, USA. SAS Inst. Inc.
- Schaeffer, L. R. 2004. Application of random regression models in animal breeding. *Livest. Prod. Sci.* 86:35–45.
- Schaeffer, L. R., and J. C. M. Dekkers. 1994. Random regressions in animal models for test-day production in dairy cattle. *In*: Proc. 5th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Guelph, Ontario, Canada. Pag. 443-446
- Schaeffer, L. R., J. Jamrozik, G. J. Kistemaker, B. J. Van Doormaal. 2000. Experience with a test-day model. *J. Dairy Sci.* 83, 1135–1144.
- Schneeberger, M. 1979. Inheritance of lactation curve in Swiss Brown cattle. *J. Dairy Sci.* 64:475-483.
- Servy E., M. C. García y V. Paccapelo. 2007. Regresión no paramétrica: una aplicación. Décimas Jornadas de Investigaciones en la Facultad de Ciencias Económicas y Estadística. Universidad Nacional de Rosario. Argentina. Noviembre de 2007.
- SIAP (Sistema de Información y Estadística Agroalimentaria y Pesquera), 2003. México. Consulta 5 de julio de 2004. www.siea.sagarpa.gob.mx/ar_combalcomer.html
- Sierra A., C. 1998. La conservación de los recursos genéticos animales en México. *Arch. Zootec.* 47:149-152.

- Smith, B. J. 2005. Bayesian output analysis program (BOA). Version 1.1. User's manual.
- Sorensen, D., and Gianola, D. 2002. Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics. *Statistics for Biology and Health*. Ed. Springer. ISBN 0387-95440-6. 740 p.
- Stanton, T.L., L. R. Jones, R. W. Everett, and S. D. Kachman. 1992. Estimating milk, fat, and protein lactation curves with a test day model. *J. Dairy Sci.* 75:1691-1700.
- Strabel, T., J. Szyda, E. Ptak, and J. Jamrozik. 2005. Comparison of random regression test-day models for Polish Black and White cattle. *J. Dairy Sci.* 88:3688–3699.
- Swalve, H. H., 1995. Test day models in the analysis of dairy production data. A review. *Arch. Tierz.* 38, 591–612.
- Swalve, H. H., 1998. Use of test day records for genetic evaluation. *In: Proc. 6th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Armidale, NSW, Australia. Vol. XXIII.* pp. 295– 302.
- Swalve, H. H., 2000. Theoretical basis and computational methods for different test-day genetic evaluation methods. *J. Dairy Sci.* 83:1115–1124.
- Vaccaro, L., y D. López. 1995. Genetic Improvement of dual purpose cattle in Latin America. *In: Animal Genetic Resources (FAO/PNUMA).* 16:15-32.
- Val-Arreola, D., E. Kebreab, J. Dijkstra, and J. France. 2004. Study of the lactation curve in dairy cattle on farms in central Mexico. *J. Dairy Sci.* 87:3789–3799.
- Van Vleck, L. D., and C. R. Henderson. 1961. Estimates of genetic parameters of some functions of part lactation milk records. *J. Dairy Sci.* 44:1073–1084.
- Villa-Godoy, A. 1994. Problemas reproductivos en el ganado de doble propósito mantenido en el trópico húmedo de México: Soluciones generadas a través de la investigación. *In: Mem. XIV Congreso Panamericano de Ciencias Veterinarias. Acapulco, Guerrero, México.* 14:536-537.
- Walsh, B 2001. Quantitative genetics in the age of genomics. *Theoretical Population Biology.* 59:175-184.
- Wang, Z., L. A. Goonewardene. 2004. The use of Mixed models in the analysis of animal experiments with repeated measures data. *Can. J. Anim. Sci.* 84:1-11.

- Wiggans, G. R., and M. E. Goddard. 1997. A computationally feasible test day model for genetic evaluation of yield traits in the United States. *J. Dairy Sci.* 80:1795-1800.
- Wilcox, C. J., P. J. Hansen, y C. M. Becerril. 1992. Estrategias para el mejoramiento genético de la producción de leche en los trópicos. *Agrociencia.* 2:177-194.
- Wilmink, J. B. M. 1987. Adjustment of test day milk, fat and protein yield for age, season and stage of lactation. *Livest. Prod. Sci.* 16:335–348.
- Wood, P. D. P. 1967. Algebraic model of the lactation curve in cattle. *Nature.* 216:164-165.
- Wood, P. D. P. 1969. Factors affecting the shape of the lactation curve in cattle. *Anim. Prod.* 11:307-316.

ANEXOS

Cuadro A1. Valores genéticos para toros Criollo Lechero Tropical con 10 ó más hijas con registros de producción de leche (PL305).

	ID	Nombre	Año	ID Padre	ID Madre	Hijas	Hijos	VGE305
1	JR404	Dundo	1993	JRCS100	CJR263	10	0	344
2	C53	Cristalino	1984	72C	C385	10	0	248
3	C28	Coronel	1984	C07	D3	15	3	246
4	C12	Catrín	1981	C32	1-3	20	4	231
5	C50	Nicarao	1987	C45	I70	10	3	151
6	C54	Xicotencatl	1978	C14	8-4	19	1	149
7	C51	Trinquetero	1983	C07	E5	10	2	69
8	JR283	Muñeco	-	JRGambeto	CJR84	10	0	56
9	C03	Chilero	1977	C26	0-9	12	4	7
10	C39	Chococrispo	1982	C03	6-8	11	0	-7
11	JR424	Prisionero	1995	C28	CJR199	19	0	-50
12	C01	Metrala	1976	C13	8-1	15	5	-89
13	C02	Arrogante	1975	C25	1-3	11	2	-95
14	C20	Paleto	1966	C21	94	10	1	-127
15	C18	Jarano	1963	Ganancio	1085	23	1	-419

Cuadro A2. Valores genéticos para toros Criollo Lechero Tropical con menos de 10 hijas con registros de producción de leche (PL305).

ID	Nombre	Año	ID Padre	ID Madre	Hijas	Hijos	VG305	
1	C70	Sargento	1992	C50	J11	7	0	355
2	C92	Soldado	1997	C28	L53	2	0	310
3	C90	Tricolor	1997	C73	M7	2	0	275
4	C15	Pancho	1972	833	688	8	0	252
5	C68	Fifi	1993	C12	J46	1	0	244
6	C81	Mancaron	1996	C71	T131	2	0	240
7	C57	Kukutrin	1986	C12	C55	5	1	238
8	JR417	Madroño	1994	JRCS100	CJR36	9	0	223
9	C104	Bruno	1999	C28	S8	2	0	201
10	C77	Teniente	1995	C67	K11	2	0	187
11	C64	1er Respiro	1989	C51	G44	2	0	171
12	C65	Juguete	1992	C54	L53	9	1	169
13	C100	Benito	1999		P38	3	0	167
14	C29	Kuku	1971	749	560	7	1	165
15	C32	Unico	-	-	-	0	1	165
16	C60	2do Respiro	1991	C50	G44	3	2	161
17	C73	Gaucho	1991	C57	E8	1	1	152
18	C71	Xolotlan	1992	C43	L26	6	1	147
19	JRCS100	Chavalo	1986	JRTereso	-	7	2	146
20	C07	Nardo del G.	1979	C02	3-7	9	2	143
21	C88	Yemen	1997	C60	N36	1	0	141
22	JRTereso	Tereso	-	-	-	2	1	133
23	C31	Reloj	1974	C29	630	3	3	132
24	C59	Gancho	1986	C11	H19	3	0	122
25	C67	Bailador	1984	JR04	857	5	3	116
26	833	-	-	-	460	0	2	108
27	C48	Dandy	1985	C12	B20	0	0	105
28	C78	Escondido	1994	C58	S8	2	0	103
29	C58	Tesoro	1989	C47	-	2	1	94
30	JR432	Xinaloa	1995	C51	-	1	0	93
31	C80	Xenon	1996	C67	U50	1	0	89
32	C16	Che	1970	655	460	3	0	87
33	C13	Argelio	1971	833	688	4	1	86
34	72C	Sirio	-	C17	-	0	1	81
35	C47	Geranio del G.	1985	C03	3-7	0	1	77
36	C06	General	1979	C31	6-4	5	0	74
37	C24	Tiberio	1970	659	688	4	1	72
38	C11	Winche	1981	C03	B18	6	1	71
39	C75	Auxilio	1995	C62	N49	6	0	69
40	Tramposo	Tramposo	-	-	-	2	0	60
41	C72	Toronjil	1992	C55	I3	0	0	59
42	749	-	-	-	688	0	3	56
43	C66	Altanero	1993	C12	N22	3	0	56
44	M62	Farmaceutico	1982	JR439	CJR92	2	0	54
45	C63	Rey	1988	C42		4	0	49
46	C22	Figurín	1962	-	1-72	1	0	49
47	160	-	-	-	-	1	1	46
48	C43	Ometepe	1983	JR04	CJR13	2	1	44
49	655	-	-	-	-	0	1	43
50	C45	Eugenio	1984	JR78	CJR139	0	2	41
51	JRGambeto	Gambeto	-	-	-	2	2	36

Cuadro A2. Valores genéticos para toros Criollo Lechero Tropical con menos de 10 hijas con registros de producción de leche (PL305) (Continuación).

