



**ESCUELA SUPERIOR POLITÉCNICA AGROPECUARIA DE MANABÍ
MANUEL FÉLIX LÓPEZ**

DIRECCIÓN DE POSGRADO Y EDUCACIÓN CONTINUA

**INFORME DE INVESTIGACIÓN
PREVIA LA OBTENCIÓN DEL TÍTULO DE MAGISTER
EN ZOOTECNIA MENCIÓN PRODUCCIÓN ANIMAL**

MODALIDAD:

TRABAJO DE TITULACIÓN

TEMA:

**ESTIMACIÓN DEL VALOR DE CRÍA EN BOVINOS DE APTITUD
CÁRNICA EN LA HACIENDA LA VICTORIA, BUCAY, PROVINCIA
DEL GUAYAS**

AUTORES:

**JAVIER ATILIO ALCÍVAR CEDEÑO
RAMÓN JUNIOR MOREIRA OBANDO**

TUTOR:


ING. CARLOS OSTAVIO LARREA IZURIETA, MG.

CALCETA, JULIO 2022

DERECHOS DE AUTORÍA

Javier Atilio Alcívar Cedeño y Ramón Junior Moreira Obando, declaramos bajo juramento que el trabajo aquí descrito es de nuestra autoría, que no ha sido previamente presentado para ningún grado o calificación profesional, que se han respetado los derechos de autor de terceros, por lo que asumimos la responsabilidad sobre el contenido del mismo, así como ante la reclamación de terceros, conforme a los artículos 4, 5 y 6 de la Ley de Propiedad Intelectual.

A través de la presente declaración cedemos los derechos de propiedad intelectual a la Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López, según lo establecido en el artículo 46 de la Ley de Propiedad Intelectual y su Reglamento.



Javier Atilio Alcívar Cedeño
C.I. 1310605744



Ramón Junior Moreira Obando
C.I. 0803009836

CERTIFICACIÓN DE TUTOR

Ing. Carlos Octavio Larrea Izurieta, Mg, certifica haber tutelado el trabajo de titulación Estimación del valor de cría en bovinos de aptitud cárnica en la Hacienda La Victoria, Bucay, Provincia de Guayas, que ha sido desarrollado por **Javier Atilio Alcívar Cedeño y Ramón Junior Moreira Obando**, previo la obtención del título de Magíster en Zootecnia mención Producción Animal, de acuerdo al Reglamento de unidad de titulación de los programas de Posgrado de la Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López.

Ing. Carlos Octavio Larrea Izurieta, Mg.

APROBACIÓN DEL TRIBUNAL

Los suscritos integrantes del tribunal correspondiente, declaramos que hemos **APROBADO** el trabajo de titulación Estimación del valor de cría en bovinos de aptitud cárnica en la Hacienda La Victoria, Bucay, Provincia de Guayas, que ha sido propuesto, desarrollado y sustentado por **Javier Atilio Alcívar Cedeño** y **Ramón Junior Moreira Obando**, previa la obtención del título de Magíster en Zootecnia mención Producción Animal, de acuerdo al Reglamento de la unidad de titulación de los programas de Posgrado de la Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López.

MV. Carlos A. Rivera Legton, Mg.
MIEMBRO

MV. Heberto D. Mendieta Chica, Mg.
MIEMBRO

Dr. Jorge I. Macías Andrade, PhD.
PRESIDENTE

AGRADECIMIENTO

A la Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López que nos brindó la oportunidad de participar en este proceso de estudio para nuestro crecimiento profesional, con un alto nivel de enseñanzas para crecer tanto como profesionales y como personas.

A Dios que es el pilar fundamental en cada paso que damos y que sin él no hubiéramos logrado lo que hoy con mucho esfuerzo y fe estamos celebrando.

A nuestros familiares que siempre serán nuestra principal motivación e inspiración para todo lo que emprendemos, sin ellos nada sería fácil, porque sin su apoyo no lo hubiéramos logrado.

A nuestros compañeros de clase, a nuestros docentes y en especial a nuestro tutor, Ing. Carlos Octavio Larrea que con su gran profesionalismo y conocimientos nos supo guiar en nuestro trabajo de investigación que hoy estamos presentando.

Javier Atilio Alcívar Cedeño

Ramón Junior Moreira Obando

DEDICATORIA

Dedico el presente trabajo a mi familia, cada miembro es mi inspiración diaria para hacer cada día las cosas mejor, a mi padre que desde hace 16 años me guía y me cuida desde el cielo, siempre quise ser como el, siempre quise tener su título y hoy estoy alcanzando una meta que de seguro la está disfrutando tanto como yo, a mi Madre por su apoyo incondicional, por esa paciencia, amor y dedicación que siempre me ofrece, por cada día que me guía, me inspira y me compromete a ser esa persona de bien, lleno de valores y compromisos para seguir siempre su ejemplo, a mis hermanos por su apoyo y sus consejos que me llenan de fuerzas y valentía para nunca rendirme. A mi hijo, a quien le dedico este logro con todo el amor que le tengo, a mis amigos que me apoyaron en la decisión de seguir superándome, a mis compañeros de maestría, cada uno de ellos contribuyo con un grano de arena para que hoy esto sea una realidad. A los docentes que en cada módulo impartido hacían más interesante este sueño, gracias a ellos me pude dar cuenta de las destrezas y habilidades que tal vez las tenía escondidas y con su ayuda las pude desarrollar durante este proceso de preparación, hoy me lleno de orgullo propio porque gracias a Dios y a todos los partícipes de este proceso hoy me convierto en Master en la rama que más me apasiona, los animales y su producción.

Javier Atilio Alcívar Cedeño

DEDICATORIA

Esta tesis está dedicada a Dios quien ha sido mi guía, fortaleza y su mano de fidelidad y amor han estado conmigo hasta el día de hoy, a mis padres Ramón Arturo Moreira Almeida y Mariana Catalina Obando Pérez quienes con su amor, paciencia y esfuerzo me han permitido llegar a cumplir hoy un sueño más, gracias por inculcar en mí el ejemplo de esfuerzo, fortaleza y valentía, de no temer las adversidades porque Dios está conmigo siempre. A mi hermana Karen Lisette Moreira Obando por su cariño y apoyo incondicional, durante todo este proceso, por estar conmigo en todo momento gracias. A toda mi familia porque con sus oraciones, consejos y palabras de aliento hicieron de mí una mejor persona y de una u otra forma me acompañan en todos mis sueños y metas. Finalmente quiero agradecer de aquellos compañeros que se cruzaron en este camino y que de una u otra forma me ayudaron e hicieron participe a que esta meta se cumpla, por apoyarme cuando más las necesite, por extender su mano en momentos difíciles, de verdad mil gracias, compañeros.

Ramón Junior Moreira Obando

TABLA DE CONTENIDO

DERECHOS DE AUTORÍA.....	ii
CERTIFICACIÓN DE TUTOR	iii
APROBACIÓN DEL TRIBUNAL.....	iv
AGRADECIMIENTO	v
DEDICATORIA	vi
TABLA DE CONTENIDO.....	viii
LISTA DE TABLAS.....	x
LISTA DE FIGURAS	xi
LISTA DE ANEXOS	xii
RESUMEN.....	xiii
ABSTRACT	xiv
CAPÍTULO I. ANTECEDENTES	1
1.1. PLANTEAMIENTO Y FORMULACIÓN DEL PROBLEMA.....	1
1.2. JUSTIFICACIÓN.....	3
1.3. OBJETIVOS	5
1.3.1. OBJETIVO GENERAL	5
1.3.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	5
1.4. IDEA A DEFENDER.....	5
CAPÍTULO II. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA	6
2.1. RODUCCIÓN BOVINA DE CARNE EN EL MUNDO.	6
2.2. PRODUCCIÓN BOVINA DE CARNE EN ECUADOR.....	6
2.3. PRINCIPALES RAZAS DE BOVINOS DE CARNE	7
2.3.1. BRAHAMAN	7
2.3.2. CHAROLAIS.....	9
2.3.3. ANGUS	10
2.3.4. BRANGUS.....	11
2.4. COMPONENTES DE LA VARIANZA	13
2.4.1. PARTICIÓN DEL FENOTIPO	13
2.4.2. PARTICIÓN DE LA VARIANZA FENOTÍPICA	14
2.4.3. VARIANZA GENOTÍPICA	15
2.4.4. VARIANZA AMBIENTAL	15
2.4.5. VARIANZA DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO AMBIENTE	16
2.5. PARÁMETROS GENÉTICOS.....	16

2.5.1. HEREDABILIDAD.....	16
2.5.2. REPETIBILIDAD.....	18
2.5.3. CORRELACIÓN GENÉTICA	19
2.6. EVALUACIÓN GENÉTICA.....	21
2.6.1. MEJOR PREDICTOR LINEAL INSESGADO (BLUP)	22
CAPÍTULO III. DESARROLLO METODOLÓGICO.....	24
3.1. UBICACIÓN.....	24
3.1.1. CONDICIONES CLIMÁTICAS	24
3.2. DURACIÓN	24
3.3. MÉTODOS Y TÉCNICAS.....	24
3.3.1. MÉTODOS.....	24
3.3.2. TÉCNICAS.....	25
3.4. VARIABLES EN ESTUDIO	25
3.5. PROCEDIMIENTOS.....	25
3.6. TÉCNICAS ESTADÍSTICAS	26
CAPÍTULO IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	28
4.1. EVALUACIÓN DE LOS EFECTOS FIJOS.....	28
4.2. COMPONENTES DE LA VARIANZA	31
4.3. HEREDABILIDAD Y CORRELACIÓN GENÉTICA.....	32
4.4. MÉRITO GENÉTICO.....	33
CAPÍTULO V. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....	37
5.1. CONCLUSIONES	37
5.2. RECOMENDACIONES.....	38
BIBLIOGRAFÍA.....	39
ANEXOS.....	48

LISTA DE TABLAS

TABLA 3.1. Climatología de la estación meteorológica Milagro (M0037)	25
TABLA 4.1. Componentes de la varianza y parámetros genéticos estimados para pesos al nacimiento y al destete	29
TABLA 4.2. Componentes de la varianza y parámetros genéticos estimados para pesos al nacimiento y al destete.....	32
TABLA 4.3. Frecuencia de las diferencias esperadas de la progenie.....	35

LISTA DE FIGURAS

Figura 4.1. Promedio de peso al nacimiento y peso al destete por año de nacimiento.....	35
Figura 4.2. Promedio de peso al nacimiento y peso al destete por composición racial.....	31
Figura 4.3. Tendencia genética del peso al nacimiento por año.....	36
Figura 4.4. Tendencia genética del peso al destete por año.....	36
Figura 4.5. Tendencia genética de peso al nacimiento y al destete por composición racial.....	37

LISTA DE ANEXOS

Anexo 1: Análisis estadístico descriptivo y de análisis de varianza de los efectos fijos sobre el peso al nacimiento obtenidos en SAS	50
Anexo 2. Distribución del peso al nacimiento por año	51
Anexo 3. Prueba del Rango múltiple de Duncan al 95% de confianza para el efecto año de nacimiento sobre el peso al nacimiento	52
Anexo 4. Distribución del peso al nacimiento por composición racial.....	53
Anexo 5. Prueba del Rango múltiple de Duncan al 95% de confianza para la composición racial sobre el peso al nacimiento.....	54
Anexo 6. Análisis estadístico descriptivo y de análisis de varianza de los efectos fijos sobre el peso al destete obtenidos en SAS.....	55
Anexo 7. Distribución del peso al destete por año.....	56
Anexo 8. Prueba del Rango múltiple de Duncan al 95% de confianza para el efecto año de nacimiento sobre el peso al destete.....	57
Anexo 9. Distribución del peso al destete por composición racial.....	58
Anexo 10. Prueba del Rango múltiple de Duncan al 95% de confianza para la composición racial sobre el peso al destete.....	59
Anexo 11. Componentes de la varianza obtenidos en el software VCE6.....	60
Anexo 12. Parámetros genéticos obtenidos en el software MTDFRELM.....	62

RESUMEN

Se determinó la diferencia esperada de progenie (DEP) para peso al nacimiento (PN) y peso al destete ajustado a 205 días (PD) en hembras mestizas con base Brahman nacidas entre 2005 y 2021 en la hacienda “La Victoria”, cantón Bucay, provincia del Guayas. Se analizaron 946 animales con 351 registros para PN y 314 para PD generados entre 2011 y 2021. El modelo estadístico y animal incluyó efecto aleatorio del padre y como efectos fijos: año de nacimiento y composición racial. Se aplicó procedimiento del modelo lineal general (GLM) del paquete estadístico SAS para análisis de varianza. Los componentes de la varianza para calcular parámetros genéticos de PN y PD se utilizó el software VCE v.6 y para valores de cría se utilizó el software MTDFRELM, a través del sistema de evaluación del Mejor Predictor Lineal Inssegado (BLUP). Se encontró un promedio para PN de 37.64 ± 2.35 Kg y para PD de 195.09 ± 30.12 Kg. Se halló diferencia altamente significativa ($p \leq 0.01$) para los efectos aleatorios y fijos, la heredabilidad para PN fue de 0.137 ± 0.209 y para PD de 0.386 ± 0.177 con correlación genética de -0.181 y se encontró en el PN 36.47% de DEP positivas y para PD el 33.09%. Se concluye que la baja y mediana heredabilidad encontrada para PN y PD respectivamente, manifiesta la alta influencia de los factores no genéticos y por el antagonismo en la nula correlación genética se debe mejorar el PN y usar el PD como criterio de selección.

Palabras clave: Cruzamiento, peso al nacimiento, peso al destete, heredabilidad, correlación genética.

ABSTRACT

The expected progeny difference (DEP) for birth weight (PN) and weaning weight adjusted to 205 days (PD) will be prolonged in Brahman-based mestizo females born between 2005 and 2021 at the "La Victoria" farm, Bucay canton, Guayas Province. 946 animals were analyzed with 351 records for PN and 314 for PD generated between 2011 and 2021. The statistical and animal model included the random effect of the father and as fixed effects: year of birth and racial composition. The general linear model (GLM) procedure of the SAS statistical package was applied for analysis of variance. The variance components to calculate PN and PD genetic parameters were obtained with the VCE v.6 software and for breeding values, the MTDFRELM software was obtained, through the evaluation system of the Best Linear Unbiased Predictor (BLUP). An average of 37.64 ± 2.35 Kg was found for NP and 195.09 ± 30.12 Kg for PD. A highly significant difference ($p \leq 0.01$) was found for random and fixed effects, the heritability for NP was of 0.137 ± 0.209 and for PD of 0.386 ± 0.177 with genetic connections of -0.181 and it was found in the NP 36.47% of positive DEP and for PD 33.09%. It is concluded that the low and medium heritability found for PN and PD respectively, shows the high influence of non-genetic factors and due to the antagonism in the null genetic correlation, the PN should be improved and the PD used as a selection criterion.

Keywords: Crossbreeding, birth weight, destination weight, heritability, genetic connection.

CAPÍTULO I. ANTECEDENTES

1.1. PLANTEAMIENTO Y FORMULACIÓN DEL PROBLEMA

La Encuesta de Superficie y Producción Agropecuaria Continua [ESPAC] en su informe elaborado por Orbe *et al.* (2018), el sector agropecuario desempeña un papel estratégico en la seguridad alimentaria y el 95% de los bienes alimenticios que se consumen internamente. En Ecuador la ganadería supone un 1.5% del Producto Interno Bruto (PIB), actualmente el Ministerio de Agricultura y Ganadería del Ecuador (MAG) impulsa un desarrollo ganadero que sea sostenible en producción, que cuide el ambiente y las cuencas hidrográficas, además de que exista una explotación adecuada de forrajes y del sistema arbóreo (Ministerio de Agricultura y Ganadería [MAG], 2020a).

En Ecuador, la industria productora de carne engloba una serie de eslabones de la cadena productiva de las diferentes especies animales de interés zootécnico, entre ellas destacan para producción de carne: aves (573.2 mil TM), cerdos (173.2 mil TM), y bovinos de engorde (200 mil TM), y un consumo total per cápita de 54.09 Kg por año (Rodríguez, Erazo y Narváez, 2019). Según ESPAC (2020), la población bovina en Ecuador está distribuida el 51.69% en la región Sierra, 39.71% en la región Costa y 8.60% en la región Amazónica; La provincia de Manabí ocupa el primer lugar al concentrar el 21.60% de la población nacional y la provincia de Guayas el sexto lugar con 6.39%.

El MAG (2020a) enfoca como objetivo estratégico, fortalecer los sistemas agropecuarios a través de la información y tecnificación para fomentar la inserción de los productos del sector en los mercados nacionales e internacionales, considerando como estrategia operativa el mejoramiento animal a través de la adquisición de embriones. Las demandas selectivas del mercado y las opciones de cruzamiento con razas mejoradas han llevado al abandono de las razas criollas por la presión que ejercen las asociaciones nacionales e internacionales de criadores, en la que exigen la uniformización de los fenotipos y consecuentemente produce la reducción general de la variación genética en animales de interés zootécnico (Haro, 2003).