ID	Nombre	Año	ID Padre	ID Madre	Hijas	Hijos	VG305	
52	C61	Guayacan	1991	C52	K61	0	0	35
53	C79	Xitle	1996	C65	R202	1	0	31
54	C46	Riveño	1983	JR80	CJR63	1	1	30
55	1323	Rostro	-	C24	-	0	1	27
56	C40	Altivo	1982	C01	1-3	4	0	26
57	JR437	Pera_II	1995	C50	CJR348	5	0	26
58	C33	-	1973	C26	TUA18	7	0	25
59	JR405	El_Despedido	1993	JR87	CJR212	3	0	25
60	659	-	-	160	-	0	1	25
61	JR293	Ojos Negros	-	JRGambeto	CJR139	6	1	25
62	C62	Socorrido	1983	JR78	-	0	1	24
63	C55	Limon	1986	C38	-	7	1	22
64	JR416	El_Valdivia	1994	JR293	CJR160	3	0	11
65	C14	Pepe	1972	749	633	9	2	10
66	C76	Cosiuolca	1995	C67	T28	3	0	9
67	C38	Dinamita	1982	C03	81	8	1	7
68	C42	Reynero	1983	JR78	CJR290	0	1	1
69	C08	Milkshake	1979	C31	9-1	9	0	-1
70	C52	Zamorano	1987	C45	561	0	1	-1
71	C69	Unamuno	1993	C60	J37	3	0	-2
72	C09	Recuerdo	1980	C02	B4	2	0	-7
73	JR66H	Guillermo	-	1323	CJR269	3	0	-15
74	C49	Kukume	1982	C01	C55	2	0	-16
75	JR406	Mariachi	1993	JR135	CJR170	4	0	-18
76	JR420	Guillermo II	1995	JR135	CJR361	8	0	-19
77	JR78	-	-	-	-	9	4	-21
78	C44	Apartado	1983	C01	846	0	0	-21
80	Chiquin	Chiquin	-	-	630	0	1	-25
81	JR04	-	-	-	-	6	2	-27
82	JR3	Pitahayo	-	C14	-	0	1	-28
83	C41	Barcito	1983	C01	B20	2	0	-38
84	JR135	Tesoro_Jr	-	JR5	-	3	2	-39
85	C17	Niño	1972	CHIQUIN	460	4	1	-47
86	C36	Serrano	1982	C01	B42	3	0	-48
87	JR5	-	-	-	-	3	1	-55
88	C23	Memo	1980	-	252	3	0	-72
89	JR58	Fco	-	JR3	-	2	0	-80
90	C56	Melon	1988	C46	J80	5	0	-99
91	JR87	Aguila	-	JR78	CJR48	4	1	-100
92	C05	Licuado	1978	C31	9-1	2	0	-101
93	JRVagabundo	Vagabundo	-	-	-	8	0	-109
94	JRProbador	Probador	-	JR399	CJR90	1	1	-109
95	Limeño	Limeño	-	-	-	1	1	-116
96	C27	Indalecio	1973	C20	86	1	0	-122
97	JR439	Primoroso	-	JR80	-	9	1	-131
98	C26	Nikita	1970	749	633	5	2	-141
99	JR399	Naranja	-	-	-	7	1	-143
100	Ganancio	Ganancio	-	LIMENO	-	0	1	-214
101	JRCamaron	Camaron	-	JRProbador	CJRRegreso	6	0	-217
102	C21	Rebelde	1960	-	-	3	1	-240
103	C25	Elegante	1973	C19	5-1	2	1	-245
104	C19	Nubarron	1968	C18	86	7	1	-449

Cuadro A3. Valores genéticos para vacas Criollo Lechero Tropical (PL305).

ID	Año	Padre	Madre	Hijas	Hijos	Reg.	Lact.	VG305	
1	Z44	1998	C75	W24	1	0	32	3	589
2	Y31	1997	C70	S4	0	0	48	4	532
3	CPE52	2002	C29	Z44	0	0	9	1	491
4	CPB38	1999	C70	S20	0	0	11	1	491
5	CPD29	2001	C81	U48	0	0	10	1	458
6	CPB23	1999	C70	S4	0	0	49	4	444
7	CJRA25	2000	JR417	CJR647	0	0	14	1	440
8	N77	1987	C40	J7	0	0	11	1	429
9	CPE39	2002	C28	CPC7	0	0	14	1	419
10	CPC24	2000	C77	S168	0	0	39	3	406
11	CPE16	2002	C70	P66	0	0	4	1	381
12	CPC7	2000	C88	W38	1	0	23	2	381
13	W24	1995	C67	L26	1	0	0	0	380
14	S4	1991	C54	M2	4	0	39	4	380
15	J7	1983	C07	C32	1	0	31	2	379
16	W38	1995	C57		2	0	26	2	373
17	CPC25	2000	C92	Y16	1	0	20	2	371
18	CPC11	2000	C07		0	0	7	1	369
19	CJRZ59	1999	JR404	CJR313	0	0	29	3	363
20	CPE18	2002	C65	L26	0	0	5	1	362
21	CPD19	2001	C90	Y14	0	0	16	2	358
22	U71	1993	C64	H19	0	0	14	2	345
23	CPF14	2003	C104	CPB20	0	0	7	1	345
24	U32	1993	C28		0	0	19	2	330
25	V13	1994	C55	S4	0	0	60	5	318
26	CJRZ50	1999	JR404	CJR433	0	0	29	3	303
27	Z52	1998	C53	R27	0	0	12	1	299
28	S51	1991	C54	L56	0	0	24	3	292
29	CPE35	2002	C78	S4	0	0	7	1	291
30	CPB28	1999	C70	R36	1	0	0	0	288
31	CJR364	1990	C53	CJR87	3	0	29	3	281
32	L26	1985	C12	H19	6	1	88	10	280
33	U48	1993	C57	K17	1	0	40	3	278
34	CJR429	1992		CJR36	1	0	26	2	278
35	CPE57	2002	C100	CPC15	0	0	15	1	277
36	CJRY38	1998	JR424	CJR364	0	0	40	3	275
37	CJRZ3	1999	JR405	CJR648	0	0	50	4	273
38	CPB20	1999	C71	M16	1	0	41	4	272
39	CPF13	2003	C104	CPC25	0	0	7	1	272
40	CJR647	1995	C28	CJR115	2	0	51	5	270
41	C32	1976	C15	0-5	4	0	91	7	269
42	CPF32	2003	C28	W60	0	0	5	1	268
43	Q13	1989	C28	H19	1	0	0	0	265
44	S20	1991	C54	N38	1	0	28	4	263
45	U68	1993	C09	L26	3	0	86	7	262
46	CJR677	1996		CJR478	1	0	81	7	261
47	CJRA2	2000	JR417	CJR364	0	0	14	1	261
48	J46	1983	C03	3-7	0	1	35	4	261
49	P38	1988	C12	L30	1	1	45	5	261
50	P75	1988	C12		0	0	10	2	259
51	L56	1985	C12	D7	3	0	49	5	258
52	S9	1990	C53		1	0	26	3	256

Cuadro A3. Valores genéticos para vacas Criollo Lechero Tropical (PL305) (Continuación).

	ID	Año	Padre	Madre	Hijas	Hijos	Reg.	Lact.	VG305
53	P66	1988	C12		4	0	30	4	252
54	N65	1987	C12	C32	0	0	0	0	250
55	W60	1995	C68	P38	2	0	50	5	249
56	CPC15	2000	C92	X9	1	0	49	4	247
57	L53	1985	C12	H7	1	2	43	4	243
58	CJRA5	2000	JR417	CJR652	0	0	28	2	239
59	CJRZ57	1999	JR404	CJR616	0	0	11	1	237
60	CJRZ32	1999	JR417	CJR643	0	0	40	3	236
61	CPE48	2002	C60	CPB28	0	0	13	1	235
62	X40	1996	C63	P66	0	0	54	5	235
63	H19	1981	C01	3-1	5	1	91	7	235
64	CJR669	1995	C51	CJR349	0	0	79	7	235
65	S168	1991	C58	Q13	2	0	74	7	227
66	CJR604	1994	JRCS100	CJR321	0	0	45	4	227
67	S10	1991	C54	L26	0	0	21	3	226
68	CJR643	1995	C54	CJR84	2	0	65	5	225
69	X32	1996	C65	U68	0	0	40	3	224
70	M7	1986	C38	G44	0	1	48	6	223
71	CPE69	2002	C100	W60	0	0	7	1	221
72	T131	1992	C63	P66	0	1	22	2	220
73	P21	1988	C28	J44	2	0	56	6	219
74	R36	1990	C54	H19	1	0	49	5	211
75	T46	1992	C28	M9	0	0	19	2	210
76	Y16	1997	C71		1	0	48	4	210
77	CJR699	1996		CJR599	1	0	53	4	208
78	CPE67	2002	C90	Z40	0	0	5	1	206
79	Y14	1997	C65	K11	1	0	37	4	205
80	CJRA20	2000	M62	CJR674	0	0	31	3	201
81	J11		C06		1	1	0	0	200
82	Y41	1997	C53	R203	1	0	20	2	197
83	CJR653	1995	C28		1	0	71	6	195
84	Q17	1989	C39	C32	0	0	44	6	192
85	CJRA27	2000	C67	CJR650	0	0	24	2	191
86	U4	1993	C06	L56	0	0	7	1	190
87	CJRZ54	1999	JR404	CJR653	0	0	19	2	188
88	L33	1985	C12	C32	0	0	9	1	187
89	CJR676	1996		CJR479	0	0	68	6	183
90	CPB11	1999	C70	U55	0	0	15	1	182
91	CPC3	2000	C28	U68	1	0	34	3	181
92	S2	1990	C53	I70	0	0	0	0	180
93	CJRZ13	1999	JR424	CJR476	0	0	45	4	176
94	CJRA60	2000	JR437	CJR643	0	0	29	2	176
95	W72	1994	C58	S9	0	0	0	0	175
96	U27	1993	C12	N11	0	0	9	1	175
97	U55	1993	C54	M40	1	0	30	3	175
98	CJRZ58	1999	JR404	CJR215	0	0	35	3	173
99	CJR620	1994	C50	CJR122	0	0	23	2	171
100	CJRZ2				0	0	26	2	169
101	CJR263		M62		0	1	0	0	168
102	M9	1986	C12	G21	1	0	33	3	167
103	M2	1986	C08	G25	2	0	0	0	166
104	CPD4	2001	C81	U68	0	0	15	2	166

Cuadro A3. Valores genéticos para vacas Criollo Lechero Tropical (PL305) (Continuación).

ID	Año	Padre	Madre	Hijas	Hijos	Reg.	Lact.	VG305	
105	CJRZ65	1999	JR404	CJR617	0	0	36	3	165
106	N81	1987	C12	H19	0	0	18	2	160
107	CPC2	2000	C65	W55	0	0	47	4	158
108	CJR714	1998	JR416	CJR621	0	0	39	4	157
109	CJR36				3	1	0	0	157
110	U610	1992	C53	I70	0	0	9	1	157
111	T38	1992	C50	K43	0	0	21	3	154
112	G44	1980	C02	D3	2	2	59	5	154
113	92				4	0	0	0	154
114	CJR644	1995	JR283	CJR445	1	0	75	6	151
115	CJRZ48	1999	JR404	CJR445	0	0	27	2	147
116	CJR640	1995	C54	CJR68	0	0	43	5	146
117	CJRA11	2000	C67	CJR599	0	0	37	3	144
118	R61	1990	C38	J11	1	0	6	1	143
119	CPB32	1999	C65	U7	0	0	54	4	143
120	X9	1996	C69	U63	1	0	28	2	142
121	P88	1988	C12	K17	0	0	17	2	141
122	CJR663	1996	JR283	CJR240	0	0	43	4	141
123	CPB41	1999	C65	P66	0	0	53	4	139
124	CJRZ47	1999	JR404	CJR655	0	0	14	1	139
125	C385				0	1	0	0	139
126	Y17	1997	C70	K19	1	0	34	3	138
127	M26	1986		F10	0	0	33	4	137
128	CPF8	2003	C60	Y17	0	0	7	1	136
129	CJR674	1996	JR406	CJR488	1	0	39	4	136
130	CJRA19	2000	JR417	CJR486	0	0	34	3	135
131	CJR87		JR80	CJR699	3	0	0	0	135
132	CJRA29	2000	JR437	CJR677	0	0	32	3	135
133	U72	1993	C57	K11	0	0	10	1	131
134	Z41	1998	C66	U15	0	0	6	1	131
135	U63	1993	C53	R2	2	0	8	1	130
136	Y15	1997	C73	U15	3	0	14	1	130
137	T9	1992	C50	F18	0	0	21	3	130
138	S12	1991	C55	K11	1	0	8	1	128
139	V7	1994	C64	S12	0	0	14	2	127
140	CJR349		JRGambeto	CJR84	1	0	0	0	127
141	CJR396	1991	JRTereso	CJR36	1	0	0	0	126
142	S3	1990	C53		0	0	0	0	124
143	CJR398	1991	JRTereso	CJR77	1	0	19	2	122
144	CJRZ15	1999	JR417	CJR437	0	0	44	4	121
145	K11	1984	C33	6-4	3	1	64	8	121
146	CPD17	2001	C78	Y15	0	0	12	1	118
147	R52	1990		J44	0	0	10	2	117
148	688		TRAMPOSO		0	4	0	0	116
149	CJR678	1996	JR406	CJR441	0	0	71	6	115
150	W55	1994	C12		1	0	39	3	115
151	CJRZ24	1999	JR417	CJR668	0	0	35	3	113
152	L75	1985	C08	H2	0	0	26	3	113
153	C30	1976	C15	A1	0	0	35	2	112
154	G25				1	0	0	0	111
155	U69	1993	C28		0	0	8	1	111
156	I70	1982	C07		2	1	0	0	111

Cuadro A3. Valores genéticos para vacas Criollo Lechero Tropical (PL305) (Continuación).

	ID	Año	Padre	Madre	Hijas	Hijos	Reg.	Lact.	VG305
157	N21	1987	C40		2	0	38	5	110
158	CJRZ69	1999	JR404	CJR231	0	0	22	2	109
159	3-7	1973	C18	92	4	2	107	7	109
160	I29	1982	C33	3-7	0	0	14	1	108
161	P32	1988	C28	J54	0	0	11	2	107
162	V2	1994	C69	R61	0	0	10	1	106
163	CJR650	1995	C54	CJR193	1	0	51	4	105
164	N11	1987	C43	E11	1	0	25	3	104
165	U50	1993	C57	M24	0	1	9	1	104
166	CPD7	2001	C80	Y41	0	0	16	1	102
167	CJR479	1993	JR293	CJR47	1	0	35	4	102
168	N38		C39		1	0	0	0	100
169	I3	1982	C07	B20	1	1	81	7	97
170	CJRA55	2000	JR420	CJR621	0	0	26	2	96
171	Q40	1989	C43	I3	0	0	54	6	95
172	CJRA1	2000	JR432	CJR478	0	0	13	1	95
173	P99	1988	C46	B20	1	0	50	6	92
174	560		160		1	1	0	0	91
175	CJRZ35	1999	JR420	CJR368	0	0	43	4	91
176	CPE22	2002	C79	W38	0	0	8	1	90
177	CPF10	2003	C60	Y15	0	0	7	1	90
178	CJR375	1990	C53	CJR127	1	0	0	0	89
179	C36	1976	C15	3-7	1	0	0	0	89
180	U67	1993	C51	K39	1	0	67	6	89
181	G21	1980	C33	6-4	1	0	33	2	89
182	CJR668	1996	JR283	CJR364	1	0	62	6	88
183	Q63	1989	C51		0	0	7	2	86
184	J28	1983	C01	D7	1	0	51	5	86
185	M16	1986	C39	E8	2	0	79	8	85
186	R27	1990	C39	N21	1	0	27	4	84
187	CJR488	1993	JR293	CJRCherenga	2	0	70	7	81
188	CJR621	1994	C50	CJR91	2	0	75	7	81
189	CJR84				4	1	0	0	80
190	CJR600		JRCS100	CJR68	1	0	0	0	80
191	D3	1977	C13	6-4	1	1	10	1	80
192	U49	1993	C56	L56	0	0	19	2	79
193	I47	1982	C03	8-7	0	0	20	2	77
194	CPD18	2001	C75	S155	0	0	22	2	77
195	Y37	1997	C53	M16	0	0	37	3	77
196	CJRZ37	1999	JR420	CJR644	0	0	36	3	76
197	R51	1990	C54	K65	0	0	13	2	74
198	CJR368	1990	JR66H	CJR97	4	0	36	4	73
199	857				1	1	0	0	73
200	CJR115		JR78		1	0	0	0	72
201	K61		C07		0	1	0	0	72
202	CPE58	2002	C76	CPC5	0	0	11	1	71
203	CJR698	1996		CJR429	1	0	56	5	69
204	L20	1985	C11	F30	0	0	41	4	68
205	V19	1994	C65	P78	0	0	15	2	68
206	U28	1993	C50	K19	0	0	22	3	67
207	CPD42	2001	C55	P21	0	0	7	1	64
208	H2	1981	C03		1	0	0	0	64

Cuadro A3. Valores genéticos para vacas Criollo Lechero Tropical (PL305) (Continuación).

ID	Año	Padre	Madre	Hijas	Hijos	Reg.	Lact.	VG305		
209		TUA18				0	1	0	0	64
210		CJR654				0	0	41	4	64
211		U11	1993	C55	P68	0	0	17	2	62
212		3-1	1973			3	0	161	13	62
213		I34	1982	C01	3-1	1	0	26	2	62
214		S8	1990	C50	M11	0	2	0	0	61
215		CJRY41	1998	JR424	CJR363	0	0	43	4	61
216		F10				2	0	0	0	61
217		CJR659	1995	C51	CJR396	0	0	13	1	59
218		CPC5	2000	C12	X10	1	0	14	1	57
219		I43	1982	C01		0	0	4	1	54
220		K19	1984	C08	G44	2	0	60	7	54
221		K43	1984	C08		1	0	43	4	53
222		X16	1996	C71	N22	0	0	43	3	53
223		Y7	1997	C71		0	0	38	3	53
224		U36	1993	C50		0	0	21	2	52
225		R30	1990	C54	M40	0	0	4	1	51
226		K9	1984	C03	F47	0	0	22	2	50
227		F18				2	0	0	0	50
228		CPF1	2003	C65	CPB15	0	0	5	1	48
229		P15	1988	C39		1	0	24	3	47
230		CPC8	2000	C66	P21	0	0	14	1	46
231		CJR658	1995	C51	CJR189	0	0	75	6	46
232		CJR656	1995	C28	CJR318	1	0	12	1	46
233		846			560	0	1	0	0	46
234		CJR652	1995	C54	CJR215	1	0	69	7	46
235		P48	1988	C39	L79	0	0	19	3	45
236		CJR321		JRVagabundo		1	0	0	0	44
237		460				0	3	0	0	44
238		E5	1978	C13	2-12	1	1	93	6	44
239		CJR660	1995	JR283	CJR212	0	0	53	6	43
240		R55	1990	C39	F18	0	0	6	1	42
241		M40	1986	C49	0-5	2	0	22	2	42
242		S155	1991	C63		1	0	0	0	41
243		R203	1990	C59		1	0	17	2	41
244		CJR617	1994	C54	CJR170	1	0	70	6	40
245		B18	1975	C24	5-2	0	1	59	4	40
246		CJR92		JR78	CJR17	1	1	0	0	39
247		U61	1993	C55	J28	0	0	7	1	39
248		D5	1977	C15	9-1	1	0	53	4	38
249		P35	1988	C38	K65	0	0	12	2	37
250		CPE20	2002	C76	Y15	0	0	12	1	37
251		Q36	1989	C06	L66	0	0	0	0	37
252		CJR189		JR5	CJR87	1	0	0	0	37
253		N70	1987	C12		0	0	7	1	37
254		S17	1991	C54	P15	0	0	26	3	36
255		L27	1985	C11	E46	0	0	7	1	36
256		CPD3	2001	C65	L26	0	0	8	1	34
257		CJRA17	2000	C67	CJR368	0	0	22	2	34
258		R213	1990	C56	M2	0	0	0	0	34
259		630		TRAMPOSO		0	2	0	0	34
260		N26	1987	C41	D43	0	0	21	3	34

Cuadro A3. Valores genéticos para vacas Criollo Lechero Tropical (PL305) (Continuación).

ID	Año	Padre	Madre	Hijas	Hijos	Reg.	Lact.	VG305	
261	0-5	1970	C18	92	4	0	117	8	33
262	U15	1993	C54		2	0	13	2	33
263	CJR97		JR78	CJR15	1	0	0	0	33
264	L79				1	0	0	0	32
265	CJRA13	2000	JR437	CJR698	0	0	26	2	32
266	D1	1977	C29	A15	0	0	52	3	31
267	CPE70	2002	C100		0	0	8	1	31
268	L78	1985	C08	I34	0	0	0	0	30
269	CJRCherenga		JR78		1	0	0	0	30
270	CJR68			CJR63	3	0	0	0	30
271	CPB25	1999	C28	U25	0	0	17	1	30
272	CJR139				1	2	0	0	28
273	W6	1995	C12	L22	0	0	10	2	28
274	U30	1993	C56	L53	0	0	17	2	28
275	E39	1978	C31	1-3	0	0	32	2	27
276	P57	1988	C40	L26	0	0	13	1	27
277	K59	1984	C06	G19	1	0	30	3	24
278	1-72				0	1	0	0	24
279	P19	1988	C38	F10	0	0	22	3	24
280	N49	1987	C40	H7	0	1	38	4	23
281	CJR47				2	0	0	0	23
282	R206	1990	C51	J54	0	0	0	0	23
283	CJR15				2	0	0	0	22
284	Z40	1998	C75	N21	1	0	9	1	22
285	CJRZ17	1999	JR424	CJR656	0	0	45	4	21
286	CJR63				2	1	0	0	21
287	C55	1976	C29	2-10	1	2	89	6	20
288	U7	1993	C12		1	0	37	4	20
289	CPE33	2002	C55	CPC3	0	0	14	1	19
290	CJR13				1	1	0	0	19
291	CJR441	1992	JR87	CJR87	1	0	35	4	18
292	CJR599	1994	JR293	CJR200	2	0	66	6	18
293	CJRB48	2001	JR58	CJR488	0	0	24	2	17
294	M24	1986	C38		1	0	87	9	17
295	C15	1976	C15	6-8	0	0	17	2	17
296	CJR459		JRCS100	CJR236	1	0	0	0	17
297	CJRZ42	1999	JR420	CJR661	0	0	35	3	17
298	U75	1993	C09		0	0	22	2	17
299	W35	1995	C67	P99	0	0	26	2	16
300	CJR240	1987	JR399	CJR48	2	0	26	3	16
301	P68	1988	C28	G33	1	0	15	2	16
302	CJR470	1993	JRCS100	CJR126	3	0	22	2	13
303	CJR642	1995	C54	CJR96	0	0	45	4	13
304	K17	1984	C11	F8	2	0	57	5	13
305	CJRY32	1998	JR424	CJR375	0	0	45	4	11
306	T28	1992	C50	K64	0	1	6	1	9
307	2-12	1972	C20		1	0	45	3	8
308	N74	1987	C12	K50	0	0	4	1	7
309	H7	1981	C03	B9	2	0	50	4	6
310	CJR666	1996	C50	CJR398	1	0	51	4	6
311	CJR672	1996	JR283	CJR127	0	0	11	1	6
312	C19	1976	C15	A5	0	0	8	1	6

Cuadro A3. Valores genéticos para vacas Criollo Lechero Tropical (PL305) (Continuación).