Según el MAG (2020b) indica que se importaron un total de 1650 embriones bovinos de las razas Senepol, Brahman, Braford, Nelore, Brangus Colorado y Brangus Negro procedentes de Paraguay, con el fin de establecer programas de mejoramiento genético nacional. Actualmente en el país no existe suficiente información sobre la valoración genética de bovinos productores de carne, lo cual no permite realizar una adecuada selección de los reproductores en función del mérito genético y estanca la mejora ganadera desde el punto de vista genético.

Con lo antes expuesto, se plantea la siguiente interrogante: ¿La estimación de los valores de cría de los animales, permitirá seleccionar los futuros reproductores para la hacienda La Victoria en el cantón Bucay?

1.2. JUSTIFICACIÓN

En la mayoría de las explotaciones en el trópico ecuatoriano, la cría de bovinos de carne se caracteriza por el poco uso de registros genealógicos, productivos y reproductivos, lo que condiciona el valor de los parámetros genéticos, limitando el avance genético de las explotaciones (Larrea *et al.*, 2018). Desde el punto de vista genético, hay muchos esfuerzos alrededor del mundo tropical para conseguir razas adaptadas a las condiciones del clima, alimentos y patógenos que ofrezcan mejores niveles de producción y reproducción que los actuales (Haro, 2003).

Todo cambio derivado de la mejora genética implica perfeccionamientos que se reflejan en beneficios tanto para el productor como a los consumidores, a corto y largo plazo; es importante que se desarrolle una planificación de esos programas acordes a los contextos económico, ambiental y social; y que estos formen parte de los planes nacionales de desarrollo pertinentes a la producción (FAO, 2010).

Generalmente en las explotaciones ganaderas en Ecuador se realiza una distinción visual a los animales en forma individual o grupal, al seleccionar los ejemplares que formarán parte del rebaño, y se brinda muy poca orientación ya que se escoge el animal por fenotipo más no por genotipo (Larrea *et al.*, 2018).

Los programas reproductivos buscan conseguir mejoras genéticas, y para ello se seleccionan a los animales de los cuales surgirán las nuevas generaciones con las características que el productor desea potenciar (FAO, 2010). El progreso genético de una población puede cuantificarse al estimar la respuesta a la selección, la cual evalúa los cambios genéticos obtenidos a través de los años por el proceso de selección, misma que es imprescindible para los ganaderos conocer las tendencias genéticas de la población en un programa de mejoramiento genético, que permite evaluar y dar seguimiento al progreso genético obtenido y ajustar los objetivos de selección que maximicen dicho progreso de ser necesario (Larios *et al.*, 2020).

Los desafíos de los sistemas de producción animal en las áreas tropicales no sólo consisten en incrementar la producción de los animales sino también su

resistencia a enfermedades y climas extremos, y a la escasez de agua y forraje (Martínez *et al.*, 2018).

Esta investigación se enmarca dentro del Plan Nacional de Desarrollo 2017-2021 Toda una Vida (2017) en el eje 2: Economía al Servicio de la Sociedad. Objetivo 6: Desarrollar las capacidades productivas y del entorno para lograr la Soberanía Alimentaria y el Buen Vivir Rural, y con los objetivos del Milenio (ONU), objetivo 12 (Producción y consumo responsables).

1.3. OBJETIVOS

1.3.1. OBJETIVO GENERAL

Estimar el valor de cría para el peso al nacimiento y al destete en bovinos de aptitud cárnica como criterio de selección en la hacienda La Victoria en el cantón Bucay, provincia del Guayas.

1.3.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Estimar los componentes de la varianza para el peso al nacimiento y al destete en bovinos de aptitud cárnica.

Valorar la heredabilidad para el peso al nacimiento y al destete en bovinos de aptitud cárnica.

Predecir el mérito genético para el peso al nacimiento y al destete en bovinos de aptitud cárnica como criterio de selección.

1.4. IDEA A DEFENDER

La estimación del valor de cría en bovinos de aptitud cárnica en la hacienda La Victoria, en el cantón Bucay, proporcionará información para seleccionar los reproductores con mejores rendimientos de peso al nacimiento y al destete.

CAPÍTULO II. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

2.1. RODUCCIÓN BOVINA DE CARNE EN EL MUNDO.

Se considera que uno de los alimentos más significativos en el mundo es la carne de ganado bovino, por su contenido proteico e importancia tanto económica como social; así mismo ocupa el tercer lugar en consumo según los datos de la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO] (Puebla *et al.*, 2018).

FAO (2020), evidencia en su resumen de la evolución del mercado mundial de carne en 2019 que la producción mundial de carne cayó un 1% desde 2018 a 338,8 millones de toneladas (equivalente peso canal), lo que incurrió que los principales productores mundiales de carne incrementen la producción de otras, con un ciclo de producción más corto, compensando parcialmente el déficit. El mercado mundial de la carne bovina y la competitividad de los países que participan en ella, son los factores que influyen en el dinamismo de la producción ganadera de carne, esta actividad recalca su importancia ya que es de las más productivas y practicadas, genera materias primas, empleo, innovación en la cadena de valor, entre otros (Magaña *et al.*, 2020).

Cerca de la mitad de carne bovina que se produce a nivel mundial procede de América con aproximadamente un 46 %, actualmente Asia ocupa el segundo lugar con el 26 % desplazando a Europa al tercer lugar con un 15 % por lo que es el único continente cuya producción ha disminuido, África pese a ocupar el cuarto lugar con un 9 % de participación ha tenido un considerable aumento y finalmente Oceanía con un 4 % de participación (Acebo, 2016).

2.2. PRODUCCIÓN BOVINA DE CARNE EN ECUADOR

En el año 2017 el MAG (2017), informó que la producción de carne bovina en el país era alrededor de 200 mil toneladas métricas, es decir que la demanda nacional de este producto estaba cubierta, al punto que las importaciones son mínimas oscilando en las 27 toneladas métricas representando el 0.01 %

Castillo y Carpio (2017) exponen que Ecuador invirtió en el 2010 en potenciar la producción ganadera de carne a través del Proyecto Nacional de Ganadería

Sostenible, las mismas incluían animales para mejoramiento genético, centros de abastecimiento, capacitación técnica y demás actividades en los componentes de salud animal, reproducción y genética.

2.3. PRINCIPALES RAZAS DE BOVINOS DE CARNE

En Ecuador predominan las razas de origen indio (*Bos indicus*) llamadas comúnmente cebú con sus diferentes líneas dirigidas hacia la producción de carne; sin embargo, se han introducido razas de origen europeo (*Bos taurus*) que son muy eficientes en la producción de carne, tales como las razas Aberdeen, Angus, Charolais, Simmental, Hereford, Limousine y otras más, cuyo principal objetivo es para realizar cruces con el cebú (*Bos indicus*) dando excelentes resultados en sus primeras descendencias (F1) por su resistencia al trópico sin perder sus características del europeo (*Bos taurus*) con sus canales de excelente musculatura, buena cobertura de grasa y de carne suave y jugosa, características no muy presentes en el ganado cebú sin cruces (Agropesa, s.f.).

2.3.1. BRAHAMAN

Para Parra *et al.* (2007) esta raza es de las más numerosas entre las Cebú, generalmente es ideal para la producción de carne en países tropicales y también para la producción lechera, al cruzarlo con razas especializadas es ideal para sistemas doble propósito. La expansión genética Brahman ha beneficiado tanto a los criadores como a los ganaderos comerciales, con lo que han generado estándares de calidad y rentabilidad muy importantes.

2.3.1.1. ORIGEN

Su origen genealógico data del siglo XIX en los Estados Unidos donde el nombre de la especie es genérico para referirse a diversos tipos de cebuínos; la raza se formó a partir de 1860 y con múltiples cruces entre diversos ganados *Bos Indicus*, importados directamente de la India, incluyó el aporte de las razas Guzerá, Nelore, Krishna Valley, Gyr, pequeña influencia de vacas de razas europeas, de origen británico, utilizadas durante el proceso de mejoramiento, como las razas Hereford, Shorthorn y Abeerden Angus, así como de algunas razas lecheras como Ayrshire, Jersey, Holstein y Pardo Suiza; posteriormente se

añadió un componente Red Polled y Red sindhi, razas que fueron introducidas en diferentes épocas a Norteamérica (González, 2016).

2.3.1.2. CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS

Entre los patrones raciales de la raza, esta su pelaje blanco predominante blanco especialmente en las hembras con una tonalidad ceniza sobre la parte anterior, en el cuello y giba, también hay pigmentación roja por la influencia de las razas Red Sindhi y Gyr, tonalidad que no es muy apreciado en machos, cabe destacar que algunos terneros nacen rojos, pero con los meses se vuelven ceniza o ceniza oscura (Barrera *et al.*, 2006).

La conformación corporal de la raza exige que deba estar libre de cualquier debilidad en la línea del dorso, a partir del anca hacia la giba. Su sacro nunca debe ser elevado, ni la grupa caída, así como el exceso de ombligo o de prepucio. Son de buen tamaño, cabeza ancha, perfil recto, cuello corto y grueso, con barbilla desarrollada, cuernos cortos, medianamente gruesos y dirigidos hacia atrás y hacia afuera; las orejas tamaño mediano; las costillas deben ser bien arqueadas y separadas entre sí, pecho profundo y ancho; vientre, voluminoso, denotando gran capacidad. El tronco es cilíndrico, con caderas amplias y musculosas; el anca es, ligeramente inclinada y la cola de inserción suave (Alvarado, 2016).

Su crecimiento y desarrollo muscular es muy rápido y tienen capacidad de producir más carne en menos tiempo, salen para sacrificio a más corta edad, con mayores pesos. Otros aspectos favorables al uso del Brahmán es que sus crías media sangre al destete pesan en promedio 35 Kg, más que sus congéneres de razas puras. El novillo pesado a los tres años varía entre los 500 y 680 kilogramos (Carrizo, 2015).

Las hembras de esta raza poseen un instinto maternal muy fuerte, protege a las crías contra los enemigos naturales y levantan terneros en excelentes condiciones y con buenos pesos, presentan baja incidencia de partos distócicos debido a la gran amplitud pélvica y a que por lo general los terneros son livianos al nacimiento, lo cual hace la combinación ideal para las regiones donde las

condiciones de manejo son mínimas (Asociación Colombiana de Criadores de Ganado Cebú [Asocebú], s.f.).

2.3.1.3. CARACTERÍSTICAS ZOOTÉCNICAS

La eficiencia reproductiva del ganado Brahman se debe a su adaptabilidad a las regiones tropicales y subtropicales del mundo, lo que refleja que las hembras tienen una larga vida productiva hasta un 50% más larga sobre las vacas de razas europeas y son más fértiles (Jaramillo, 2021). Los estudios científicos han demostrado que una vaca Brahman promedio produce entre un 22% al 44% más de leche que las vacas de razas europeas de carne, cuando suda secreta una sustancia oleaginosa que repelen moscas, mosquitos y otros insectos mordedores y combinado con la piel suelta y móvil le permite deshacerse de muchos insectos y así evitar algunas de las enfermedades que arrasan poblaciones enteras de ganado en el trópico (Carrizo, 2015).

2.3.2. CHAROLAIS

Su origen se da en las regiones centro oeste y sudoeste de Francia, en las antiguas provincias francesas de Charolles y de Niemen, aunque no se conoce las razas que la originaron y se denomina “Raza continental”, se ha usado tradicionalmente en cruza británicas con la finalidad de mejorar el rendimiento de carne con menor cantidad de grasa (Parra *et al.*, 2009).

2.3.2.1. CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS

Son de color blanco o blanco cremoso; el pelo puede ser corto en verano, se espesa y se alarga durante las épocas de frío, nacen con cuernos la mayoría que suelen ser extirpados cuando los terneros son jóvenes, su piel y mucosas son rosadas, cuerpo voluminoso y cilíndrico, su característica más prominente es que la musculatura es muy desarrollada en las extremidades y el lomo (Marrero *et al.*, 2013).

2.3.2.2. CARACTERÍSTICAS ZOOTÉCNICAS

Los novillos en engorda tienen un aumento de peso diario de 1,58 kg una conversión alimenticia ideal de 1 kg por 7,26 kg de alimento con una eficiencia

reproductora de tasa de preñez de 81%, tasa de supervivencia de 96% y tasa de destete de 78%, en cruces con Brahman se consiguen un paso al destete de 268 kg para media sangre y 295 kg para $\frac{3}{4}$ Charolais $\frac{1}{4}$ Brahman. En explotaciones intensivas las vacas alcanzan buenos rendimientos en diferentes condiciones ambientales, se utilizan para mejorar los ganados por medio del cruzamiento, los cuales se han dado mayormente con cebú, concretamente con Brahman, dando origen a la raza Charbray, es una de las razas para cruces terminales en países desarrollados y en la región Latinoamericana por el excelente vigor híbrido de las cruces (Marrero *et al.*, 2013).

2.3.3. ANGUS

En la parte noreste de Escocia se encuentran los cuatro condados de Aberdeen, Banff, Kincardine y Angus, los que han favorecidos a través del tiempo con un clima templado y buenos cultivos pese a que la topografía del país es áspera. Los pastizales se dan bien debido a la lluvia bien distribuida; esto genera las condiciones para la producción de ganado. Las condiciones de esta región escocesa han hecho que sea muy adecuada para algunas de las mejoras más importantes que se han logrado en nuestras razas de ganado de raza pura. Escocia y que se ha hecho famoso en la historia de la raza Aberdeen-Angus (Martínez *et al.*, 2011).

2.3.3.1. ORIGEN

Hay cuatro razas distintas y bien definidas de ganado encuestado en el Reino Unido Aberdeen-Angus, Galloway, Norfolk y Suffolk con pelaje rojo y sin cuernos que se encuentra en Inglaterra. El ganado descornado aparentemente existía en Escocia antes de la historia registrada ya que la semejanza de dicho ganado se encuentra en las tallas prehistóricas de Aberdeen y Angus. Algunos historiadores sienten que la raza Aberdeen-Angus y las otras razas escocesas surgieron del ganado aborigen del país y que las razas tal como las encontramos hoy en día son indígenas de los distritos en los que todavía se encuentran (Herrera, 2018).

Aunque se sabe poco sobre el origen temprano del ganado que más tarde se conoció como la raza Aberdeen-Angus, se cree que la mejora de los individuos originales encontrados en el área comenzó en la última mitad del siglo XVIII. El

ganado encontrado en el norte de Escocia no era de color uniforme, y muchos de los primeros tiempos tenían marcas de colores variados o patrones de colores rotos (Melucci y Reimonte, 2004).

2.3.3.2. CARÁCTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS

Es una raza productora de carne, reconocida por su precocidad reproductiva, facilidad de parto, aptitud materna y longevidad; los ejemplares de la raza deben poseer buenas masas musculares, voluminosos, de buena profundidad y con un buen balance o armonía de conjunto; temperamento activo, pero no agresivo, ágil en sus desplazamientos, aplomos correctos y articulaciones fuertes, piel medianamente fina, elástica, cubierta de un pelaje suave, corto y tupido de color negro o colorado, el peche temprano es indicativo de una buena funcionalidad hormonal y por lo tanto de alta fertilidad (Asociación Argentina de Angus, 2007).

2.3.3.3. CARACTERÍSTICAS ZOOTÉCNICAS

El peso al nacimiento de los terneros es bajo en los machos es del 28 kilos y hembras de 26 kilos, pero esta desventaja es irrelevante debido a su rápido crecimiento, alcanzan peso de 800 kilos los machos y hembras de 500 a 550 kilos, el primer parto se da a los 2 o 2.5 años y las hebras se caracterizan por su longevidad (Melucci y Reimonte, 2004).

Esta raza produce carne de excelente calidad con porcentaje bajo de hueso en las piezas, producen leche suficiente para dar un buen impulso inicial al desarrollo de los terneros, con pastoreo con alfalfa y bromo nativo, en novillos con pesos de 364 a 350 kg reportaron ganancias diarias de peso entre 1.17 kilos a 1.28 kilos, con eficiencia de conversión alimenticia de 1 por 4.5 y 1 por 4.25 kilos de alimento consumido (Jaramillo *et al.*, 2014).

2.3.4. BRANGUS

Es una raza sintética sin cuernos creada en Oklahoma en 1942, mediante la cruce de ganado Brahman americano y ganado Aberdeen Angus, mediante una mezcla de 5/8 (62.5 %) de Aberdeen Angus y 3/8 (37.5 %) de Brahman, estos porcentajes requieren, al menos, de tres generaciones para lograrse, con conformación cárnica y características raciales determinadas (Calderón, 2007).

2.3.4.1. ORIGEN

Los primeros apareamientos de Brahman y Aberdeen Angus proceden del año 1912 y la mayoría de los trabajos de obtención de la raza fueron realizados en la Estación Experimental (USDA) de Jeanerette, Louisiana y a la vez en el Clear Creek Ranch, de Welch, Oklahoma, y en el Essar Ranch, de San Antonio, Texas, así como algunos criadores individualmente en otras partes de EUA y Canadá, llevaron a cabo programas experimentales de crianza, tratando de encontrar un animal altamente productivo, que tuviera la aptitud natural del Brahman para prosperar en condiciones adversas y retener las excelentes cualidades cárnicas del Angus (Domínguez *et al.*, 2009).

2.3.4.2. CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS

Son de color negro sólido con pequeñas marcas blancas detrás del ombligo, con mucosas, pezuñas y piel negras, aunque existe un color rojo recesivo al que se le denomina Polled Brangus. En el macho, la giba debe ser pequeña y sólidamente unida al cuerpo; en la hembra no debe existir, es altamente resistente al calor y a los ectoparásitos, rápida ganancia diaria de peso, excelente conformación muscular. Las hembras tienen buena habilidad materna, no presentan cuernos, pero su temperamento es muy nervioso (Calderón, 2007).

2.3.4.3. CARACTERÍSTICAS ZOTÉCNICAS

El ganado Brangus Rojo tiene alta demanda, por igual para los machos y hembras de destete, destinados a la recría, como para los toretes y vaquillas de reemplazo, existe documentación que el Latinoamérica es la raza que más canales produce para carne certificada con marca. Los novillos y las vaquillas cubren las necesidades del mercado de consumo interno como el de exportación, asegurando una óptima terminación sin exceso de grasa de cobertura. Los altos rendimientos de las canales son satisfactorios para las empacadoras y la calidad de los cortes muy aceptada por el consumidor (Domínguez *et al.*, 2009).

2.4. COMPONENTES DE LA VARIANZA

El potencial genético de los animales se expresa en la medida que las condiciones ambientales lo permitan; el ambiente no modifica de forma directa la constitución genética del individuo, pero sí determina la extensión con que se expresa (Cerón *et al.*, 2001). La genética de cualquier carácter métrico se basa en el estudio de la variación de éste y en su partición en componentes atribuibles a diferentes causas (Silva *et al.*, 2018), el éxito en el plan de cría programado depende de la variación, ya que esta permite incrementar la presión de selección (Cardenillo y Rovira, 1987).

Actualmente, el método de máxima verosimilitud restringida (REML) es utilizado en la estimación de componentes de varianza y parámetros genéticos, para diferentes características en diversas especies. El algoritmo (AI-REML) del programa ASREML se basa en la aproximación de las derivadas parciales de segundo orden a partir del promedio de la matriz de información esperada y observada para estimar componentes de varianza y obtener aproximaciones de los errores estándar (Delgadillo *et al.*, 2008).

2.4.1. PARTICIÓN DEL FENOTIPO

Gutiérrez (2010) indica que el fenotipo es la expresión de un carácter determinado, al menos en parte, genéticamente y el resto consecuencia de un cúmulo de influencias no genéticas que se agrupa en el término ambiente como se describe:

$$P = G + E \quad [1]$$

Donde:

P = Fenotipo

G = Genotipo

E = Ambiente

De la misma forma Gutiérrez (2010) explica que el genotipo no se expresará en su totalidad, si no que se verá modificado por el ambiente; sin embargo, un

animal adaptado a un determinado ambiente no se adapte adecuadamente a otro ambiente, por lo que se agrega a la ecuación 1 la interacción genotipo ambiente como sigue:

$$P = G + E + G * E \quad [2]$$

Donde:

P = Fenotipo

G = Genotipo

E = Ambiente

$G * E$ = Interacción genotipo ambiente

2.4.2. PARTICIÓN DE LA VARIANZA FENOTÍPICA

Los componentes que integran la varianza fenotípica son la varianza genética, la varianza ambiental y la varianza de la interacción genotipo-ambiente (Silva, *et al.*, 2018). La varianza fenotípica (V_P) dentro de una población son el resultado de la suma de las fuentes genéticas o varianza genética (V_G) y / o fuentes ambientales o varianza ambiental (V_E), esta relación se puede resumir de la siguiente manera (Falconer y Mackay, 1996; Lynch y Walsh, 1998, citados por Byers, 2008):

$$V_P = V_G + V_E \quad [3]$$

Para la evaluación de la interacción genotipo ambiente se agregan a la ecuación 3 los términos correspondientes a la covarianza genotipo ambiente [$2Cov(G,E)$] y la interacción genotipo ambiente (V_{GE}) (Vilela, 2014) como se observa en la siguiente ecuación:

$$V_P = V_G + V_E + 2Cov_{(G,E)} + V_{GE} \quad [4]$$

Es importante recordar que los componentes de la varianza dependen de las frecuencias alélicas, por lo que cualquier valor que se obtenga solo es aplicable a la población en estudio (Vilela, 2014)

2.4.3. VARIANZA GENOTÍPICA

Las fuentes genéticas de variación se pueden dividir en: la varianza aditiva (V_a), la varianza de dominancia (V_d) y la varianza epistática (V_i). (Silva, *et al.*, 2018; Vilela, 2014; Falconer y Mackay, 1996; Lynch y Walsh, 1998, citados por Byers, 2008).

$$V_G = V_a + V_d + V_i \quad [5]$$

La varianza aditiva, define el nivel de heredabilidad en sentido estricto (h^2), que a su vez determina la fracción de la varianza total de un rasgo cuantitativo que es transmisible de generación en generación, semejanza entre parientes y la tasa de respuesta a corto plazo a la selección natural o artificial de la variación permanente (Huang y Mackay, 2016; Vilela, 2014; Oyervides *et al.*, 2006). Los componentes de varianza son por definición valores positivos (Oyervides *et al.*, 2006).

La varianza de dominancia se toma en cuenta que en un mismo locus pueden existir alelos con un tipo de acción de dominancia sobre otro alelo, se debe considerar que estos pueden ser de dominancia completa, sobredominancia, sin dominancia o codominancia, y finalmente la dominancia incompleta (Vilela, 2014). La varianza epistática, implica la variación de la interacción entre alelos; sin embargo, en este caso, los alelos están asociados con diferentes loci (Byers, (2008).

2.4.4. VARIANZA AMBIENTAL

La varianza ambiental engloba toda la variación de origen no genético, que puede ser originada por varios factores como climáticos, nutricionales, efecto materno (Falconer y Mackay, 2001); esta varianza puede ser tomada como error experimental que reduce la precisión de los estudios genéticos (Vilela, 2014; Falconer y Mackay, 2001).

Según Vilela (2014), menciona que la varianza ambiental se puede subdividir en varianza ambiental temporal (V_{ET}) y varianza ambiental permanente (V_{EP}) como se desglosa en la siguiente ecuación:

$$V_E = V_{ET} + V_{EP} \quad [6]$$

La varianza ambiental permanente afecta al rendimiento del animal durante toda su vida una vez que ocurren diversos efectos que se mantendrán de forma permanente en el animal y la varianza ambiental temporal son las variaciones de la producción que se dan dentro de un mismo individuo por las diferentes influencias del ambiente, que ocurren por temporadas como cambios alimentación, sanidad, etc. (Vilela, 2014).

2.4.5. VARIANZA DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO AMBIENTE

Según Byers (2008) y Cerón, *et al.* (2001) indican que la interacción genotipo-ambiente se define como la alteración del desempeño del genotipo medido en dos o más ambientes; este tipo de estudios son de mucha utilidad en programas de mejoramiento genético, pues existe la posibilidad de que los mejores genotipos en un ambiente no lo sean en otro.

2.5. PARÁMETROS GENÉTICOS

Los parámetros genéticos básicos con los cuales se establecen los programas de mejoramiento animal son: la heredabilidad, la repetibilidad y las correlaciones genéticas (Galeano y Manrique, 2010).

2.5.1. HEREDABILIDAD

La heredabilidad (h^2) es un parámetro genético propio de una población dada en un momento determinado, lo que quiere decir que esta varía entre poblaciones, y es importante para la definición de los métodos de selección y además estima la relación entre el genotipo y el fenotipo (Caiza, 2020; Larrea *et al.*, 2019; Silva *et al.*, 2018; Vilela, 2014; Galeano y Manrique, 2010). La heredabilidad tiene función predictiva, ya que suministra información sobre la cantidad a la cual un determinado carácter morfo-genético puede ser transmitido a sucesivas generaciones (Silva *et al.*, 2018).

Los valores de heredabilidad son mayores en poblaciones de animales originados de sistemas de apareamiento que aumentan la variación genética; si determinamos el valor de la heredabilidad para ese mismo carácter, en una

explotación muy consanguínea, donde la homocigosis es mayor, obtendremos un valor inferior, lo que resultará en menos variación genética y las diferencias fenotípicas entre individuos serán preponderantemente ambientales (Genghini *et al.*, 2002). Según Ríos *et al.* (2016), Martínez *et al.* (2006) y Da Gama *et al.* (2004), indican que a partir de los estimadores para la varianza fenotípica se estima la heredabilidad como sigue:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2} \quad [7]$$

Donde:

h^2 = Heredabilidad

σ_a^2 = Varianza aditiva

σ_p^2 = Varianza fenotípica

La función más importante de la heredabilidad en estudios genéticos de caracteres cuantitativos es su rol predictivo para indicar la confiabilidad del valor fenotípico como guía del valor reproductivo (Silva *et al.*, 2018). La heredabilidad es considerada como el parámetro principal para la selección, puesto que determina la cantidad de variación total encontrada en una característica que se atribuye al efecto directo de los genes (variación aditiva), es decir, a la herencia (Galeano y Manrique, 2010).

Al obtener la raíz cuadrada de h^2 , se tiene el valor h que representa la relación entre la desviación estándar aditiva sobre la desviación estándar fenotípica y representa la precisión o exactitud de la selección basada en el fenotipo de los individuos (Vilela, 2014). Caracteres con heredabilidad alta pueden fácilmente ser fijados por selección simple resultando en elevada ganancia genética; sin embargo, se ha señalado que esa heredabilidad sola no tiene uso práctico sin avance genético. (Silva *et al.*, 2018).

Si la población cambia en su composición genética con la selección, la heredabilidad también sufrirá cambios, su valor puede variar alterando tanto el numerador como el denominador; al disminuir la variancia ambiental, ya sea por

un mejor control de las condiciones del medio o por métodos biométricos, la heredabilidad aumentará (Genghini *et al.*, 2002). Gutiérrez (2010) indica que, aunque la heredabilidad de especies ni de caracteres ni de poblaciones, existen valores comunes en función del tipo de carácter, clasificando la heredabilidad en alta (h^2 mayor a 0.40), moderada (h^2 entre 0.15 y 0.40) y baja (h^2 menor que 0.15).

2.5.2. REPETIBILIDAD

Vilela (2014) indica que la repetibilidad (R) es una medida de la probabilidad para los animales que producen lo mismo que en períodos anteriores, cuando se les permitió repetir el carácter. La repetibilidad permite determinar la correlación que existe entre medidas repetibles de una misma característica en un mismo animal, teniendo en cuenta las condiciones ambientales constantes a través del tiempo (Galeano y Manrique, 2010; De Sousa, Rea, y Briceño, 2003); también se lo puede definir como el coeficiente de correlación intraclase (Senar, 1999).

La repetibilidad puede ser determinada para cualquier carácter para el cual los individuos tienen más de un registro de performance (Martínez, Pérez y Herazo, 2006). La repetibilidad es un indicador del grado en que la superioridad de un animal en una medida será observada en medidas subsiguientes del mismo animal dentro de su propia vida, mientras que la heredabilidad indica el grado en que la superioridad de los padres será observada en su descendencia (Genghini *et al.*, 2002).

Gutiérrez (2010), Martínez *et al.*, (2006) y Telo da Gama *et al.*, (2004) indican que la repetibilidad se calcula como:

$$R = \frac{\sigma_G^2 + \sigma_{Et}^2}{\sigma_p^2} \quad [8]$$

Donde:

R = Repetibilidad

σ_G^2 = Varianza genética

σ_{Et}^2 = Varianza de ambiente permanente

σ_p^2 = Varianza fenotípica

La repetibilidad no es una constante biológica, si no que depende de dos factores: el componente genético y el componente ambiental que afecta al fenotipo del carácter (Vilela, 2014). La repetibilidad marca el límite máximo que puede alcanzar la heredabilidad; esta relación entre repetibilidad y heredabilidad resulta de suma importancia práctica (Genghini *et al.*, 2002).

$$R \geq h^2 \quad [9]$$

2.5.3. CORRELACIÓN GENÉTICA

Vilela (2014) indica que la correlación genética se define como como la asociación que existe entre dos valores mejorantes o valores de cría de dos caracteres. La estimación del coeficiente de correlación genética es de gran importancia en el proceso de selección puesto que ofrece una visión acerca de la posible proporción de genes que causan simultáneamente variación, en dos o más caracteres independientes (Martínez *et al.*, 2006).

Según Telo da Gama *et al.* (2004) manifiesta que cuando se analiza más de dos caracteres simultáneamente, se expresará el modelo para ambos caracteres de la siguiente forma:

$$P_1 = G_1 + E_1 \quad y \quad P_2 = G_2 + E_2 \quad [10]$$

Donde:

P_1 y P_2 = Fenotipos de cada carácter

G_1 y G_2 = Genotipo de cada carácter

E_1 y E_2 = Ambiente de cada carácter

Entonces se puede estimar los componentes de la varianza para cada carácter, así como las covarianzas entre caracteres, posibilitando así definir las correlaciones fenotípicas (r_P), genéticas (r_a) y ambientales (r_e) entre los mismos, de acuerdo a las siguientes expresiones generales respectivamente:

$$r_p = \frac{\sigma_{P_{1,2}}}{\sqrt{\sigma_{P_1}^2 * \sigma_{P_2}^2}} \quad [11]$$

Donde:

r_p = Correlación fenotípica

$\sigma_{P_{1,2}}$ = Covarianza fenotípica entre ambos caracteres

$\sigma_{P_1}^2$ y $\sigma_{P_2}^2$ = Varianza fenotípica de cada carácter

$$r_a = \frac{\sigma_{a_{1,2}}}{\sqrt{\sigma_{a_1}^2 * \sigma_{a_2}^2}} \quad [12]$$

Donde:

r_a = Correlación genética aditiva

$\sigma_{a_{1,2}}$ = Covarianza genética aditiva entre ambos caracteres

$\sigma_{a_1}^2$ y $\sigma_{a_2}^2$ = Varianza genética aditiva de cada carácter

$$r_E = \frac{\sigma_{E_{1,2}}}{\sqrt{\sigma_{E_1}^2 * \sigma_{E_2}^2}} \quad [13]$$

Donde:

r_E = Correlación ambiental

$\sigma_{E_{1,2}}$ = Covarianza ambiental entre ambos caracteres

$\sigma_{E_1}^2$ y $\sigma_{E_2}^2$ = Varianza ambiental de cada carácter

Espita *et al.* (2005), argumentan que las correlaciones se han utilizado para realizar selección indirecta para una característica X, a través de otra Y, mucho más fácil de medir, identificar o de mayor heredabilidad permitiendo mayor progreso genético; permite calcular el cambio y pronosticar el nivel de respuesta correlacionada con la selección. La correlación genética (r_a) cuantifica el grado de asociación que existe entre dos características que se quieran mejorar, con base en la contribución común de los mismos genes (Galeano y Manrique, 2010).

2.6. EVALUACIÓN GENÉTICA

La evaluación genética es un proceso que permite obtener el valor genético de los animales para una o más características y así seleccionar como reproductores aquellos con mayor mérito genético (Martínez *et al.*, 2012). El mejoramiento genético se logra mediante la identificación de individuos genéticamente superiores que posteriormente son usados como padres de la siguiente generación, con base a la estimación precisa de su valor de cría que se seleccionan como reproductores (Meza *et al.*, 2017).

La estimación de los parámetros genéticos es una herramienta para lograr un diseño más eficiente en la evaluación genética de los rebaños y se convierte en una estrategia para una mejor utilización de la variación en la mejora genética (Aranguren *et al.*, 2007). Martínez *et al.* (2012) indican que entre los principales procedimientos para estimar parámetros genéticos se destacan los análisis de varianza (ANOVA) y el procedimiento REML/BLUP (Máxima verosimilitud restringida/Mejor predicción lineal insesgado), no obstante, el ANOVA no permite separar eficientemente los efectos genéticos de los ambientales.

El desarrollo teórico y la implementación de la metodología estadística de modelos lineales mixtos aplicada a la genética cuantitativa por parte de Henderson, permitió separar los efectos genéticos de los no genéticos, siendo la herramienta más confiable para la selección de sementales y vientres, y el grado de conectividad de los datos es uno de los factores que incide en la calidad de los resultados (Meza *et al.*, 2017 y Martínez *et al.*, 2012).

En poblaciones donde la selección y la deriva genética repercuten en las medias genéticas de los grupos contemporáneos, la predicción de valores genéticos puede ser sesgada si estos grupos están desconectados, disminuyendo la confiabilidad de sus comparaciones (Magaña *et al.*, 2012).

Un procedimiento adecuado de análisis y selección en experimentos de mejoramiento genético debe: (1) propiciar selección con base en valores genotípicos libres de efectos ambientales, y (2) considerar de forma adecuada el desbalance de los datos (Martínez *et al.*, 2006). Entre los métodos existentes para inferir los valores de cría de los animales, se encuentran el mejor predictor

lineal (BLP), la predicción insesgada lineal óptima (BLUP) basados en modelos mixtos, métodos basados en la verosimilitud y para respuestas categóricas, y los procedimientos bayesianos, entre otros (Meza *et al.*, 2017).