ID	Año	Padre	Madre	Hijas	Hijos	Reg.	Lact.	VG305	
313	CPF7	2003	C76	S168	0	0	7	1	6
314	P14	1988	C28	K59	0	0	15	2	6
315	L39	1985	C12	F6	0	0	60	7	5
316	R202	1990	C51	J54	0	1	13	2	4
317	CJR90		JR80	857	0	1	0	0	4
318	N67	1987	C38		0	0	0	0	3
319	CJR655	1995	C54		1	0	28	3	3
320	CJR17				2	0	0	0	3
321	CJR476	1993	JR87	CJR96	1	0	52	4	2
322	L66				1	0	0	0	0
323	J12				0	0	0	0	0
324	J79				0	0	0	0	0
325	J85	1983	C08		1	0	0	0	-1
326	M6	1986	C08		0	0	0	0	-1
327	CJRZ9	1999	JR424	CJR600	0	0	18	2	-1
328	CJR88		JR78		2	0	0	0	-1
329	CJR48				1	1	0	0	-1
330	CJRZ31	1999	JR420	CJR670	0	0	34	4	-1
331	D43	1977	C31	7-8	1	0	0	0	-2
332	N36	1987	C49		1	1	8	1	-2
333	CJR648	1995	JR283	CJR412	1	0	11	1	-3
334	E10	1978	C14	7-3	0	0	32	2	-3
335	E46	1978	C14	B20	1	0	0	0	-4
336	CJR301	1988	JRVagabundo	CJR36	1	0	55	5	-4
337	CJR348		JRGambeto	CJR88	0	1	0	0	-6
338	E11	1978	C16	B19	2	0	48	4	-6
339	CJR212	1986	JR399		1	1	13	1	-7
340	CPC6	2000	C66	U67	0	0	52	4	-9
341	CJRB33	2001	JR58	CJR647	0	0	25	3	-10
342	CJR96		JR78		2	0	0	0	-10
343	CJR290				2	1	0	0	-10
344	88				2	0	0	0	-12
345	CJR433	1992	JR283	CJR84	1	0	16	2	-13
346	Y35	1997	C71	R204	0	0	29	2	-14
347	B29	1975	C27		0	0	17	1	-14
348	P89	1988	C59	L3	0	0	10	1	-17
349	U25	1993	C57	H6	1	0	48	5	-18
350	Z15	1998	C77	M11	1	0	50	5	-19
351	94				1	1	0	0	-19
352	CJR287	1988	JRVagabundo	CJR88	0	0	17	2	-19
353	R9	1990	C39		0	0	19	3	-20
354	B20	1975	C24	6-5	3	2	121	8	-20
355	CJR679	1996	JR405	CJR470	0	0	36	4	-21
356	J18	1983	C07	C53	1	0	65	6	-22
357	J54				3	0	0	0	-23
358	B42	1975	C29	0-9	1	1	115	7	-25
359	C22	1976	C14	3-1	0	0	16	2	-25
360	CJR126		JR04	CJR63	1	0	0	0	-26
361	CJR708	1998	JRCameron	CJR368	0	0	17	2	-27
362	CJR471	1993	JRCS100	CJR172	0	0	31	4	-27
363	CPB15	1999	C69	U63	1	0	31	4	-27
364	R19	1990	C51	D7	0	0	10	2	-27

Cuadro A3. Valores genéticos para vacas Criollo Lechero Tropical (PL305) (Continuación).

ID	Año	Padre	Madre	Hijas	Hijos	Reg.	Lact.	VG305		
365		S130	1991 C55	N36	0	0	8	1	-29	
366		R31	1990 C59	L30	0	0	6	1	-30	
367		D7	1977 C29	A7	4	0	113	9	-30	
368		CJR363	1990 JR66H	CJR122	1	0	62	6	-31	
369		K65	1984 C11	G55	2	0	13	1	-31	
370		1-3	1971 C22	7-7	2	3	83	6	-32	
371		CJR269		C17	0	1	0	0	-33	
372		CJR614	1994 JR406	CJR275	2	0	25	3	-33	
373		N22	1987 C39	E8	1	1	48	5	-34	
374		CJR613	1994 C50	CJR279	1	0	73	7	-35	
375		Q33	1989	F30	0	0	15	2	-36	
376		CJR40			2	0	0	0	-36	
377		L21	1985	C27	0	0	11	1	-37	
378		CJR122	1987 JR04	CJR40	3	0	23	2	-37	
379		CJR412		CJR205	1	0	0	0	-37	
380		CJRZ6	1999 JR424	CJR483	0	0	45	4	-37	
381		M38	1986 C38	J18	0	0	6	1	-40	
382		J44	1983 C01	C55	2	0	22	3	-40	
383		CJRA61	2000 JR437	CJR670	0	0	7	1	-41	
384		CJRA18	2000 JR420	CJR240	0	0	25	2	-41	
385		CJR275		JRVagabundo	CJR139	1	0	0	-42	
386		CJRZ63	1999 JR404	CJR440	0	0	31	3	-42	
387		H17	1981 C03	ASN	0	0	42	3	-43	
388		CJR670	1996 JR405	CJR459	2	0	38	3	-44	
389		561		C01	0	1	0	0	-44	
390		CJR200		JR439	1	0	0	0	-44	
391		D37	1977 C15	5-2	0	0	17	1	-44	
392		CJR160		JR5	CJR290	1	1	0	0	-46
393		A19	1974 C20	7-7	0	0	13	1	-47	
394		CJR236		JR399	CJR84	1	0	0	0	-47
395		F37	1979 C02		0	0	0	0	-48	
396		R33	1990		0	0	8	1	-49	
397		CJR437	1992 JR135	CJR175	2	0	38	4	-49	
398		L14	1985 C06	G8	0	0	53	5	-49	
399		S7	1990 C56	J85	0	0	0	0	-50	
400		J10	1983 C03	3-15	0	0	26	2	-51	
401		R2	1990 C39	E5	1	0	11	1	-53	
402		Z8	1998 C75		0	0	32	3	-55	
403		S52	1991 C56		2	0	49	5	-55	
404		CJR205		JR399	CJR92	1	0	0	0	-55
405		CJR91		JR78	CJR17	3	0	0	0	-55
406		CJRY21	1998 JR424	CJR614	0	0	38	4	-55	
407		CJR661	1996 JR283	CJR170	1	0	23	2	-57	
408		B4	1975 C23	8-2	0	1	31	2	-58	
409		CJR711	1998 JR416	CJR638	0	0	54	5	-58	
410		L22			1	0	0	0	-59	
411		G55	1980 C33	3-7	1	0	44	5	-59	
412		CJR478	1993 JR293	CJR160	2	0	49	5	-59	
413		E8	1978 C16	7-6	3	1	125	10	-59	
414		CJR127	1984 JR439		2	0	0	0	-62	
415		CJRZ26	1999 JR424	CJR470	0	0	36	4	-62	
416		CJR318		JRVagabundo	CJR68	1	0	0	0	-63

Cuadro A3. Valores genéticos para vacas Criollo Lechero Tropical (PL305) (Continuación).

	ID	Año	Padre	Madre	Hijas	Hijos	Reg.	Lact.	VG305
417	L23	1985	C11	D24	0	0	4	1	-64
418	P78	1988		E8	1	0	15	2	-64
419	CJR215	1986	JR439	CJR15	3	0	14	2	-65
420	CJR101B		JR04		1	0	0	0	-65
421	C4	1976	C13		0	0	9	1	-67
422	CJRA23	2000	JR420	CJR122	0	0	23	2	-68
423	CJR709	1998	JRCamaron		0	0	20	2	-69
424	CPD6	2001	C75	S52	0	0	17	2	-71
425	I31	1982	C07	F6	0	0	23	3	-71
426	CJR101			CJR47	2	0	0	0	-71
427	S139	1991	C36	J24	0	0	6	1	-73
428	CJR120		JR78		1	0	0	0	-74
429	252		LIMENO		0	1	0	0	-75
430	CJRPunetera				2	0	0	0	-76
431	CJR174		JR5	CJR40	1	0	0	0	-76
432	N23	1987	C38	E26	0	0	36	4	-77
433	CJRA7	2000	JR417	CJR613	0	0	11	1	-78
434	CJR701	1997	JR416	CJR614	0	0	8	1	-79
435	N33	1987	C36	F370	0	0	7	1	-79
436	K57	1984	C11	B42	0	0	47	5	-79
437	R204	1990	C51	K18	1	0	0	0	-79
438	CJR601	1994	JRCS100	CJR199	0	0	25	3	-83
439	K39	1984	C01	D7	1	0	44	5	-83
440	CJR193		JR439	CJR290	2	0	0	0	-84
441	CJR172		JR439	CJR13	1	0	0	0	-85
442	CPC16	2000	C75	S52	0	0	23	3	-85
443	F47	1979	C02	3-24	1	0	0	0	-85
444	CJR98		JR04	CJRPunetera	1	0	0	0	-87
445	CJR483	1993	JR293	CJR174	1	0	42	5	-88
446	CJR77		JR04	CJR95	2	0	0	0	-88
447	CJRY25	1998	JR424	CJR301	0	0	39	4	-92
448	CJR137		JR04	CJRPunetera	1	0	0	0	-92
449	CJR95		JR399		1	0	0	0	-93
450	633				0	2	0	0	-94
451	L24	1985	C03	0-5	0	0	9	1	-95
452	L44	1985	C03	3-15	1	0	53	5	-97
453	CJRA9	2000	JR420	CJR450	0	0	37	4	-99
454	CJR673	1996	JR283	CJR137	0	0	72	6	-99
455	H6	1981	C03	D5	1	0	73	6	-99
456	7-3	1977	C18	84	1	0	27	2	-100
457	E24	1978	C14	3-17	0	0	76	6	-100
458	C27	1976	C14	3-24	3	0	112	9	-101
459	M11	1986	C08	J80	2	0	0	0	-102
460	N54	1987	C12	K18	0	0	7	1	-102
461	CJRZ7	1999	JR424	CJR421	0	0	44	4	-103
462	CJRZ19	1999	JR424	CJR666	0	0	7	1	-104
463	K64	1984	C05	E26	1	0	40	4	-104
464	3-23	1973	C20	99	0	0	11	1	-104
465	C34	1976	C29	8-4	0	0	15	1	-109
466	C16	1976	C29		0	0	12	1	-109
467	B38	1975	C25		0	0	12	1	-110
468	N1	1987	C41	B11	0	0	33	3	-110

Cuadro A3. Valores genéticos para vacas Criollo Lechero Tropical (PL305) (Continuación).