La metodología BLUP, es uno de los métodos más utilizados para predecir el valor genético de los animales de granja, la cual se basa en el uso de modelos matemáticos y procedimientos estadísticos que permiten estimar en forma simultánea los efectos genéticos y ambientales que producen la observación y a la vez, evalúa y estima los valores genéticos de padres, madres, descendientes y demás antecesores directos e indirectos, puesto que combina toda la información fenotípica y de parentesco, tanto por vía paterna como materna (Meza *et al.*, 2017).

Las técnicas adecuadas de evaluación genética envuelven, paralelamente, la predicción de valores genéticos y la estimación de componentes de varianza, por tanto, el procedimiento global que permite una completa evaluación del material en prueba es el procedimiento REML/ BLUP (Martínez *et al.*, 2012).

El éxito de la cría de animales depende, esencialmente, de la adopción de métodos de selección precisos, que exigen la predicción de los valores genéticos de los animales candidatos a la selección (Villela de Resende y Rosa, 1999). En la actualidad, muchas de las técnicas mencionadas son potenciadas con técnicas moleculares para asistir en la selección e identificación de individuos genéticamente superiores (Meza *et al.*, 2017).

2.6.1. MEJOR PREDICTOR LINEAL INSESGADO (BLUP)

Gutiérrez (2010) indica que BLUP son las siglas de (B)est (L)inear (U)nbiased (P)rediction; este método es empleado en la actualidad para valorar genéticamente prácticamente todas las poblaciones de animales a nivel mundial y presenta dos particularidades:

Posee la propiedad de insesgado, esta es la realidad de verdadera diferencia teórica con el BLP (Mejor Predictor Lineal), la propiedad de insesgado se logra utilizando los estimadores de los efectos fijos, lo que obliga a resolver

conjuntamente los efectos fijos y aleatorios de manera que unos sean tomados en cuenta al resolver los otros.

Utiliza toda la información de parentesco disponible para cada animal, además de proporcionar un valor genético para todos y cada uno de los animales presentes en el pedigrí, tenga o no tenga información, se llama modelo animal y se ha superado a otros modelos equivalentes de menor coste a medida que se ha incrementado la capacidad de los ordenadores. Dado el objetivo de la predicción es conocer el comportamiento de un individuo por su valor genético, y éste ha de ser medido en su rendimiento, hay que tomar en cuenta que el valor genético se expresará en determinadas condiciones no genéticas que modifican su valor (Gutiérrez, 2010).

El procedimiento para predecir valores genéticos BLUP fue desarrollado por Henderson en 1949 y presentado formalmente en 1973, a partir de 1990, con el desarrollo de la tecnología computacional, el BLUP asociado al modelo animal se convirtió en el procedimiento estándar para la evaluación genética animal (Villela de Resende y Rosa, 1999). El modelo animal permite que todas las relaciones genéticas entre los animales contribuyan a la conectividad de los datos, aunque la calidad de las evaluaciones genéticas depende de numerosos factores, en particular de la estructura de los datos y la confiabilidad de la comparación entre animales de diferentes grupos contemporáneos (Magaña *et al.*, 2013).

CAPÍTULO III. DESARROLLO METODOLÓGICO

3.1. UBICACIÓN

La presente investigación se realizó en la hacienda “La Victoria”, ubicada en el cantón General Antonio Elizalde (Bucay), Provincia de Guayas, situada en las coordenadas 2°12'21" Sur y 79°15'58" Oeste a 297 metros sobre el nivel del mar.

FUENTE: referenciado con GPS Garmin® 73.

3.1.1. CONDICIONES CLIMÁTICAS

Las condiciones climatológicas reportadas por la estación meteorológica más cercana al lugar de desarrollo de la investigación se describen en la tabla 3.1.

TABLA 3.1. Datos meteorológicos de la estación Milagro (M0037)

PARÁMETRO	VALOR
Precipitación media anual (mm/año)	122.70
Temperatura media (°C)	26.00
Evaporación potencial media mensual (mm)	89.10
Humedad relativa mensual (%)	82.00
Heliofanía efectiva mensual (horas)	62.60

FUENTE: INAMHI, Estación meteorológica Milagro (2020)

3.2. DURACIÓN

El presente trabajo tuvo una duración de 120 días, desde el 1 de mayo de 2021 hasta el 1 de septiembre de 2021.

3.3. MÉTODOS Y TÉCNICAS

3.3.1. MÉTODOS

Se consideró la información fenotípica y genealógica ingresada en el software Ganadero v.19 (2019) de 946 animales registrados entre los años 2005 y 2021 y se analizar en el software Microsoft Excel. Se aplicaron la metodología RELM (Máxima Verosimilitud Restringida) para estimación de componentes de la varianza con el software VCE v.6.0 (Groeneveld *et al.*, 2008) y para la predicción de los valores de cría se aplicó la metodología BLUP (Mejor Predictor Inssegado

Lineal) con el software MTDFRELM (Boldman *et al.*, 1995), se corrió el modelo animal multivariado para peso al nacimiento (PN) y peso ajustado a 205 días de edad (PD).

3.3.2. TÉCNICAS

Se aplicó la técnica observacional para la extracción de los datos del software Ganadero v.19 (2019) para revisar la genealogía y los registros de PN y PD, el mismo que permitió la construcción de las matrices para ingresar la información a los diferentes paquetes de análisis estadístico y de evaluación genética.

3.4. VARIABLES EN ESTUDIO

Peso al nacimiento (Kg)

Peso al destete ajustado a 205 días de edad (Kg)

3.5. PROCEDIMIENTOS

Se creó una matriz en Microsoft Excel que contenía La identificación del individuo, padre, madre, fecha de nacimiento, composición racial, peso al nacimiento en Kg y peso ajustado a los 205 días en Kg. La información se obtuvo del Software Ganadero v.19 (2019) que se utiliza en la explotación.

Las variables indicadas fueron previamente tomadas por personal de la explotación. El peso al nacimiento (PN) se tomaron al momento en que nace la cría en una balanza de campo, el mencionado peso fue registrado en una nueva tarjeta de identificación o fichero y se ingresó la información correspondiente al Software Ganadero v.19 (2019). El peso al destete ajustado a los 205 días (PD) fue tomado al momento del destete de las crías que han cumplido alrededor de 5 meses de edad en una báscula y se registró en la ficha individual que se generó al momento de ingresar por nacimiento a la explotación y se ingresan los datos al Software Ganadero v.19 (2019), el cuál ajusta automáticamente los pesos a 205 días y considera el peso al nacimiento y edad al destete en días de la cría en el cálculo.

Una vez recabada la información genealógica y fenotípica de PN y PD que se encontró ingresada en el Software Ganadero v.19 (2019), se ordenó y tabuló la información en el software Microsoft Excel v. 2019. Después se redactó la

tabulación según los requerimientos de los programas, se procedió a transformar la información a archivo de texto con extensión prn, este archivo se subió al software VCE v. 6.0 (Groeneveld *et al.*, 2008) para la obtención de los diferentes componentes de la varianza fenotípica.

Obtenidos los estimados de los componentes de la varianza fenotípica se volvió a subir la información previamente transformada a formato de archivo de texto con extensión txt incluidos los valores estimados de los componentes de la varianza fenotípica para la obtención de los valores predichos de cría en el software MTDRELM (Boldman *et al.*, 1995). La información obtenida se realizó el respectivo análisis estadístico y genético.

3.6. TÉCNICAS ESTADÍSTICAS

Con la información ingresada en el programa Microsoft Excel se procedió a ingresar la información en el paquete estadístico SAS v9.4 (2013) en el que se aplicó el procedimiento PROC MEAN para obtener los estadísticos descriptivos de número de datos, promedio, desviación estándar, valor mínimo y máximo. Para el análisis de la varianza de los efectos fijos de los grupos contemporáneos (año de nacimiento y composición racial,) y aleatorios (animal) que intervienen las variables de PN y PD, se aplicó el procedimiento PROC GLM con el siguiente modelo estadístico:

$$Y_{ijkl} = \mu + A_i + B_j + C_k + e_{ijkl} \quad [14]$$

Donde:

Y_{ijkl} = Variable en estudio (PN y PD)

μ = Promedio general de la variable en estudio (PN y PD)

A_i = Efecto del i-ésimo animal.

B_j = Efecto del j-ésimo año de nacimiento.

C_k = Efecto de la k-ésima composición racial.

e_{ijkl} = Efecto residual.

En los casos que existirá diferencia significativa entre los efectos fijos y aleatorios que se analizaron, se procedió a realizar una prueba de separación de media con el test de Duncan tal como lo propusieron Larrea *et al.* (2020).

Los análisis genéticos estadísticos para las variables PN y PD, para la obtención a nivel poblacional de los estimadores de los componentes de la varianza y heredabilidad y a nivel individual de los animales en la predicción de los valores de cría a través del BLUP con un modelo animal, se consideraron los efectos fijos de los grupos contemporáneos (composición racial, sexo y año de nacimiento) y aleatorios (animal), a los que se aplicó el siguiente modelo animal bi-carácter:

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \quad [15]$$

Y_1, Y_2 = Vector de los registros de PN (Y_1) y PD (Y_2).

b_1, b_2 = Vector de los efectos fijos incluyendo los grupos contemporáneos definidos por la combinación de composición racial, sexo, año de nacimiento para cada carácter.

a_1, a_2 = Vector de los efectos aleatorios genéticos aditivos directos para cada carácter.

X_1, X_2 = Matrices de incidencia que relacionan las observaciones Y_1 y Y_2 con los respectivos efectos fijos.

Z_1, Z_2 = Matrices de incidencia que relacionan las observaciones Y_1 y Y_2 con los respectivos efectos genéticos aditivos.

e_1, e_2 = Vector de residuales aleatorios.

CAPÍTULO IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se analizaron 946 registros de bovinos macho y hembra de diferente composición racial con base Brahman nacidos entre los años 2005 y 2021 identificados dentro de la hacienda “La Victoria” en el cantón Bucay, provincia del Guayas. Se encontró información de 879 hembras y 67 machos; cabe recalcar que los machos solo son los padres de los animales evaluados, por lo que no se contó con PN y PD de estos, ya que el centro productivo bovino usa inseminación artificial.

La población analizada presentó un PN promedio de 37.64 (± 2.35) Kg con un rango entre 32 y 45 Kg en 351 registros y para PD con una media de 195.09 (± 30.12) Kg con un rango entre 122 y 300 Kg con 314 registros; es importante destacar que a pesar de que la evaluación se realizó con los animales registrados desde 2005, no se contó con registros de PN y PD hasta 2011, sin embargo, fue importante considerarlos en la genealogía para poder calcular los parámetros genéticos y estimar los valores de cría para cada variable en estudio (Tabla 4.1.).

TABLA 4.1. Componentes de la varianza y parámetros genéticos estimados para pesos al nacimiento y al destete

ITEM	PN	PD
Promedio \pm Desviación estándar (Kg)	37.64 \pm 2.35	195.09 \pm 30.12
Coefficiente de variación (%)	6.23	15.44
Mínimo (Kg)	32	122
Máximo (Kg)	45	300
Número de animales	946	946
Número de machos	67	67
Número de hembras	879	879
Número de registros	351	314

PN = Peso al nacimiento; PD = Peso al destete

4.1. EVALUACIÓN DE LOS EFECTOS FIJOS

Al analizar los efectos fijos para el PN, se encontró diferencia altamente significativa para el grupo contemporáneo de año de nacimiento ($p < 0.01$). Los

promedios más bajos en el rango anual entre 2013 a 2017 con que van de 36.42 (± 1.63) a 37.78 (± 2.17) Kg, los cuales difieren estadísticamente de los mayores PN que correspondieron a los años 2012, 2018, 2020 y 2021 con 38.48 (± 2.67), 39.80 (± 2.35), 38.81 (± 2.44) y 39.06 (± 2.97) Kg en su orden como se observa en la figura 4.1.



Figura 4.1. Promedio de peso al nacimiento y peso al destete por año de nacimiento.

Promedios cubiertos por la misma barra no son significativamente diferentes ($p > 0.05$).

En cuanto al PD, también se observó diferencia altamente significativa ($p < 0.01$) al analizar por año de nacimiento, la población nacida en 2019 difiere de los demás grupos contemporáneos con un promedio de 250.29 (± 23.63) Kg, mientras que los grupos que tuvieron menor rendimiento correspondió a los animales que nacieron en 2013 con 173.44 (± 20.25) Kg, 2016 con 180.20 (± 22.31) Kg, 2020 con 175.22 (± 21.41) Kg y 2021 con 176.00 (± 17.85) Kg (Figura 4.1), por lo que se asume el efecto de la pandemia por COVID-19 afecto sobre la mano de obra para la realización de las actividades de campo atribuido

a que los empleados estaban infectados y aislados en cuarentena (Solórzano y Benítez, 2021).

Se encontró 14 composiciones raciales, estaban constituidas por las razas Angus (ANG), Brahman (BRA), Charolise (CHA), Simental (SIM), Holstein (HOL) y Gyr (GYR) en diferente proporción que bien constituyeron la población ancestral y la población evaluada. Para el análisis del PN y PD se observaron seis composiciones raciales respectivamente, los cuales correspondieron a los animales analizados y que registraron estas variables en el software de la explotación (Figura 4.2.).

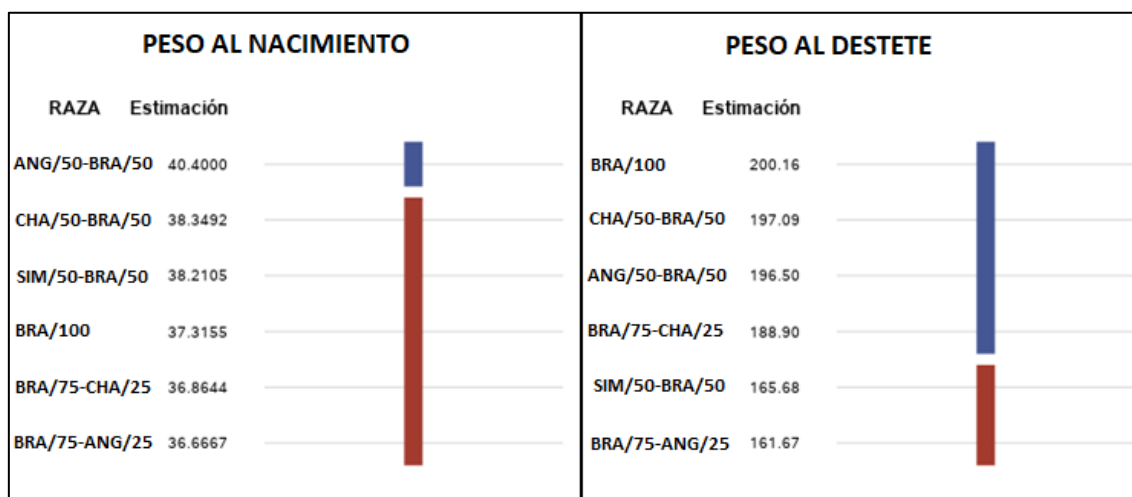


Figura 4.2. Promedio de peso al nacimiento y peso al destete por composición racial.

ANG = Angus; BRA = Brahman; CHA = Charolise; SIM = Simental

Promedios cubiertos por la misma barra no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Para el PN se encontró diferencia altamente significativa ($p < 0.01$) al comparar los promedios por composición racial y se observa con mayor PN los animales de mestizaje ANG/50-BRA/50 con 40.40 (± 2.37) Kg, el mismo que difiere estadísticamente con los demás grupos contemporáneos en el estudio; sin embargo, los animales con PN más bajo fueron BRA/75-ANG/25 que presentaron una media de 36.67 (± 2.08). Para el PD por composición racial se encontró diferencia significativa ($p = 0.0301$) entre los grupos raciales y se observó que los animales BRA/75-ANG/25 y BRA/50-SIM/50 difirieron

estadísticamente de los demás grupos contemporáneos con 161.67 (± 24.01) y 165.68 (± 13.25) Kg respectivamente y se destacaron los animales de raza BRA/100 con 200.16 (± 30.01) Kg (Figura 4.2).

Hernández *et al.*, (2015) reportaron que las fuentes de variación tanto para PN como para PD presentaron diferencias significativas ($p < 0.05$). Una vez realizado el análisis de los efectos fijos, se consideraron el año al nacimiento y la composición racial tanto para el PN como para el PD resultaron tener diferencia significativa entre los grupos, lo que sugiere la importancia de estos efectos para la optimización del modelo genético (Rodríguez, 2004).

4.2. COMPONENTES DE LA VARIANZA

En la tabla 4.2 se observa los valores de los componentes de la varianza fenotípica para PN, los cuales se descomponen en varianza genética aditiva directa (σ^2_a) con 0.649, varianza del error (σ^2_e) con 4.105, varianza fenotípica (σ^2_p) con 4.754. En los componentes de la varianza para PD se observó una σ^2_a de 261.061, σ^2_e de 414.463, σ^2_p de 675.524 (Tabla 4.2).

TABLA 4.2. Componentes de la varianza y parámetros genéticos estimados para pesos al nacimiento y al destete

Parámetro	PN	PD
σ^2_a	0.649	261.061
σ^2_e	4.105	414.463
σ^2_p	4.754	675.524
$h^2_a \pm ee$	0.137 \pm 0.209	0.386 \pm 0.177
σg_{PN-PD}		-2.354
$r g_{PN-PD}$		-0.181

PN = Peso al nacimiento; PD = Peso al destete; σ^2_a = Varianza genética aditiva directa; σ^2_e = Varianza del error; σ^2_p = Varianza fenotípica; h^2_a = Heredabilidad directa; ee = Error estándar; σg_{PN-PD} = Covarianza genética entre PN y PD; $r g_{PN-PD}$ = Correlación genética entre PN y PD.

En la etapa de predestete, los animales tienen la tasa de crecimiento más alta de toda su vida, es una medida del potencial de crecimiento de la cría dado los efectos genéticos aditivos directos y de las cualidades de la madre a través

aspectos fisiológicos y etológico, así como la producción de leche, definidos como efectos genéticos aditivos maternos (Rodríguez *et al.*, 2019). Una r_{am} alta y negativa se debe al reducido número de descendientes por hembra y por la poca información disponible de la hembra, lo cual es resultado de la estructura de la información y no de una relación negativa real como es el caso del PN (Manzanilla *et al.*, 2012).

Rodríguez *et al.* (2019) explica que en los modelos para analizar el peso al destete generalmente se incluyen los efectos genéticos directos y maternos, y la correlación genética entre ambos efectos; con estimaciones negativas e intermedias, positivas o nulas. Sin embargo, cuando la correlación genética es negativa y cercana a la unidad, expresa un antagonismo entre ambos efectos, con posibles repercusiones en la selección con base en valores genéticos o de cría (Rodríguez *et al.*, 2019; Galeano y Manrique, 2010).

Otras causas de este antagonismo entre los efectos genéticos directos y maternos pueden ser los datos de campo donde se pierde la conexión entre la identificación del animal cuando se desteta y cuando es madre, esta correlación tiende a ser negativa en dependencia del porcentaje de pérdida de la información (Guillén *et al.*, 2012). Con esta información se evidencia la imposibilidad de calcular los efectos maternos, ya que se contaron con pocos datos de PN y PD de las madres de la población evaluada ya que el número de registros de estos caracteres es menos del 50% en comparación los registros de las madres (Tabla 4.1.).

4.3. HEREDABILIDAD Y CORRELACIÓN GENÉTICA

En la tabla 4.2 se puede ver que la heredabilidad directa (h^2_a) para el PN en este estudio fue de 0.137 (± 0.209) inferior a lo reportado en Brahman en México con 0.41 (Estrada *et al.*, 2014), Brahman en Bangladesh con 0.87 (Mahbubul, *et al.*, 2020) y Brahman en Botswana con 0.57 (Rakwadi *et al.*, 2014), Tuli en Zimbabwe con 0.25 (Assan, 2012), Brangus en Sudáfrica con 0.21 (Neser *et al.*, 2012), Nelore en Brasil con 0.25 (Chud *et al.*, 2014), Angus en Estados Unidos con 0.34 (Ahlberg *et al.*, 2016), Browns Swiss en México con 0.21 (Segura *et al.* 2012), Bonsmara con 0.36 y Tuli 0.21 en Botswana (Rakwadi *et al.*, 2014), Hanwoo en Corea con 0.22 (López *et al.*, 2019).

Para el PD se encontró una h^2_a de 0.387 ± 0.177 (Tabla 4.2), la misma que es similar al Tuli de Botswana con 0.36 (Rakwadi *et al.*, 2014), superior a los valores reportados para cruces multirraciales de ganado de carne en Colombia con 0.27 (Vergara *et al.*, 2014), Brahman en Tailandia con 0.28 (Kamprasert *et al.*, 2019), Brahman de Bangladesh con 0.33 (Mahbubul *et al.*, 2020), Brangus de Sudáfrica con 0.23 (Neser *et al.*, 2012), Nelore en Brasil con 0.28 (Chud *et al.*, 2014), Brahman en Brasil con 0.11 (Vargas *et al.*, 2014) y cruce composición multiracial con base Brahman en Manabí con 0.13 (Larrea *et al.*, 2019). La h^2_a en esta investigación es inferior a los resultados indicados en Brahman en México con 0.43 (Estrada-León *et al.*, 2014), Brahman en Colombia con 0.47 (Martínez *et al.*, 2016), Brown Swiss en México con 0.40 (Segura-Correa *et al.*, 2011), Bonsmara y Brahman con 0.69 y 0.53 respectivamente en Botswana (Rakwadi *et al.*, 2014) y Hanwoo en Corea del Sur con 0.51 (López *et al.*, 2020).

La correlación genética entre PN y PD ($r_{g\text{ PN-PD}}$) fue de -0.181, la misma que es superior al valor reportado en Brahman en Colombia con -0.2 (Montes *et al.*, 2008) e inferior a los valores encontrado en Brahman en Bangladesh con 0.16 (Mahbubul *et al.*, 2020), en Brahman en México con 0.77 (Estrada *et al.*, 2014), Brangus en Sudáfrica con 0.78 (Neser *et al.*, 2012), Nelore en Brasil con 0.36 (Chud *et al.*, 2014), Brown Swiss en México con 0.36 (Segura *et al.*, 2011) y Brahman comercial en Colombia con 0.11 (Bedoya *et al.*, 2019). Para cualquier programa de mejoramiento genético es necesario evaluar el grado de correlación entre características, ya que estas determinan la relación existente entre ellas, indicando de cierto modo el grado de asociación genética en dos o más caracteres (Montes *et al.*, 2008); por lo tanto, el valor de correlación genética encontrado en este estudio indica que al mejorar el peso al nacer se afectará levemente el peso al destete.

4.4. MÉRITO GENÉTICO

Como se observa en la tabla 4.3, la mayor frecuencia en el PN y en PD son los animales con valores de diferencia esperada de la progenie (DEP) negativo, por lo que se asume que puede ser por efecto de la falta de información de las madres y la nula información de los padres con respecto a estos caracteres, para lo cual se debe realizar una adecuada selección de los animales en función del

mérito genético individual y para cada carácter. Considerando lo indicado, al hacer una selección progresiva permitirá de los animales con DEP positivos y con mayor valor aumenten la expresión de los caracteres de importancia económica y con esto el aumento de la eficiencia del sistema de producción de carne (Ossa *et al.*, 2008)

TABLA 4.3. Frecuencia de las diferencias esperadas de la progenie

Diferencia Esperada de la Progenie	Peso al nacimiento		Peso al destete	
	n	%	n	%
Positivo (>0)	345	36.47	313	33.09
Con valor cero	95	10.04	95	10.04
Negativo (<0)	506	53.49	538	56.87

n =Número de animales; % = Porcentaje de la población

En cuanto a las tendencias genéticas tanto para el PN y el PD, se mostraron positivas y cercanas a cero con 0.029 Kg ($R^2=0.000$) y 3.751 Kg ($R^2=0.149$) respectivamente como se observan en las figuras 4.3 y 4.4; sin embargo, los coeficientes de correlación (R^2) no pueden explicar las variaciones de cada uno de los caracteres, similar a lo reportado por Ossa *et al.* (2008), quien concluye que no ha existido progreso genético. Los promedios de los valores genéticos observados por año es muy variable, la misma que puede ser causada probablemente por cambios climáticos y de régimen de lluvias que se presentó en la explotación, los cuales influyeron directamente en el estado de bienestar de los animales e indirectamente afectaron la disponibilidad y calidad del forraje que consumió la madre durante el último tercio de la gestación, etapa en donde tiene lugar la mayor tasa de crecimiento del feto y, consecuentemente, una mayor exigencia de nutrientes por parte de la madre (Martínez *et al.*, 2006)

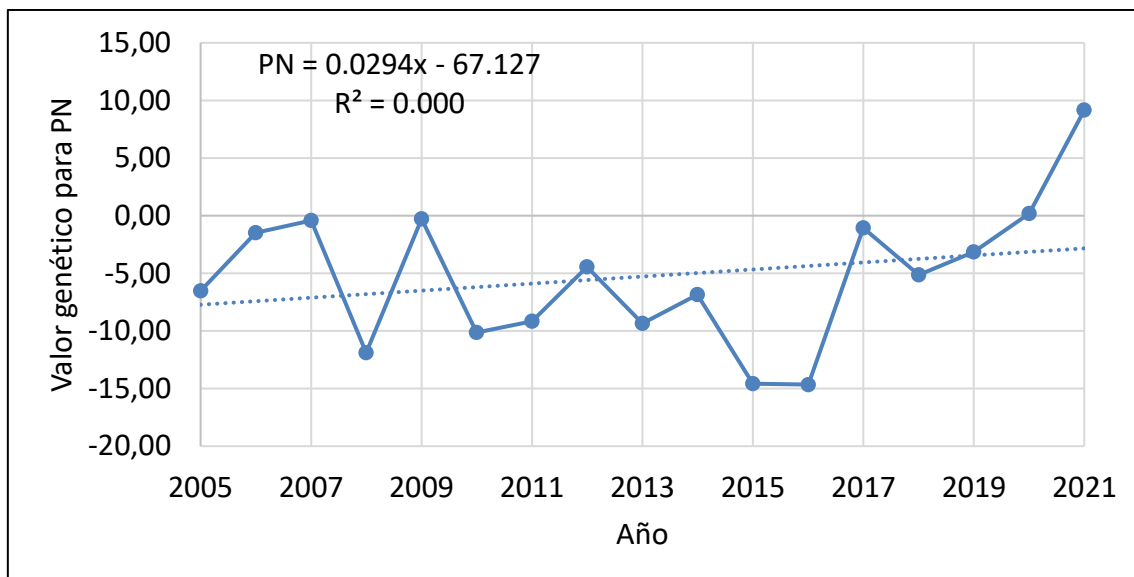


Figura 4.3. Tendencia genética del peso al nacimiento por año.

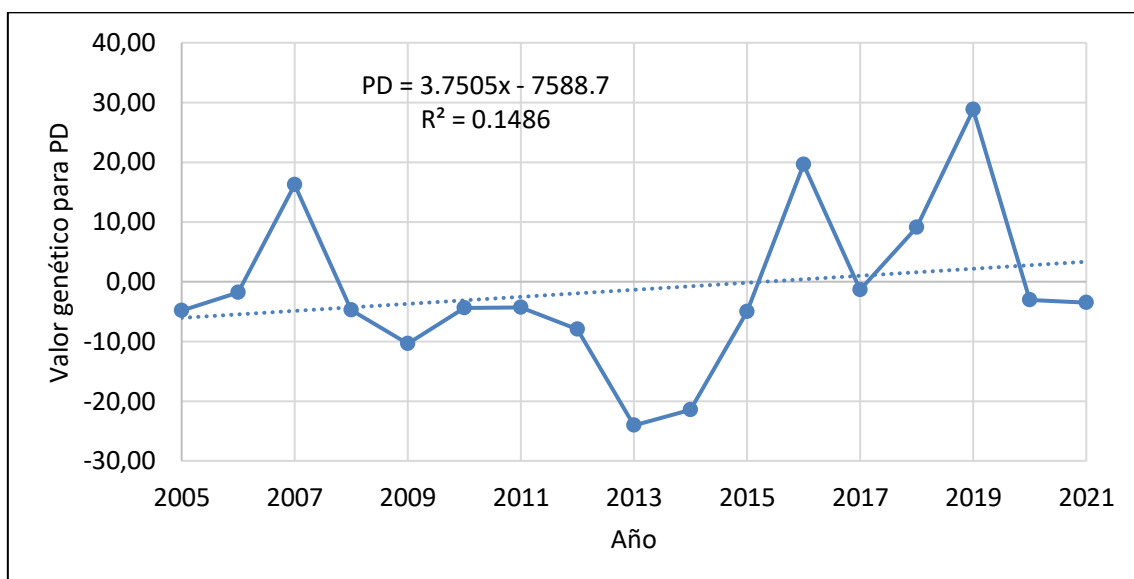


Figura 4.4. Tendencia genética del peso al destete por año.

En la figura 4.5. se observa en la tendencia genética por raza, donde se nota que la composición racial de 75% Brahman (BRA) y 25% de Charolise (CHA) presentaron un muy bajo desempeño en el PN, mientras que en PD es desempeño fue mucho mayor en comparación con las demás composiciones raciales, seguido con el mismo comportamiento por el cruce 50% BRA y 50% Simmental (SIM). Se puede asumir que el desempeño de los mestizos es superior al BRA puro, ya que existe un efecto de heterosis (Larrea *et al.*, 2019) lo cual es recomendado en este sistema de producción a la hora de plantear los

apareamientos con el fin de aprovechar la heterosis sobre estas características (Vergara *et al.*, 2014).

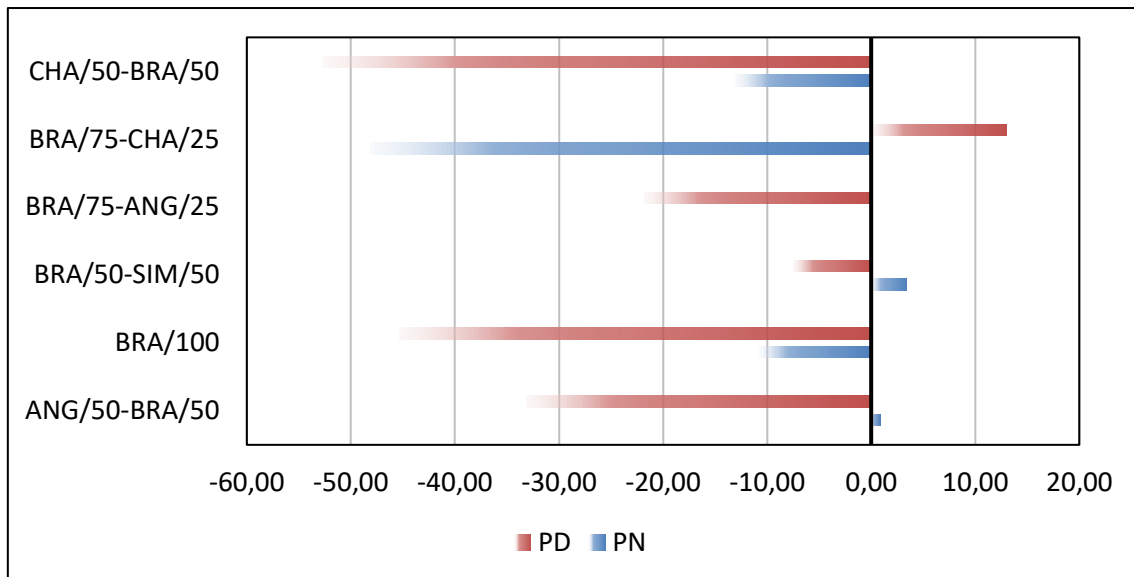


Figura 4.5. Tendencia genética de peso al nacimiento y al destete por composición racial.

ANG = Angus; BRA = Brahman; CHA = Charolise; SIM = Simental

Martínez *et al.* (2006) menciona que generalmente se ha reportado para el Trópico, la variación fenotípica se debe en alta proporción a efectos ambientales más que a efectos genéticos por lo que coincide con la conclusión de Vergara-Garay *et al.* (2014), que indica que los animales puro Cebú o con altas proporciones de Cebú tiene mayor capacidad de crecimiento que en otras razas, lo que concuerda con este estudio a excepción del caso del BRA puro.

CAPÍTULO V. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

5.1. CONCLUSIONES

Existe variabilidad en los efectos fijos por año y por composición racial, lo cual es normal en función de las condiciones climáticas y de disposición forrajera en la explotación, por lo que es importante una adecuada selección de los animales con mejor desempeño productivo y que tengan una alta diferencia esperada de la progenie en el peso al destete, ya que se consideran como animales adaptados al medio.

La heredabilidad encontrada para el peso al nacimiento es baja lo que indica que hay un alto efecto ambiental sobre este carácter, mientras que en el peso al destete la heredabilidad fue media, por lo que se puede considerar que al seleccionar por esta característica el progreso genético será mayor, sin embargo, no hay que descuidar en que se mejoren los pesos al nacimiento sin afectar a los partos por crías muy pesadas.

El bajo porcentaje de animales con mérito genético positivo se debió a la mala calidad de la información, ya que muchas madres no contaban con información de sus pesos al nacimiento y al destete y a la vez no se reportaron pesos de sus crías macho para hacer una evaluación más eficiente y considerar el efecto del sexo sobre las características económicas evaluadas.

Los animales que tienen un alto porcentaje de cruces con Brahman tuvieron un mejor desempeño sobre la raza pura en general, por lo que es importante aprovechar el efecto de la heterosis en la explotación para mejorar el desempeño productivo y de adaptación al medio a través de una adecuada selección de los animales reproductores.

5.2. RECOMENDACIONES

Considerar, para futuras evaluaciones el uso de una mayor cantidad de registros, e incluir los pesos al nacer de los machos para realizar una evaluación genética más completa y que permita una eficiente selección de los futuros reproductores dentro de la explotación.

Incrementar en los registros, más variables de estudio que permitan observar el desempeño en otros caracteres de importancia económica para una eficiente evaluación genética.