ID	Año	Padre	Madre	Hijas	Hijos	Reg.	Lact.	VG305
469			JRVagabundo	CJR91	1	0	0	-110
470	1976	C15	6-3		2	0	37	-111
471	1996	JR283	CJR361		0	0	40	-111
472	1993	JRProbador	CJR175		2	0	0	-112
473	1985	C02			1	0	12	-113
474	1980	C01	A15		1	0	14	-117
475	1998	JRCamaron	CJR215		0	0	36	-118
476	1998	JR424	CJR313		0	0	39	-120
477	1986	C36	I23		0	0	5	-122
478	1998	JR424			0	0	12	-122
479	1982	C05	E11		1	0	58	-123
480	1992	JRCS100	CJR299		1	0	17	-123
481	1983	C07	F27		1	0	46	-126
482	1996	C63			1	0	44	-126
483	1968	C18	88		3	1	18	-126
484	1980	C02	B19		0	0	31	-128
485	2000	JR417	CJR332		0	0	23	-129
486	1975	C24	8-4		2	0	58	-129
487	1990	JR66H	CJR120		2	1	36	-129
488	1985	C07	G26		2	0	10	-130
489	1995	C54	CJR313		1	0	39	-130
490	1985	JR439			2	0	10	-132
491					2	0	0	-133
492					3	0	0	-133
493	1998	JR424	CJR440		0	0	20	-134
494	1974	C20			2	0	0	-136
495	1976	C14	6-4		1	0	0	-136
496		JR399			1	0	0	-137
497	1983	C01	C27		0	0	16	-137
498	2000	JR437	CJR361		0	0	10	-140
499	1975	C23			1	0	124	-140
500	1992	JR135	CJR91		2	0	31	-143
501	1993	JR293	CJR246		0	0	18	-143
502	1979	C13	ASN		2	0	44	-144
503					3	0	0	-144
504		JR78			2	0	0	-144
505	1999	JR424	CJR486		0	0	35	-145
506	1994	JR406	CJRRegreso		1	0	15	-145
507	1976	C14			0	0	22	-145
508	1977	C16	6-3		0	0	27	-146
509					3	0	0	-146
510	1984	C01	C27		0	0	13	-147
511	1974	C20	8-3		1	0	15	-148
512					0	2	0	-149
513					1	1	0	-149
514	1993		CJR98		1	0	40	-150
515		JRVagabundo	CJR101		1	0	0	-150
516	1985	JR439	CJR101		2	1	5	-151
517	1976	C25	9-1		0	0	30	-152
518	1988	JRVagabundo	CJR101B		3	0	19	-155
519	1993	JR135	CJR193		3	0	16	-160
520	1984	C01	G42		1	0	11	-160

Cuadro A3. Valores genéticos para vacas Criollo Lechero Tropical (PL305) (Continuación).

ID	Año	Padre	Madre	Hijas	Hijos	Reg.	Lact.	VG305	
521	P9	1988	E44	0	0	9	1	-163	
522	G33	1980	C33	0-9	1	0	41	5	-163
523	3-24	1973	C20	8-1	2	0	37	3	-164
524	CJRY29	1998	JR424	CJR445	0	0	21	2	-164
525	F27	1979	C01	B9	1	0	0	0	-166
526	N34	1987	C39	K10	0	0	8	1	-170
527	89				5	0	0	0	-171
528	G42	1980	C33	8-1	1	0	41	3	-173
529	E44	1978	C31	0-9	1	0	77	6	-176
530	CJR231	1987	JR439	CJR99	2	0	6	1	-177
531	J80	1983	C08	A15	1	1	0	0	-178
532	6-4	1966	C18	92	4	1	110	10	-178
533	K18	1984	C01	E36	2	0	23	2	-180
534	D14	1977	C26	1-3	1	0	0	0	-185
535	CJRY23	1998	JR424	CJR231	0	0	21	2	-187
536	F370	1979	C02	C36	1	0	11	1	-187
537	J37			A7	0	1	0	0	-187
538	7-8	1967	C18		1	0	0	0	-190
539	F30	1979	C33	0-9	2	0	88	8	-191
540	B19	1975	C24		2	0	14	1	-191
541	CJR706	1998	JRCamaron	CJR438	0	0	11	1	-192
542	E26	1978	C17	3-15	2	0	83	5	-193
543	CJR129		JR439		1	0	0	0	-198
544	G27	1980	C02	D15	0	0	69	6	-199
545	D23	1977	C17	3-15	0	0	13	1	-201
546	G19	1980	C02	A18	1	0	37	3	-201
547	CPD2	2001	C71	Z15	0	0	30	3	-204
548	E36	1978	C14	A7	1	0	0	0	-207
549	1085				0	1	0	0	-208
550	7-7	1967	C18	89	2	0	0	0	-210
551	3-15	1973	C20	0-5	4	0	119	8	-210
552	CJR705	1997	JRCamaron	CJR470	0	0	8	1	-211
553	A26	1974	C23		0	0	38	3	-216
554	G3	1980	C02	8-7	0	0	0	0	-219
555	5-1	1965	C21	89	1	1	21	2	-219
556	81		C18	95	0	1	0	0	-220
557	G38	1980	C02	C5	0	0	13	2	-221
558	7-6	1967	C18		2	0	62	5	-221
559	3-26	1973	C20	6-5	0	0	47	3	-223
560	E41	1978	C14	3-28	0	0	94	8	-228
561	5-2	1965	C21	88	3	0	29	3	-228
562	F8	1979	C17	8-7	1	0	30	2	-232
563	H9	1981	C03	C53	0	0	15	1	-238
564	8-3	1968	C18	94	1	0	23	2	-241
565	3-17	1973	C20	89	1	0	35	3	-246
566	CJR421	1992	JR87	CJR99	1	0	25	3	-260
567	A17	1974	C19		0	0	33	2	-267
568	0-9	1970	C18	91	4	1	0	0	-267
569	CJR700	1997	JRCamaron	CJR437	0	0	26	3	-272
570	CJR199	1986	JR399	CJR77	1	1	6	1	-272
571	2-10	1972	C19	7-6	1	0	37	4	-272
572	D24	1977	C26	8-7	2	0	0	0	-282

**Cuadro A3. Valores genéticos para vacas Criollo Lechero Tropical (PL305)
(Continuación).**

ID	Año	Padre	Madre	Hijas	Hijos	Reg.	Lact.	VG305	
573	CJRY33	1998	JR424	CJR332	0	0	32	3	-284
574	8-1	1968	C18	95	3	1	94	7	-296
575	Q60	1989	C51	L44	0	0	8	1	-298
576	9-1	1969	C18	5-1	3	2	79	6	-309
577	G26	1980	C02	D24	2	0	0	0	-312
578	D29	1977	C26	8-2	0	0	66	5	-312
579	6-8	1966	C18	89	2	1	68	6	-313
580	A15	1974	C20	6-3	3	0	44	4	-317
581	5-3	1965	C21	99	0	0	10	1	-319
582	8-10	1968	C18	6-8	0	0	17	2	-325
583	CJR332	1989	JR87	CJR129	2	0	26	3	-326
584	8-2	1968	C18	99	2	0	18	2	-330
585	7-5	1967	C18	5-2	1	0	0	0	-334
586	K49	1984	C01	D14	0	0	9	1	-335
587	8-7	1968	C18	92	4	0	53	5	-343
588	K10	1984	C03	G26	1	0	15	2	-351
589	D27	1977	C26	6-5	0	0	16	1	-370
590	A7	1974	C19		4	0	68	6	-391
591	6-5	1966	C18	84	3	0	30	3	-404
592	A18	1974	C19	7-5	1	0	21	2	-413
593	6-7	1966	C18	91	0	0	65	6	-418
594	1-11	1971	C18	89	1	0	0	0	-423
595	D15	1977	C26	8-1	1	0	38	3	-425
596	2-11	1972	C19	8-4	0	0	59	5	-433
597	6-3	1966	C18	95	3	0	50	5	-446
598	8-5	1968	C18	84	1	0	47	4	-491
599	3-25	1973	C19	8-5	0	0	11	1	-501
600	G4	1980	C01	A7	0	0	17	3	-516
601	A5	1974	C19	9-1	1	0	11	1	-521
602	3-28	1973		1-11	1	0	19	2	-595

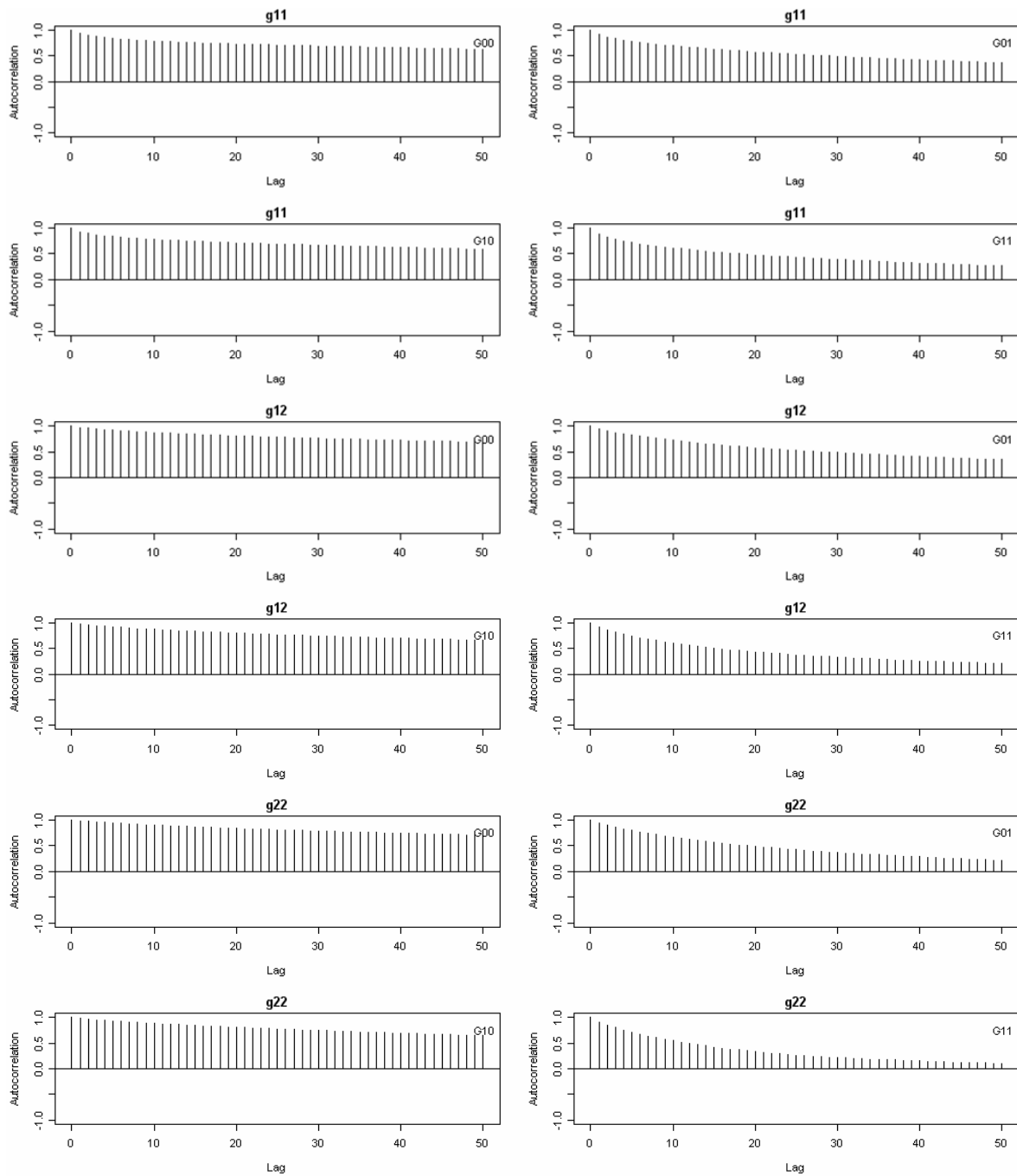


Figura A4. Lag- autocorrelaciones entre las muestras de las cadenas de Markov para componentes de (co)varianza del efecto genético aditivo, considerando diferentes informaciones *a priori*.