Realizar un adecuado esquema de apareamiento, con la consideración de los animales con valores de cría más altos para PD, y procurar que los pesos al nacimiento no sean muy bajos para que en un futuro cercano no exista antagonismo como se demostró con la correlación genética negativa.

Mejorar el sistema de manejo en la explotación para que exista un ambiente adecuado de confort, especialmente de alimentación y permita que lo animales expresen todo su potencial genético para futuras evaluaciones.

BIBLIOGRAFÍA

- Acebo-Plaza, M. (2016). *Industria Ganadera de Carne*. Escuela Superior Politécnica del Litoral. <https://www.espae.espol.edu.ec/wp-content/uploads/2016/12/industriaganaderia.pdf>
- Ahlberg, C.M. Kuehn, L.A. Thallman, R.M. Kachman, S.D. Snelling W.M. y Spangler, M.L. (2016). Breed effects and genetic parameter estimates for calving difficulty and birth weight in a multibreed population. *J Anim Sci.* 94(5):1857-1864. doi: 10.2527/jas.2015-0161. PMID: 27285683.
- Asociación Argentina de Angus. (20 de noviembre de 2020). *La raza Angus* [Archivo PDF]. Sitio Argentino de Producción Animal. http://www.produccion-animal.com.ar/informacion_tecnica/raza_angus/13-la_raza.pdf
- Alvarado-Solano, M. (2016). Efecto de la castración animal, la calidad del animal in vivo, y el rendimiento post mortem de las Brahmam, Brangus (Negro) y el cruce Wagyu-Charbray, en un sistema estabulado en Guápiles, Pococí, Limón. [Tesis de grado, Universidad de Costa Rica]. <http://repositorio.sibdi.ucr.ac.cr:8080/jspui/bitstream/123456789/4388/1/41397.pdf>
- Aranguren-Méndez, J. Román-Bravo, R. Villasmil-Ontiveros, Y. y Yáñez-Cuellar, F. (2007). Evaluación genética de la ganadería mestiza de doble propósito en Venezuela. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 15(1), 241-250. <http://www.bioline.org.br/pdf?la07061>
- Assan, N. (2012). Genetic parameters estimation and trends for birth weight in cattle. *J Anim Sci Adv.* 2(Supple 3.1): 274-281. https://www.academia.edu/39111824/Genetic_Parameters_Estimation_and_Trends_for_Birth_Weight_in_Cattle
- Barrera, G.P. Martínez, R. y Ariza, M.F. (2006). Identificación de ADN mitocondrial *Bos taurus* en poblaciones de ganado Cebú Brahman colombiano. *Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 7(2), 21-24. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=5624687>
- Byers, D.L. (2008) Components of phenotypic variance. *Nature Education* 1(1). https://www.researchgate.net/profile/Diane-Byers/publication/285705980_Components_of_phenotypic_variance/links/5ad89eb0aca272fdaf80b835/Components-of-phenotypic-variance.pdf
- Caiza-Jácome, J.E. (2020). *Evaluación genética de la eficiencia de producción de leche de dos hatos en las parroquias de Guaitacama y San Buenaventura*. [Tesis de grado, Universidad Técnica de Cotopaxi]. <http://repositorio.utc.edu.ec/bitstream/27000/7009/1/PC-000978.pdf>

- Calderón, L. (2007). Mejoramiento genético del ganado Brangus. *CienciaUAT*, 2 (1), 20-23. <https://www.redalyc.org/pdf/4419/441942909011.pdf>
- Cardenillo, R. y Rovira, J. (1987). *Mejoramiento genético animal*. Editorial Agropecuaria Hemisferio Sur. S.R.L.
- Carrizo, C. A. (2015). *Factores que contribuyen a explicar las tasas de preñez en vacunos de las razas Brangus y Brahman*. [Trabajo Final, Universidad Nacional de Córdoba]. <https://rdu.unc.edu.ar/handle/11086/4208>
- Castillo, M.J. y Carpio, C. E. (2017). *Beef Quality Perceptions and Preferences in Ecuador*, 2017 Annual Meeting, July 30-August 1, Chicago, Illinois 258241, Agricultural and Applied Economics Association. <https://ideas.repec.org/p/ags/aaea17/258241.html>
- Cerón-Muñoz, M.F. Tonhati, H. Costa, C. y Benavides, F. (2001). Interacción genotipo ambiente en ganado Holstein colombiano. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 9(2), 74-78. https://www.researchgate.net/publication/273140687_Interaccion_genotipo-ambiente_en_ganado_Holstein_colombiano_Genotype_and_environment_interaction_in_Colombian_Holstein_cattle
- Chud, T.C.S. Caetano, S.L. Buzanskas, M.E. Grossi, D.A. Guidolin, D.G.F. Nascimento, G.B. Rosa, J.O. Lôbo, R.B. y Munari D.P. (2014). Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight, and accumulated productivity in Nellore beef cattle. *Livest Sci.* 170: 16-21. doi: 10.1016/j.livsci.- 2014.09.024
- De Sousa, O., Rea, R. y Briceño, R. (2003). Uso de la repetibilidad clonal en la selección de ambientes en ensayos regionales de variedades de caña de azúcar en los estados Lara y Yaracuy. *Bioagro*, 15(2), 77-82. http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1316-33612003000200001&lng=es&tlng=es
- Delgadillo Calvillo, A.C. López Ordaz, R. Montaldo, H.H. Berruecos Villalobos, J.M. Luna, A.A. y Vásquez Peláez, C.G. (2008). Componentes de varianza genéticos, directos y maternos para características de crecimiento en ciervo rojo (*Cervus elaphus scoticus*). *Vet. Mex.* 39(3), 237-245. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0301-50922008000300001
- Domínguez Viveros, J. Rodríguez Almeida, F. A. Ortega Gutiérrez, J. A. y Flores Mariñelarena, A. (2009). Selección de modelos, parámetros genéticos y tendencias genéticas en las evaluaciones genéticas nacionales de bovinos Brangus y Salers. *Agrociencia*, 43(2), 107-117. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1405-31952009000200003&lng=es&tlng=es.

- Encuesta de Superficie y Producción Agropecuaria Continua, [ESPAC]. (2020). *Estadísticas agropecuarias*. <https://www.ecuadorencifras.gob.ec/estadisticas-agropecuarias-2/>
- Espitia-Camacho, M. Vallejo-Cabrera, F.A. y Baena-García, D. (2005). Correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales en Cucurbita moschata Duch. Ex Poir. *Acta Agronómica*, 54 (1). <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=1699/169920336001>
- Estrada-León, R.J. Magaña-Monforte, J.G. y Segura-Correa, J.C. (2004). Estimation of genetic parameters for preweaning growth traits of Brahman cattle in Southeastern Mexico. *Trop Anim Health Prod.* (46): 771-776. DOI 10.1007/s11250-014-0563-z
- Galeano, A.P. Manrique, C. (2010). Estimación de parámetros genéticos para características productivas y reproductivas en los sistemas de doble propósito del trópico bajo colombiano. *Rev. Med. Vet. Zoot.* 57, 119-131. <http://www.scielo.org.co/pdf/rfmvz/v57n2/v57n2a04.pdf>
- Genghini, R. Bonvillani, A. Wittouck, P. y Echevarría, A. *Introducción al mejoramiento animal. Cursos de introducción a la producción animal* (pp. 1-26). Universidad Nacional de Río Cuarto. http://www.produccion-animal.com.ar/genetica_seleccion_cruzamientos/genetica_en_general/05-introduccion_al_mejoramiento_animal.pdf
- Gonzales, K. (10 de julio de 2016). Raza de Ganado Brahman. *Zootecnia y Veterinaria es mi pasión*. https://zoovetesmipasion.com/ganaderia/razas-bovina/la-raza-de-ganado-brahman/#raza_de_ganado_brahman
- Guillén-Trujillo, Guerra-Iglesias, Ávila-Serrano, Palacios-Espinosa, Ortega-Pérez y Espinoza-Villavicencio, (2012). Parámetros y tendencias genéticas del peso al destete y a los 18 meses de edad en ganado Cebú bermejo de Cuba. *Rev Mex Cienc Pecu.* 3(1): 19-31. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-11242012000100002
- Gutiérrez, J.P. (2010). *Iniciación a la valoración genética animal. Metodología adaptada al EEES*. Editorial Complutense.
- Haro-Oñate, R. (2003). *I Informe sobre recursos zoogenéticos: Ecuador*. <http://www.fao.org/tempref/docrep/fao/010/a1250e/annexes/CountryReports/Ecuador.pdf>
- Hernández-Hernández, N. Martínez- González, J. Parra-Bracamonte, G. Ibarra-Hinojosa, M. Briones-Encinia, F. Saldaña-Campos, P. y Ortega-Rivas, E. (2015). Non-genetic effects on growth characteristics of Brahman cattle. *Rev.MVZ Cordoba.* 20 (1). http://www.scielo.org.co/scielo.php?pid=S0122-02682015000100005&script=sci_arttext&tlng=en

- Herrera-Conegliano, O.A. (2018). *Comportamiento en pastoreo del ganado bovino Criollo Argentino y Aberdeen Angus ecotipo Riojano, en pastizales naturales del Chaco Arido*. [Tesis Magister scientiae, Universidad Nacional de Mar del Plata]. <https://repositorio.inta.gob.ar/handle/20.500.12123/7109>
- Huang, W. Mackay, T. F. C. (2016) The Genetic Architecture of Quantitative Traits Cannot Be Inferred from Variance Component Analysis. *PLoS Genet.* 12(11), e1006421. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1006421>
- Jaramillo, D., Jaramillo, M., Restrepo, L. y Saglimbeni, S. (2014). *Ceba de ganado angus en trópico alto con pasto kikuyo (Pennisetum clandestinum Exchiov)*. [Tesis de grado, Universidad CES Colombia]. <http://ns3112306.ip-213-251-184.eu/handle/10946/1775>
- Jaramillo, D. (2021). Origen y explotación de la raza brahman. *Ganados y Praderas.* 5(28), 5-7. <http://www.sidalc.net/cgi-bin/wxis.exe/?IscScript=bac.xis&method=post&formato=2&cantidad=1&expresion=mfn=043063>
- Kamprasert, N. Duijvesteijn, N. y Van-der-Werf, J.H. (2019). Estimation of genetics parameters for BW and body measurements in Brahman cattle. *Animal.* 13(8): 1576-1582. doi:10.1017/S1751731118003348
- Larios-Sarabia, N. Ramírez-Valverde, R. Núñez-Domínguez, R. García-Muñiz, J. y Ruiz-Flores, A. (2020). Impacto de las evaluaciones genéticas en las tendencias genéticas de bovinos Jersey y Suizo Americano en México. *Nova Scientia.* 12(1), 1-24. <https://doi.org/10.21640/ns.v12i24.2305>
- Larrea-Izurieta, C., Vera-Loor, L., Cedeño-Pozo, J., Maingón-Navia, R., Zambrano-Pinargote, L., y Condo-Plaza, L. (2019). Diferencia esperada de progenie para peso al destete en selección de vaquillas mestizas en Manabí. *Revista MVZ Córdoba,* 24(2), 7193-7197. <https://doi.org/10.21897/rmvz.1293>
- López, B.I. Son, J. Seo, K. y Lim, D. (2019). Estimation of genetics parameters for reproductive traits in Hanwoo (korean cattle). *Animals.* 9(10): 1-7. <https://doi.org/10.3390/ani9100715>
- Magaña-Magaña, M.A. Leyva-Morales, C.E. Alonzo-Solís, J.F. y Leyva-Pech, C.G. (2020). Indicadores de competitividad de la carne bovina de México en el mercado mundial. *Revista mexicana de ciencias pecuarias,* 11(3), 669-685. *Rev Mex Cienc Pecu.* <https://doi.org/10.22319/rmcp.v11i3.5798>
- Magaña-Valencia, F. Núñez-Domínguez, R. Ramírez-Valverde, R. y Rodríguez-Almeida, F.A. (2012). Conectividad en evaluaciones genéticas animales. 1. Metodologías. *Agrociencia.* 46: 677-692. <http://www.scielo.org.mx/pdf/agro/v46n7/v46n7a4.pdf>

- Magaña-Valencia, F. Núñez-Domínguez, R. Ramírez-Valverde, R. y Rodríguez-Almeida, F.A. (2013). Conectividad en evaluaciones genéticas animales. 2. Comparación de metodologías. *Agrociencia*. 47: 781-794. <http://www.scielo.org.mx/pdf/agro/v47n8/v47n8a4.pdf>
- Mahbul, M. Khandokar, M.A.M. Islam, R. y Hoke, A. (2020). Estimation of genetic parameters for growth traits in Brahman crossbred cattle of Bangladesh. *J. Bangladesh Agril Uni*. 18(1): 385-391. <https://www.ejmanager.com/mnstemp/200/200-1586757860.pdf?t=1647735352>
- Manzanilla-Pech, C.I. Torres-Vásquez, J.A, Borrayo-Zepeda, A. Ríos-Utrera, A. Baeza-Rodríguez, J.J. Martínez-Velásquez, G. Vega-Murillo, V.E. y Montaña-Bermúdez, M. (2012). Estimación de parámetros genéticos para características de crecimiento en borregos Katahdin usando diferentes modelos. *Rev. Mex Cienc Pecu*. 3(4): 487-500. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-11242012000400007
- Marrero, Y., Moreira, O., Aldana, A., y Galindo, J. (2013). Characterization of ruminal indicators of Charolais cattle from Cuba fed with Pennisetum purpureum cv. Cuba CT- 115 forage. *Cuban Journal Of Agricultural Science*, 47(4), 381-383. <https://www.cjascience.com/index.php/CJAS/article/view/385>
- Martínez, J. Gutiérrez, J. Briones, F. Lucero, F. y Castillo, S. (2011). Factores no genéticos que afectan el peso al nacer y destete de terneros Angus. *Zootecnia Trop*, 29(2), 151-160. http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0798-72692011000200001&lng=es&tlng=es
- Martínez Niño, C.A. Manrique Perdomo, C. Elzo, M.A. (2012). La evaluación genética de vacunos: una percepción histórica. *Rev Colomb Cienc Pecu*. 25, 293-311. <https://revistas.udea.edu.co/index.php/rccp/article/view/324760>
- Martínez, R. A. Pérez, J. E. y Herazo, T. (2006). Evaluación fenotípica y genética para características de crecimiento en la raza criolla colombiana Costeño con cuernos. *Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 7 (2), 12-20. <https://www.redalyc.org/pdf/4499/449945021002.pdf>
- Martínez Rocha, R. Ramírez Valverde, R. Núñez Domínguez R. y García Muñiz, J. G. 2018. Parámetros y tendencias genéticas de variables de crecimiento para bovinos Romosinuano en México. *Nova Scientia*. 10(2), 310-325. <https://doi.org/10.21640/ns.v10i21.1595>
- Meza, E. Raymoni, J. y Cisneros, S. (2017). Evaluación genética de un plantel de cuyes reproductores de genotipo Perú. *Rev Inv Vet Perú*. 28(2), 293-298. <http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v28i2.13067>

- Ministerio de Agricultura y Ganadería [MAG]. (2020a). *Plan estratégico institucional 2017-2021*. https://www.agricultura.gob.ec/wp-content/uploads/2020/09/AM_068_PEI2.pdf
- Ministerio de Agricultura y Ganadería [MAG]. (2020b). *Embriones de bovinos paraguayos ayudarán a mejorar genética del ganado ecuatoriano*. <https://www.agricultura.gob.ec/embriones-de-bovinos-paraguayos-ayudaran-a-mejorar-genetica-del-ganado-ecuatoriano/>
- Ministerio de Agricultura, Ganadería, Acuacultura y Pesca. [MAGAP]. (2017). *Ecuador es autosuficiente para cubrir demanda nacional de carne bovina*. <https://www.agricultura.gob.ec/ecuador-es-autosuficiente-paracubrir-demanda-nacional-de-carnebovina/#:~:text=El%20Ministerio%20de%20Agricultura%20Ganader%C3%ADa,demanda%20nacional%20de%20este%20producto.>
- Montes, D. Vergara, O. Prieto, E. y Rodríguez, A. (2008). Estimación de los parámetros genéticos para el peso al nacer y al destete en ganado bovino de la raza Brahman. *Rev. MVZ Córdoba*. 13(1): 1184-1191. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0122-02682008000100009
- Neser, F.W.C. Van Wyk, J.B. Fair, M.D. Lubout, P. y Crook, B.J. (2012). Estimation of genetic parameters for growth traits in Brangus cattle. *S. Afr. J. Anim. Sci.* 42 (1): 469-473. <https://www.ajol.info/index.php/sajas/article/view/80177>
- Orbe, D. Márquez, J. y Cuichán, M. (2018). Documento metodológico de la encuesta de superficie y producción agropecuaria continua (ESPAC). *Instituto Nacional de Estadísticas y Censos*: https://www.ecuadorencifras.gob.ec/documentos/web-inec/Estadisticas_agropecuarias/espac/espac-2018/Metodologia%20de%20la%20operacion%20estadistica%20ESPAC%202018.pdf
- Organización de la Naciones Unidas para La Agricultura y la Alimentación [FAO]. (2010). *Métodos de mejora genética en apoyo de una utilización sostenible*. Organización de la Naciones Unidas para La Agricultura y la Alimentación (Ed.), Estado de la gestión de recursos zoogenéticos. (pp. 417-468). <http://www.fao.org/3/a1250s/a1250s18.pdf>
- Organización de la Naciones Unidas para La Agricultura y la Alimentación [FAO]. (1 de octubre de 2020). *Genética animal*. <http://www.fao.org/animal-genetics/background/es/>
- Organización de la Naciones Unidas para La Agricultura y la Alimentación [FAO]. (2020). *FAO: Resumen de la evolución del mercado mundial de carne en 2019*. https://www.3tres3.com/ultima-hora/fao-resumen-de-la-evolucion-del-mercado-mundial-de-carne-en-2019_44846/

- Ossa, G.A. Pérez, J.E, y Suárez, M.A. (2008). Valores genéticos de caracteres productivos y reproductivos en bovinos Romosinuano. *Revista Corpoica-Ciencia y Tecnología Agropecuaria*.9(1): 93-101. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=5624792>
- Oyervides, A., Hernández, L., De la Rosa, J. y De León, H. (2006). Componentes de Varianza Genética y Heredabilidad en una Población de Maíz Amarillo. *Libro Científico Anual, Agricultura, Ganadería y Ciencia Forestal en la UAAAN*. <http://repositorio.uaaan.mx:8080/xmlui/bitstream/handle/123456789/46012/Componentes%20de%20Varianza%20Gen%C3%A9tica%20y%20Heredabilidad%20en%20una.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Parra, G., Martínez, J., Cienfuegos, E., García, F. y Ortega, E. (2007). Parámetros genéticos de variables de crecimiento de ganado Brahman de registro en México. *Veterinaria México*, 38 (2), 217-229. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=423/42338208>
- Parra Bracamonte, G. M. Sifuentes Rincón, A. M. Arellano Vera, W. Almanza González, A. y De la Rosa Reyna, X. F. (2009). Tipificación de tres marcadores genéticos de caracteres de importancia comercial en ganado Charolais: implicaciones en la ganadería para carne en México. *Revista Colombiana De Ciencias Pecuarias*, 22(3), 257-266. <https://revistas.udea.edu.co/index.php/rccp/article/view/324452>
- Puebla, S., Rebollar, S., Gómez, G., Hernández, J. y Guzmán, E. (2018). Factores determinantes de la oferta regional de carne bovina en México, 1994-2013. *Región y sociedad*, 30(72), 1-17. <https://doi.org/10.22198/rys.2018.72.a895>
- Rakwadi, E. Nsoso, S. J., Gondwe, T. N. y Banda, J. W. (2014). Estimates of phenotypic and genetic parameters and responses to selection in growth traits in three beef cattle breeds raised under ranch conditions in Botswana. *Botswana Journal of Agriculture and Applied Sciences* 10 (1). <https://ubrisa.ub.bw/handle/10311/1719>
- Ramírez, R., Hernández, O., Núñez, R., Ruíz, A. y García, J. (2007). Análisis univariado vs multivariado en la evaluación genética de variables de crecimiento en dos razas bovinas. *Agrociencia*, 41(3), 271-282. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1405-31952007000300271&lng=es&tlng=es.
- Ríos-Utrera, A. (2008). Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento predestete de bovinos. *Técnica Pecuaria en México*, 46(1), 37-67. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=613/61346104>
- Ríos, A. Vega, M.E. Montañó, B.M. y Martínez, V.G. (2016) Análisis componentes de la varianza y heredabilidad de circunferencia escrotal y

talla corporal de bovinos Brangus rojo. *Congreso de la Asociación de Médicos Veterinarios Zootecnistas especialistas en bovinos del estado de Veracruz*. 1(1): 114-116. <https://www.uv.mx/personal/vvega/files/2016/11/DCN-2016-Trabajo-AMEBV-2016-ARU-Brangus-Rojo-02.pdf>

Rodríguez-Almeida, F.A. Pérez-Camacho, C. Domínguez-Viveros, J. y De-La-Cruz-Colin, L. (2019). Efectos Genéticos en el crecimiento de corderos Hampshire. *Arch. Zootec.* 68(262): 294-298. <https://www.uco.es/ucopress/az/index.php/az/article/view/4149/2490>

Rodríguez, D.F. Erazo, J.C. y Narváez, C.I. (2019). Técnicas cuantitativas de investigación de mercados aplicadas al consumo de carne en la generación millennial de la ciudad de Cuenca. *Revista ESPACIOS*, 40(32), 20-32. <http://www.revistaespacios.com/a19v40n32/19403220.html>

Rodríguez-Hernández, J.V. (2004). *Evaluación fenotípica y genotípica de los caracteres de crecimiento en el esquema de selección del ovino segureño*. [Tesis de doctorado, Universidad de Córdoba]. <https://helvia.uco.es/handle/10396/297>

Segura-Correa, J.C. Chin-Colli, R.C. Magaña-Monforte, J.G. y Núñez - Domínguez, R. (2012). Genetic parameters for birth weight, weaning weight and age at first calving in Brown Swiss cattle in Mexico. *Trop Anim Health Prod.* 44: 337-341. DOI 10.1007/s11250-011-0026-8

Senar, J.C. (1999). La medición de la repetibilidad y el error de medida. *Etología*. 17: 53-64. http://www.bcn.cat/museuciencies_fitxers/imatges/FitxerContingut1201.pdf

Silva, R., García, P., Faleiro, D. Lopes de Souza, C. (2018). Determinación de componentes de la varianza y parámetros genéticos en una población segregante de maíz tropical. *Bioagro*, 30(1), 67-77. http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1316-33612018000100007&lng=es&tlng=es.

Solórzano-Calderón, A.O. y Benítez-Dueñas, A.A. (2021). Análisis de parámetros reproductivos de ganaderías lecheras en la provincia de Santo Domingo de los Tsáchilas en los tiempos de COVID-19. [Tesis de maestría, Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí "Manuel Félix López"]. <http://repositorio.esпам.edu.ec/handle/42000/1589>

Telo da Gama, L.L., Pereira de Matos C. y Carolino, N. 2004. *Modelos Mistos em Melhoramento Animal. Arquivos Veterinários*. Direcção Geral de Veterinária.

Vargas, G. Buzanskas, M.E. Gomes-Freire, D. Do-Amaral-Grossi, D. Da-Silva-Bonifácio, A. Barbosa-Lôbo, R. Da-Fonseca, R. De-Oliveira, J.A. y Prado-

- Munari, D. (2014). Genetic parameters estimatios for pre- and post-weaning traits in Brahman cattle in Brazil. *Trop Anom Health Prod.* 46:1271-1278. DOI 10.1007/s11250-014-0640-3
- Vergara-Garay, O. Simanca-Sotelo, J. y Salgado-Otero, R. (2014). Heredabilidades, correlaciones y tendencias genéticas para características pre y post destete en una población multirracial de ganado de carne en Colombia. *Revista Científica, FCV-LUZ.* 26(4): 331-340. <https://www.produccioncientificaluz.org/index.php/cientifica/article/view/6775>
- Vilela-Velarde, J.L. (2014). Mejoramiento genético en animales domésticos. Lima, Perú: *Empresa Editora Macro E.I.R.L.*
- Villela-de-Resende, M.D. y Rosa-Pérez, J.R. (1999). Melhoramiento animal: Predicao de valores genéticos pelo modelo animal-BLUP em bovinos de leite, bovinos de corte, ovinos e suínos. *Arch. Vet. Scienc.* 4(1), 17-29. <https://revistas.ufpr.br/veterinary/article/viewFile/3772/3015>

ANEXOS

ANEXO 1: Análisis estadístico descriptivo y de análisis de varianza de los efectos fijos sobre el peso al nacimiento obtenidos en SAS

ANÁLISIS ESTADÍSTICO DESCRIPTIVO

Procedimiento GLM

Información del nivel de clase		
Clase	Niveles	Valores
SEXO	2	H M
AÑO	17	2005 2006 2007 2008 2009 2010 2011 2012 2013 2014 2015 2016 2017 2018 2019 2020 2021
RAZA	14	ANG/100 ANG/50-B ANG/75-B BRA/100 BRA/50-H BRA/50-S BRA/75-A BRA/75-C BRA/75-H CHA/100 CHA/50-B GYR/100 HOL/75-G SIM/100
N.º observaciones leídas		946
Número de observaciones usadas		351

Procedimiento GLM

Variable dependiente: PN

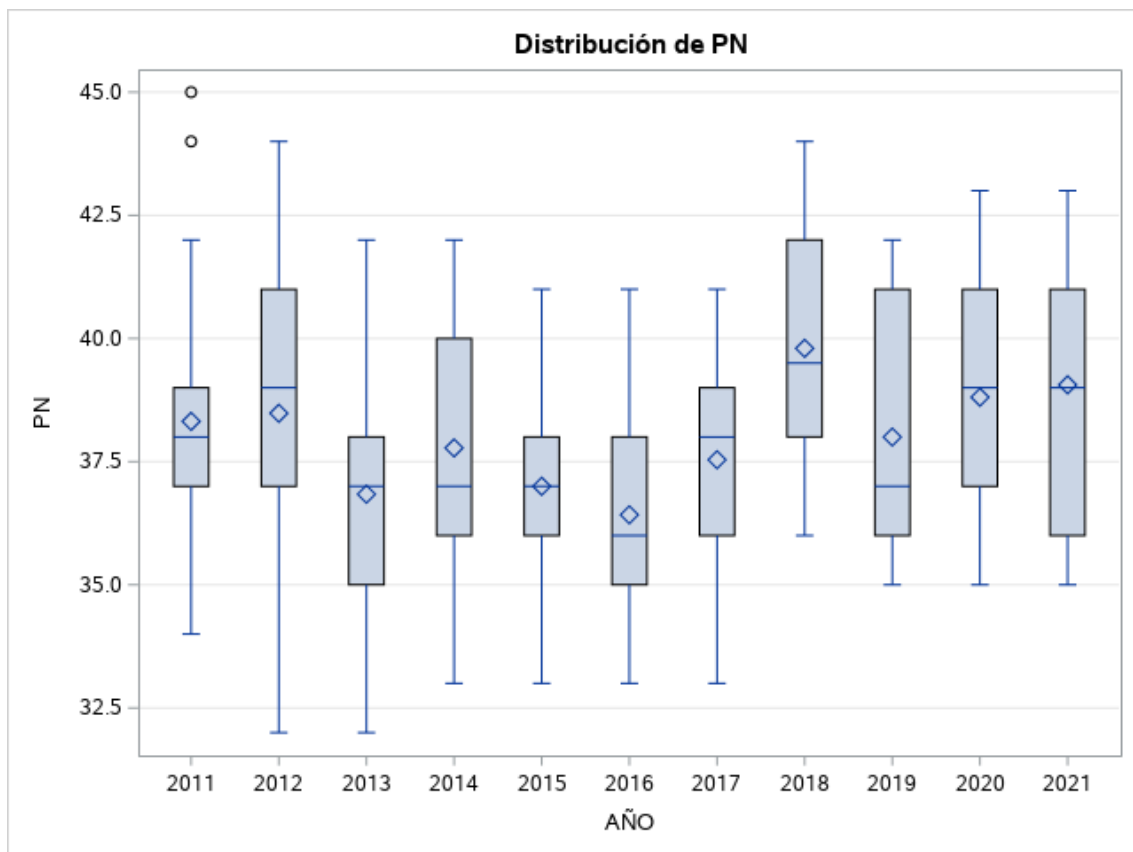
Origen	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	Valor F	Pr > F	
Modelo	15	456.428966	30.428598	6.93	<.0001	
Error	335	1470.055364	4.388225			
Total corregido	350	1926.484330				
R-cuadrado		0.236923	Var Coef.	5.564807	Raíz MSE	2.094809
Media de PN		37.64387				
Origen	DF	Tipo I SS	Cuadrado de la media	Valor F	Pr > F	
SEXO	0	0.0000000	.	.	.	
AÑO	10	312.3373417	31.2337342	7.12	<.0001	
RAZA	5	144.0916246	28.8183249	6.57	<.0001	

Origen	DF	Tipo III SS	Cuadrado de la media	Valor F	Pr > F
SEXO	0	0.0000000	.	.	.
AÑO	10	208.1869385	20.8186939	4.74	<.0001
RAZA	5	144.0916246	28.8183249	6.57	<.0001

ANEXO 2: Distribución del peso al nacimiento por año

ANÁLISIS ESTADÍSTICO DESCRIPTIVO

Procedimiento GLM



ANEXO 3: Prueba del Rango múltiple de Duncan al 95% de confianza para el efecto año de nacimiento sobre el peso al nacimiento

ANÁLISIS ESTADÍSTICO DESCRIPTIVO

Procedimiento GLM

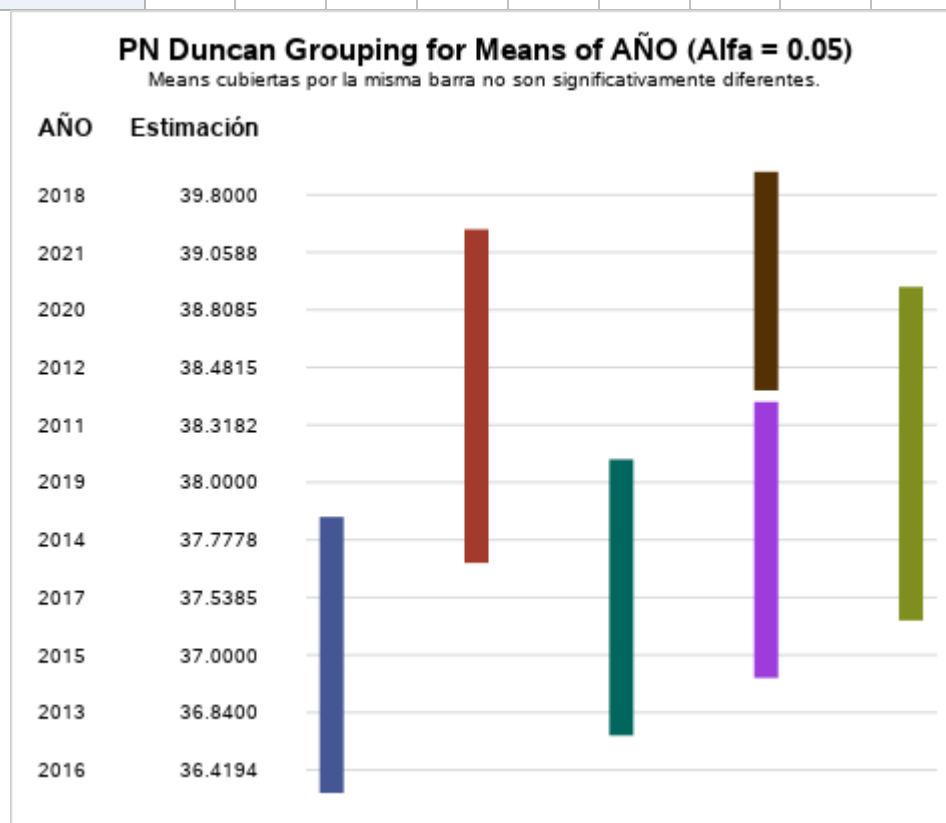
Prueba del rango múltiple de Duncan para PN

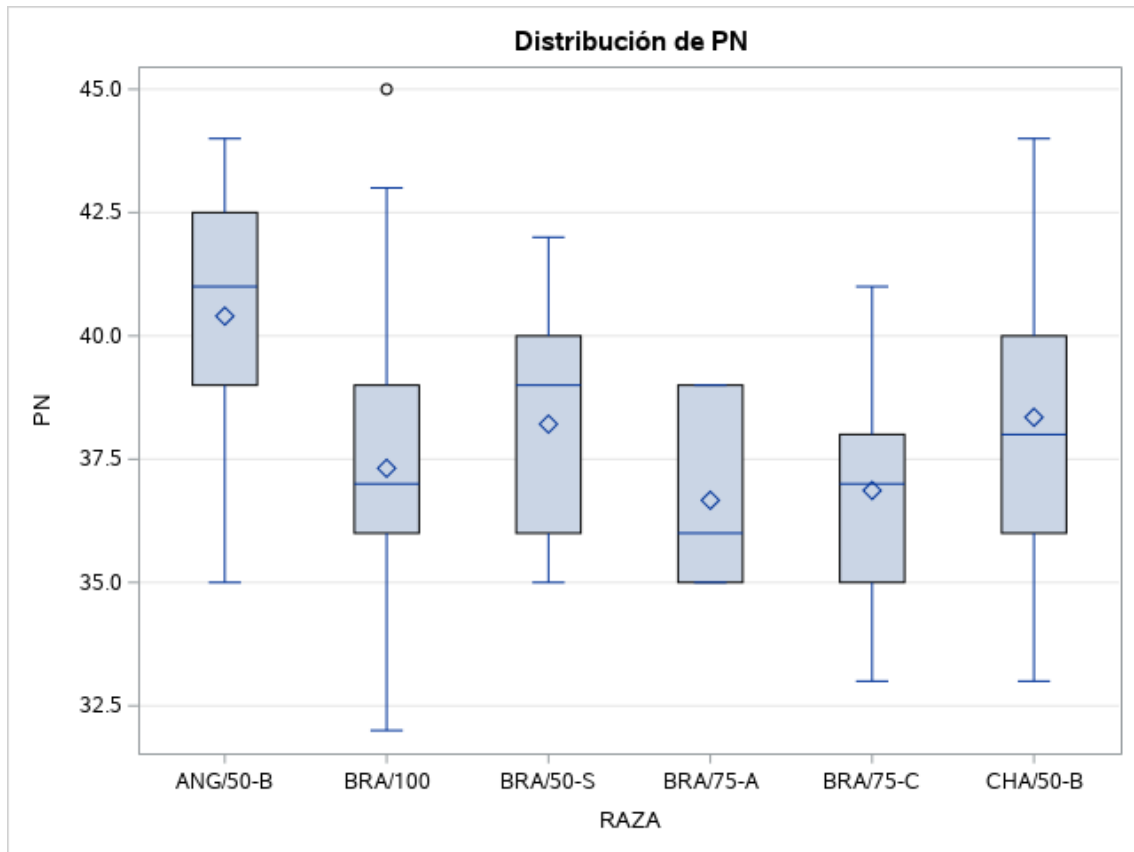
Note: This test controls the Type I comparisonwise error rate, not the experimentwise error rate.