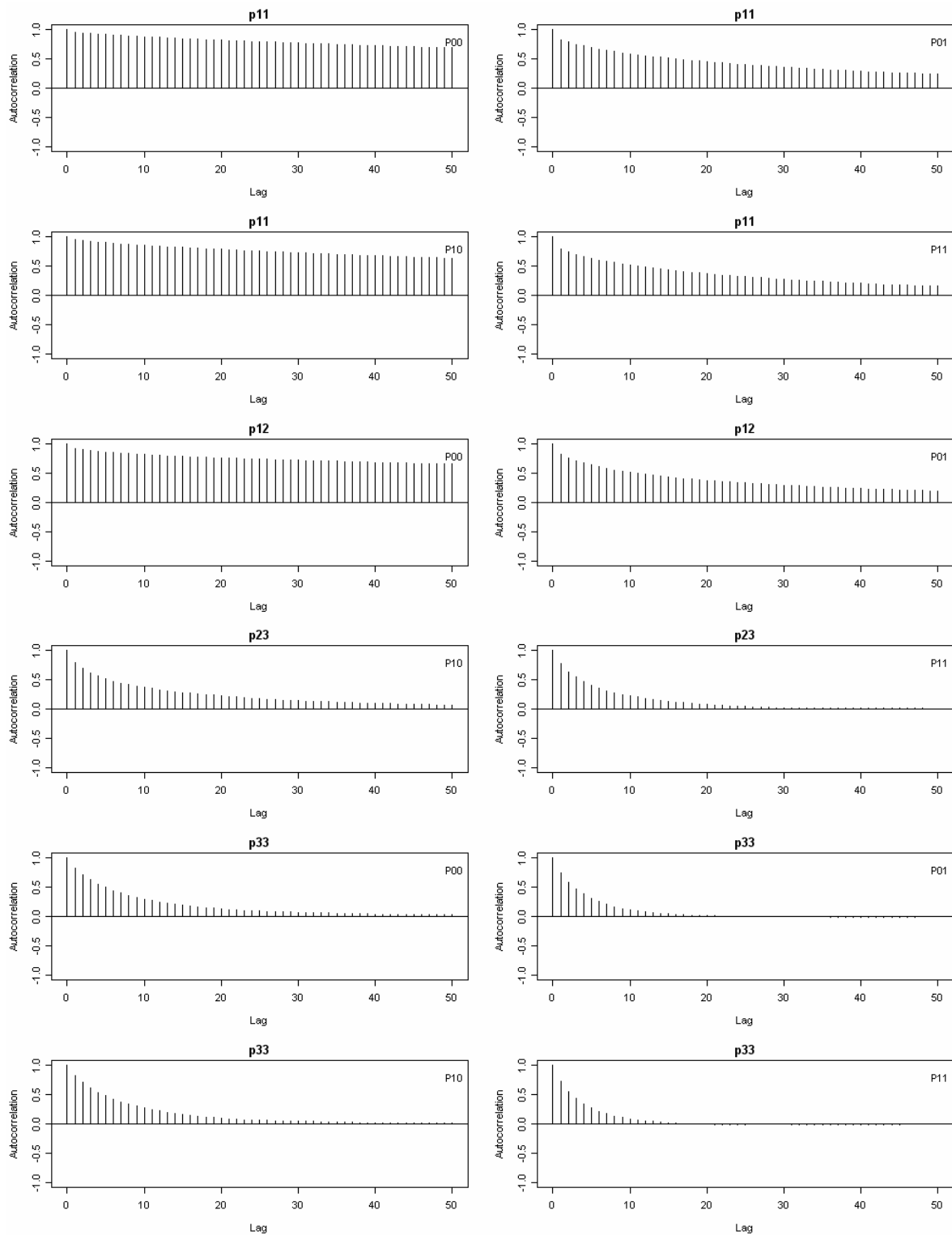


Figura A5. Lag- autocorrelaciones entre las muestras de las cadenas de Markov para algunos componentes de (co)varianza del efecto ambiental permanente, considerando diferentes informaciones *a priori*.

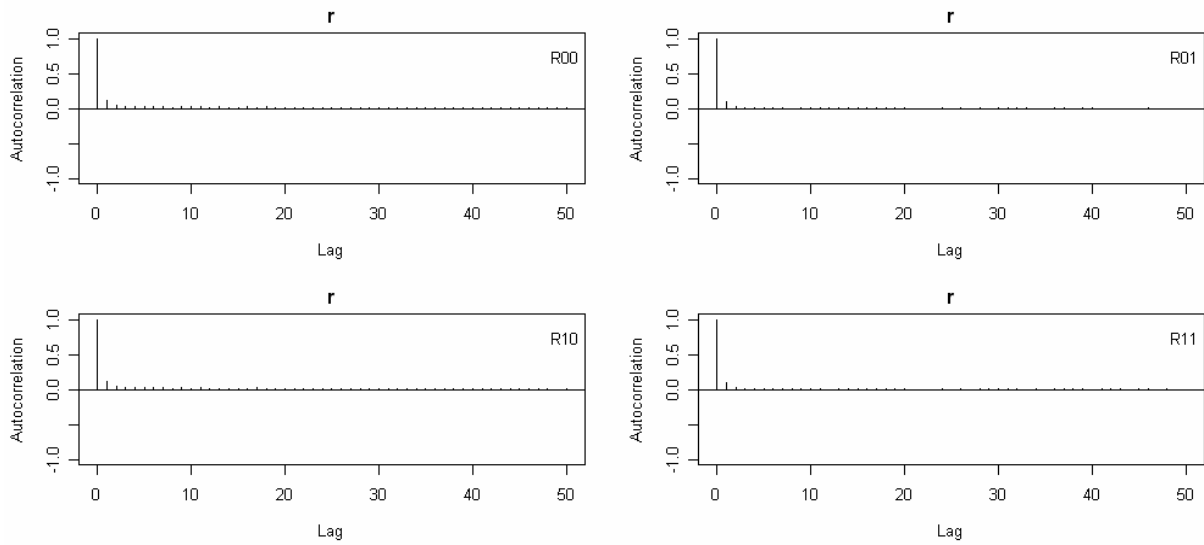


Figura A6. Lag- autocorrelaciones entre las muestras de las cadenas de Markov para la varianza residual, considerando diferentes informaciones *a priori*.

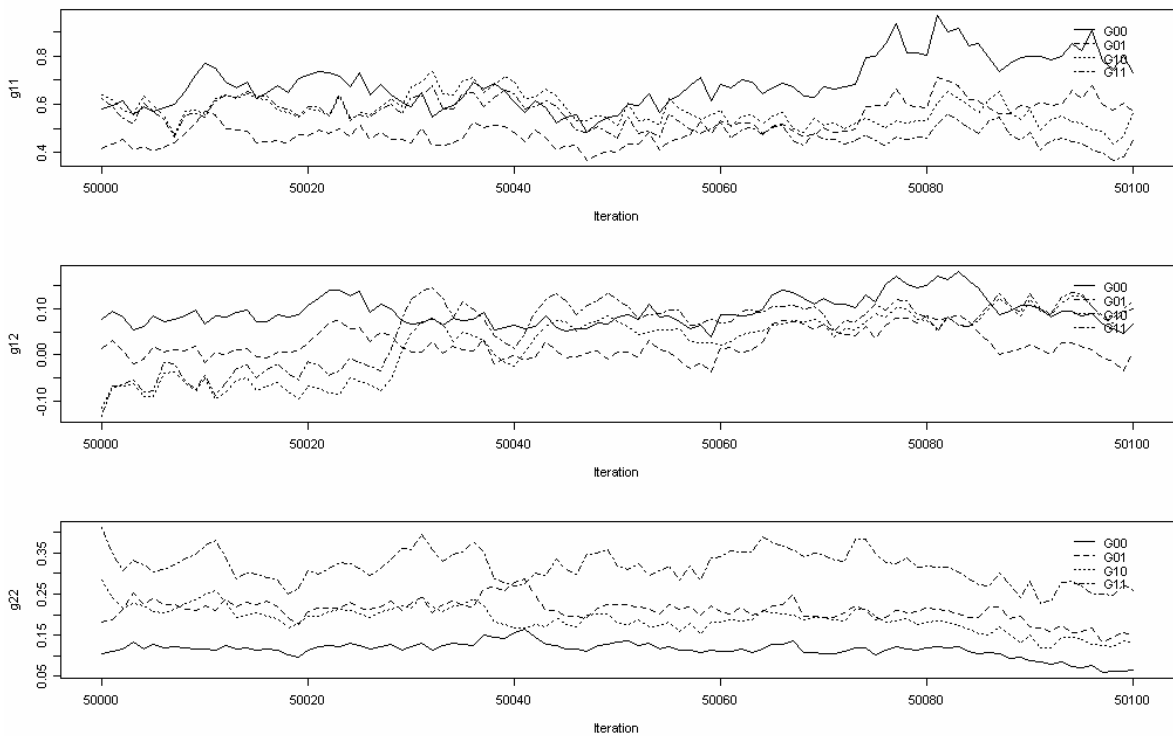


Figura A7. Trazas del muestreo (*sampler trace*) para los coeficientes de regresión de los efectos genéticos aditivos, considerando diferentes informaciones *a priori*.

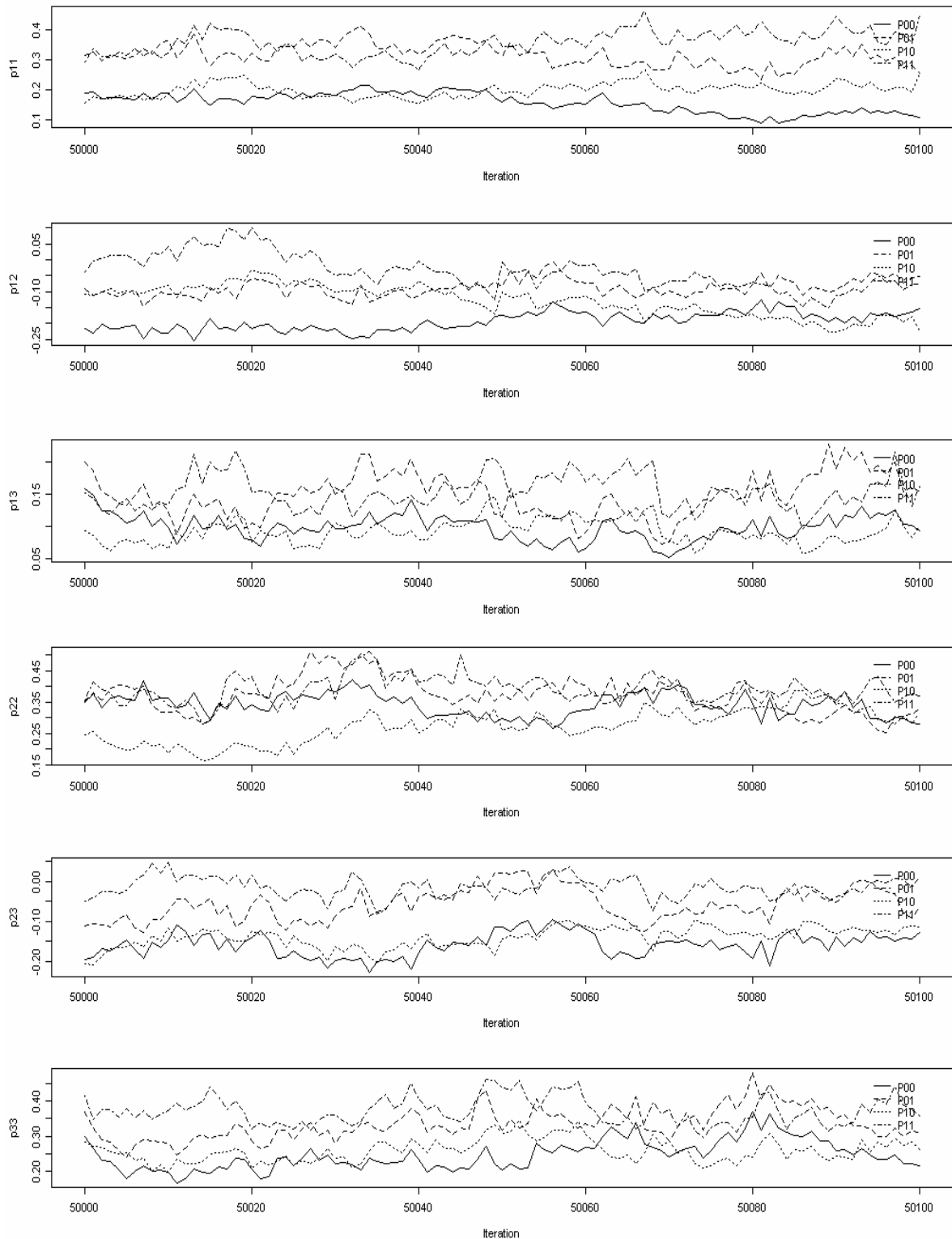


Figura A8. Trazas del muestreo (*sampler trace*) para los coeficientes de regresión de los efectos del ambiente permanente, considerando diferentes informaciones *a priori*.

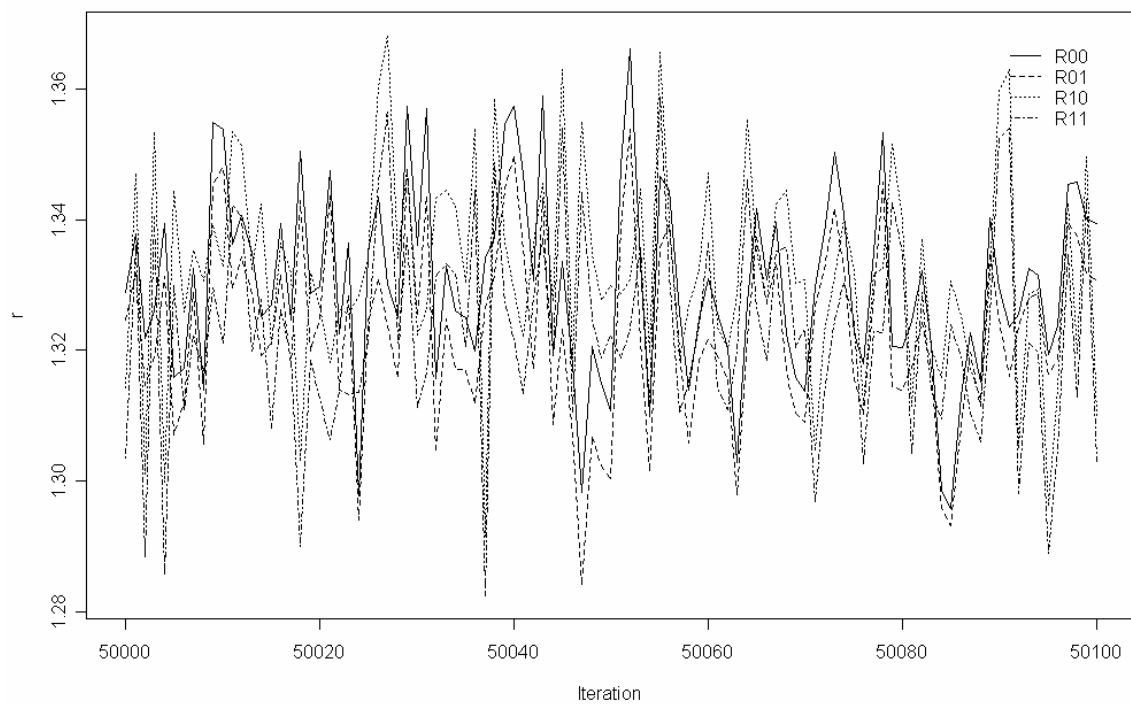


Figura A9. Trazas del muestreo (*sampler trace*) para la varianza residual, considerando diferentes informaciones *a priori*.

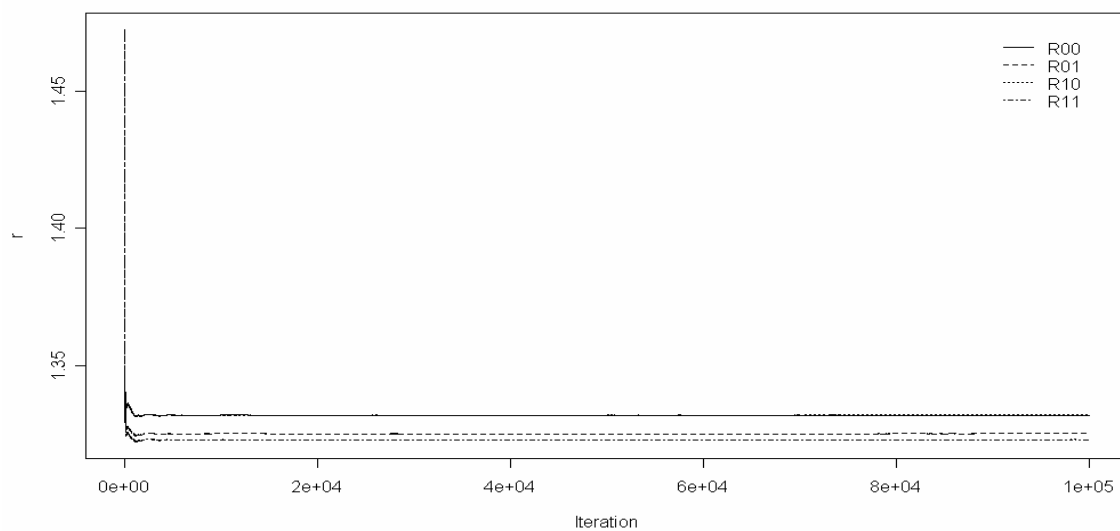


Figura A10. Media muestral para varianza residual a lo largo de las diferentes iteraciones, considerando diferentes informaciones *a priori*.

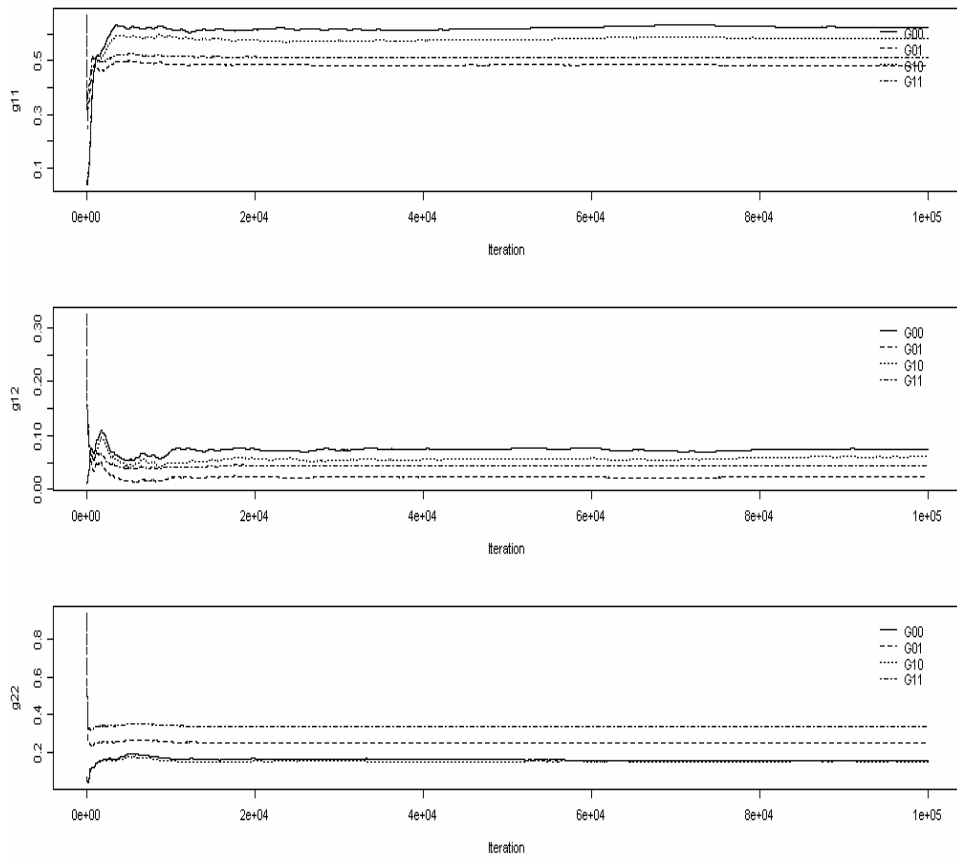


Figura A11. Media muestral para componentes de (co)varianza del efecto genético aditivo, considerando diferentes informaciones *a priori*.

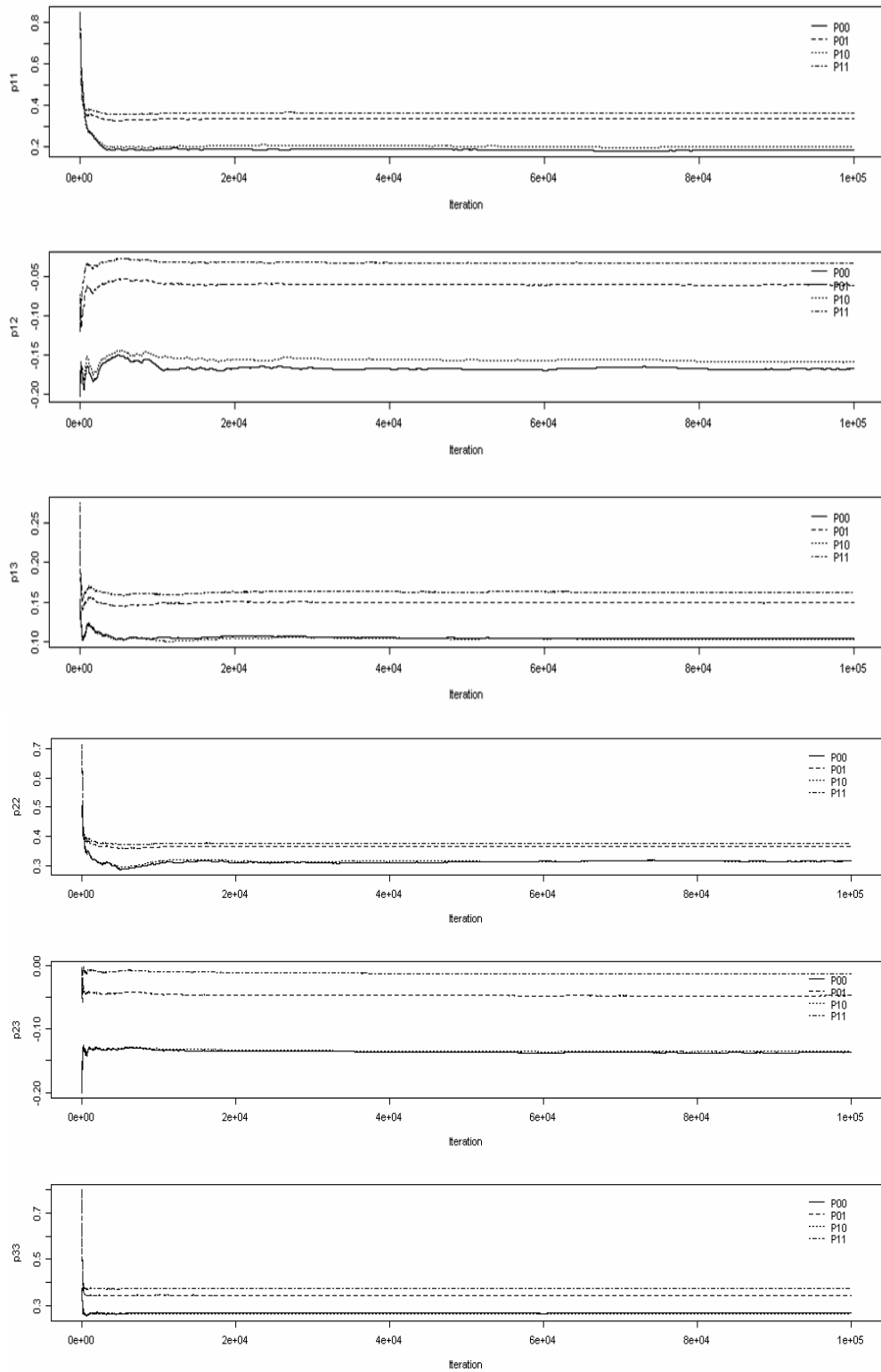


Figura A12. Media muestral para componentes de (co)varianza del efecto ambiental permanente, considerando diferentes informaciones *a priori*.

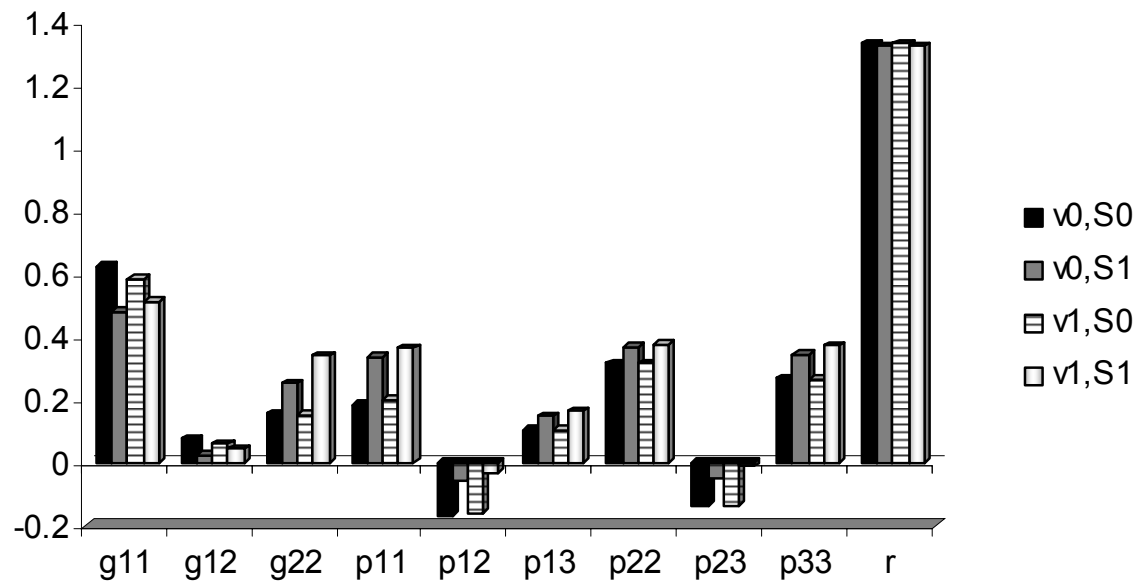


Figura A13. Medias posteriores estimadas para componentes de varianza, utilizando diferente información *a priori*; v_i = grados de libertad; S_i = parámetros de escala, donde i es el nivel bajo (0) o alto (1).

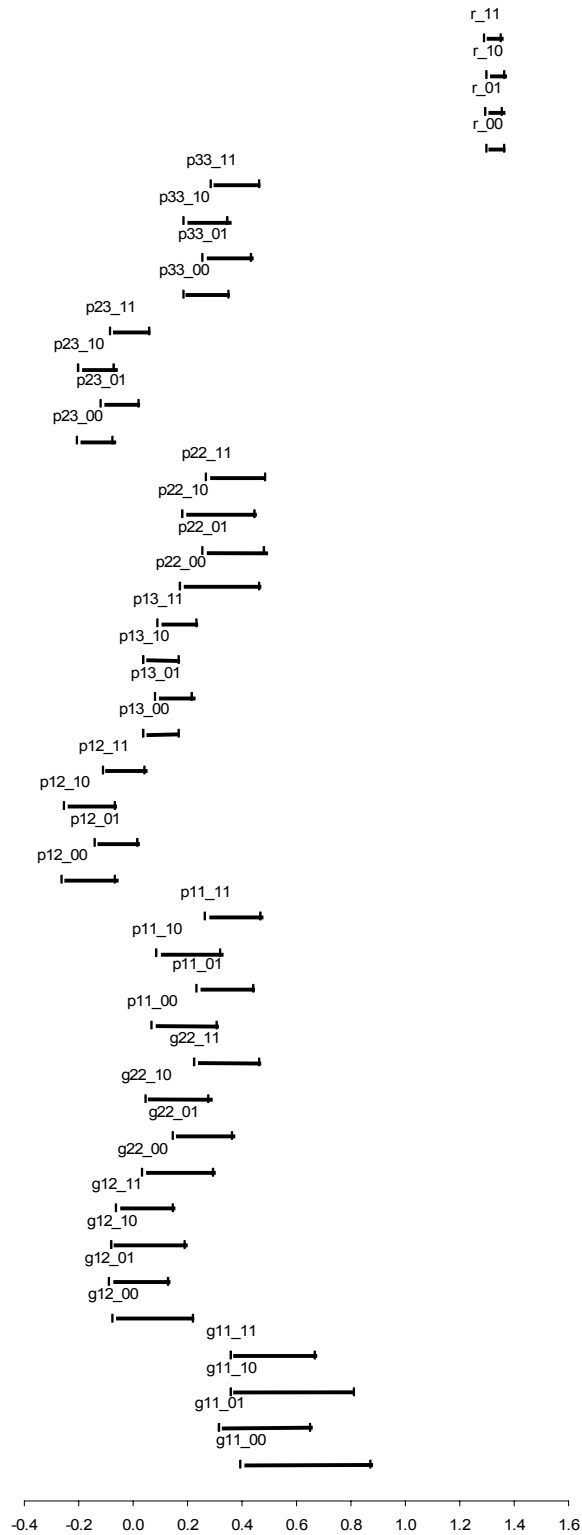


Figura A14. Intervalos de mayor probabilidad (95%) para componentes de varianza, utilizando diferente distribución *a priori*; v_i = grados de libertad; S_i = parámetros de escala, donde i es el nivel bajo (0) o alto (1).

Anexo A15. Fotos de toros y vacas de la raza Criollo Lechero Tropical



Foto 1. Vaca Z44, ubicada en primer lugar con valor genético (PL305d) de +589 kg.



Foto 2. Toro "Fifi" (Clave C68), ubicado en quinto lugar de los toros con menos de 10 hijas, con valor genético (PL305d) de +244 kg.



Foto 3. Vaca CPE52, ubicada en tercer lugar, con valor genético (PL305d) de +451 kg. Hija de la vaca Z44



Foto 4. Grupo de vacas Criollo Lechero Tropical en pastoreo. Colegio de Postgraduados, Campus Veracruz.



Foto 5. Vacas Criollo Lechero Tropical en pastoreo. Colegio de Postgraduados, Campus Veracruz.



Foto 6. Becerros Criollo Lechero Tropical en pastoreo. Colegio de Postgraduados, Campus Veracruz.