Alpha	0.05
Grados de error de libertad	335
Error de cuadrado medio	4.388225
Media armónica de tamaño de celdas	20.40961

Note: Cell sizes are not equal.

Número de medias	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Rango crítico	1.290	1.358	1.403	1.437	1.463	1.484	1.502	1.517	1.531	1.542



ANEXO 4: Distribución del peso al nacimiento por composición racial**ANÁLISIS ESTADÍSTICO DESCRIPTIVO****Procedimiento GLM**

ANEXO 5: Prueba del Rango múltiple de Duncan al 95% de confianza para la composición racial sobre el peso al nacimiento

ANÁLISIS ESTADÍSTICO DESCRIPTIVO

Procedimiento GLM

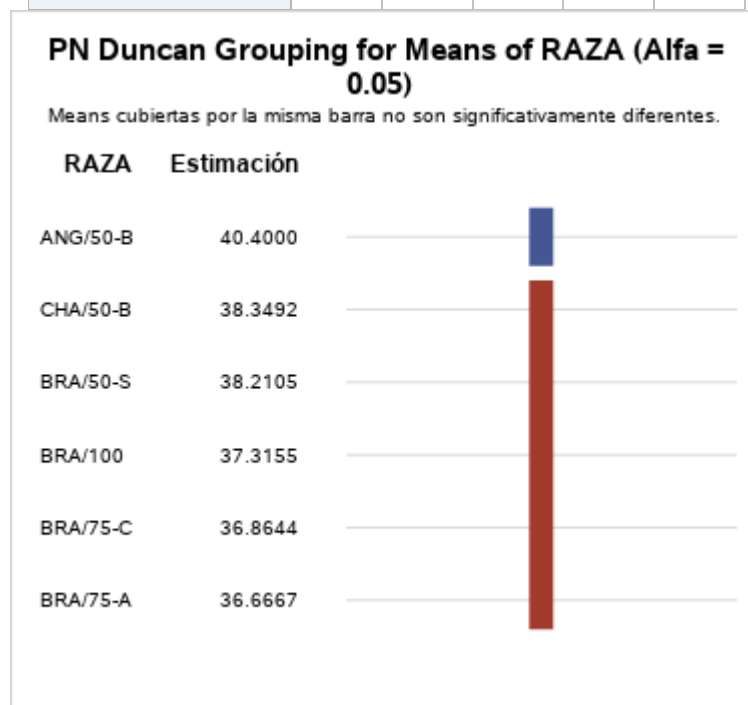
Prueba del rango múltiple de Duncan para PN

Note: This test controls the Type I comparisonwise error rate, not the experimentwise error rate.

Alpha	0.05
Grados de error de libertad	335
Error de cuadrado medio	4.388225
Media armónica de tamaño de celdas	12.65463

Note: Cell sizes are not equal.

Número de medias	2	3	4	5	6
Rango crítico	1.638	1.725	1.782	1.825	1.858



ANEXO 6: Análisis estadístico descriptivo y de análisis de varianza de los efectos fijos sobre el peso al destete obtenidos en SAS

ANÁLISIS ESTADÍSTICO DESCRIPTIVO

Procedimiento GLM

Información del nivel de clase		
Clase	Niveles	Valores
SEXO	2	H M
AÑO	17	2005 2006 2007 2008 2009 2010 2011 2012 2013 2014 2015 2016 2017 2018 2019 2020 2021
RAZA	14	ANG/100 ANG/50-B ANG/75-B BRA/100 BRA/50-H BRA/50-S BRA/75-A BRA/75-C BRA/75-H CHA/100 CHA/50-B GYR/100 HOL/75-G SIM/100
N.º observaciones leídas		946
Número de observaciones usadas		314

Procedimiento GLM

Variable dependiente: PD

Origen	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	Valor F	Pr > F
Modelo	15	118973.8721	7931.5915	14.32	<.0001
Error	298	165076.8063	553.9490		
Total corregido	313	284050.6783			

R-cuadrado	Var Coef.	Raíz MSE	Media de PD
0.418847	12.06449	23.53612	195.0860

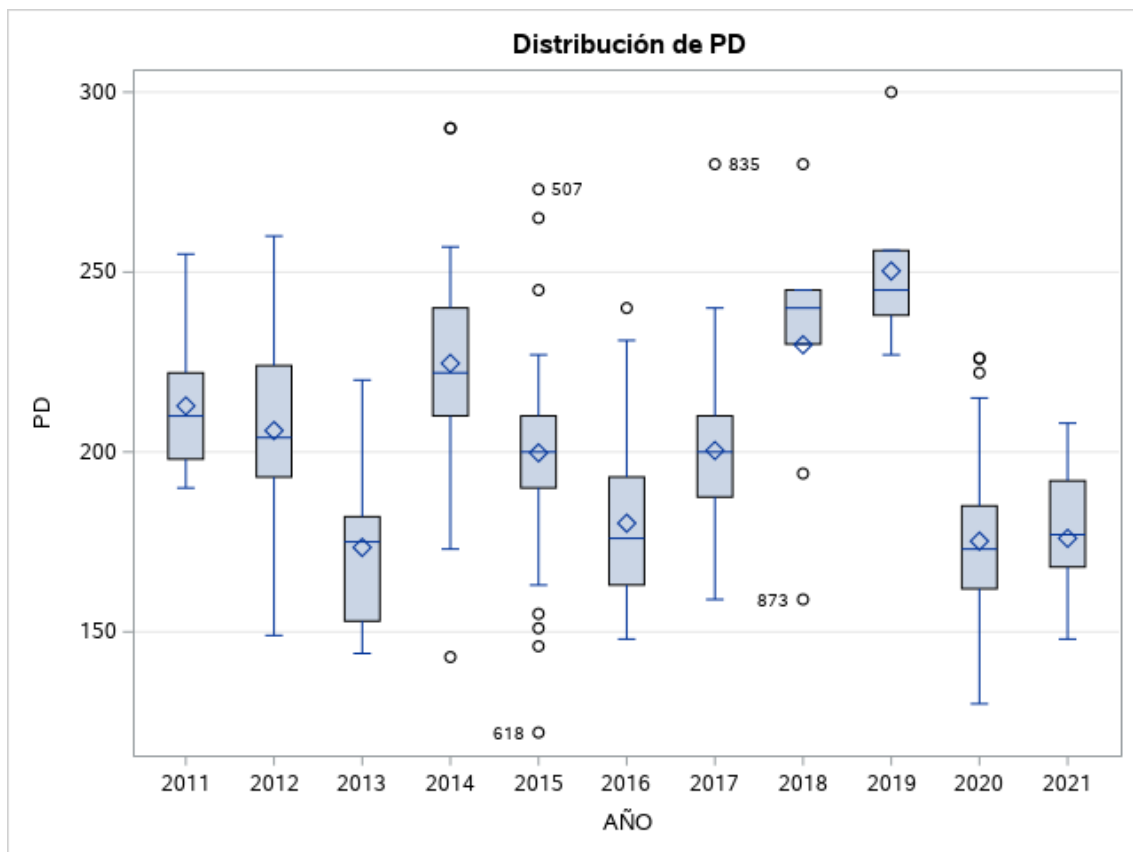
Origen	DF	Tipo I SS	Cuadrado de la media	Valor F	Pr > F
SEXO	0	0.0000	.	.	.
AÑO	10	112016.8020	11201.6802	20.22	<.0001
RAZA	5	6957.0701	1391.4140	2.51	0.0301

Origen	DF	Tipo III SS	Cuadrado de la media	Valor F	Pr > F
SEXO	0	0.00000	.	.	.
AÑO	10	92759.91492	9275.99149	16.75	<.0001
RAZA	5	6957.07008	1391.41402	2.51	0.0301

ANEXO 7: Distribución del peso al destete por año

ANÁLISIS ESTADÍSTICO DESCRIPTIVO

Procedimiento GLM



ANEXO 8: Prueba del Rango múltiple de Duncan al 95% de confianza para el efecto año de nacimiento sobre el peso al destete

ANÁLISIS ESTADÍSTICO DESCRIPTIVO

Procedimiento GLM

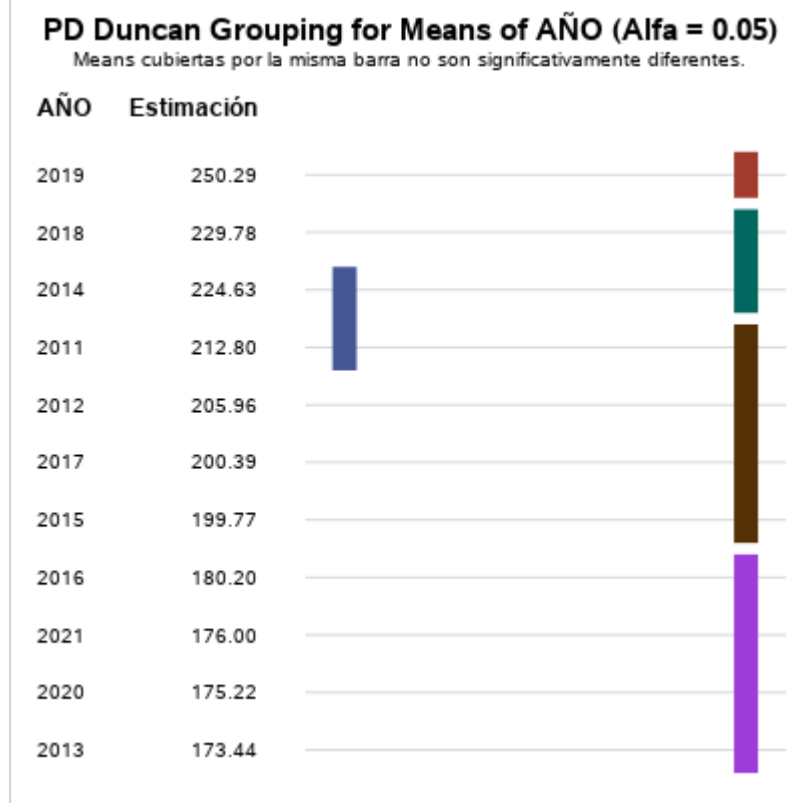
Prueba del rango múltiple de Duncan para PD

Note: This test controls the Type I comparisonwise error rate, not the experimentwise error rate.

Alpha	0.05
Grados de error de libertad	298
Error de cuadrado medio	553.949
Media armónica de tamaño de celdas	18.74653

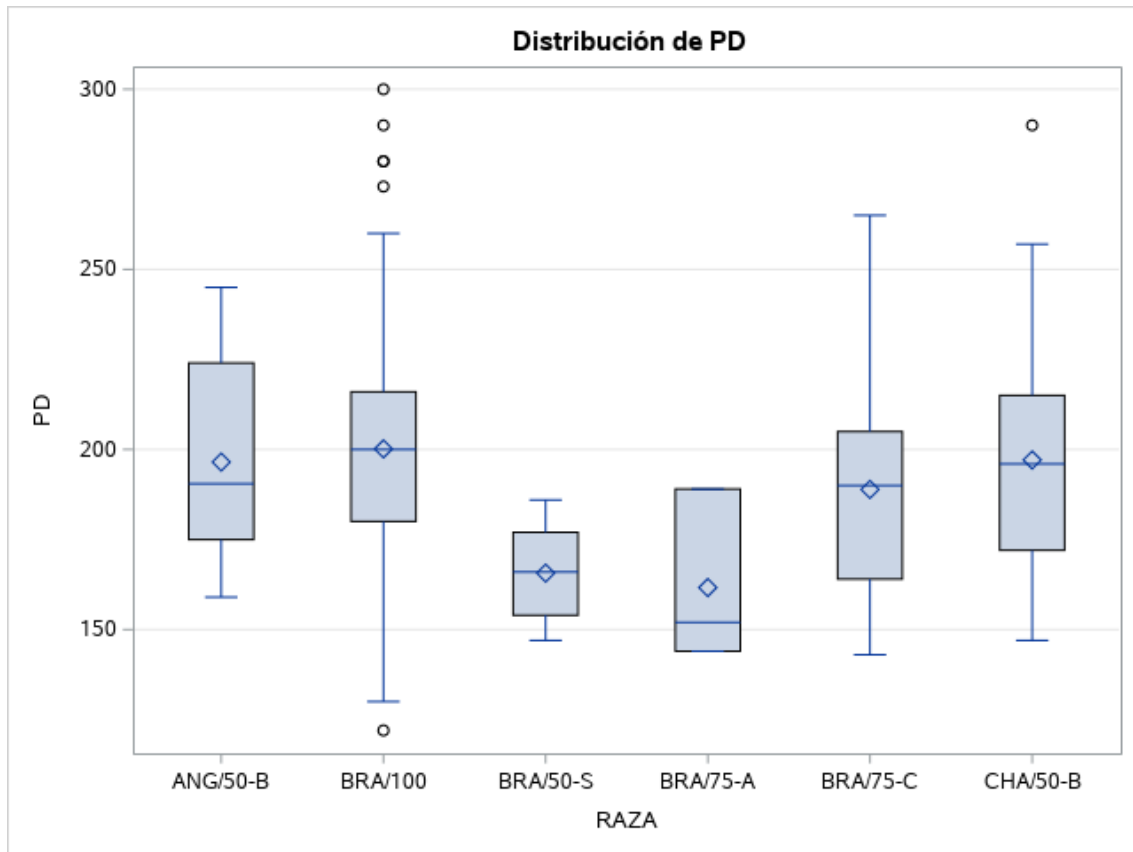
Note: Cell sizes are not equal.

Número de medias	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
Rango crítico	15.13	15.93	16.46	16.85	17.16	17.41	17.62	17.80	17.95	18.08



ANEXO 9: Distribución del peso al destete por composición racial**ANÁLISIS ESTADÍSTICO DESCRIPTIVO**

Procedimiento GLM



ANEXO 10: Prueba del Rango múltiple de Duncan al 95% de confianza para la composición racial sobre el peso al destete

ANÁLISIS ESTADÍSTICO DESCRIPTIVO

Procedimiento GLM

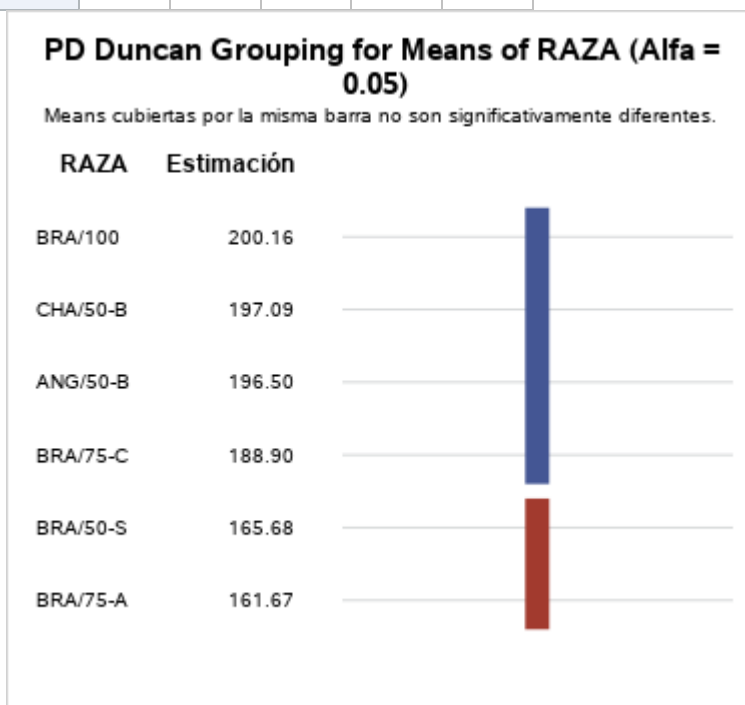
Prueba del rango múltiple de Duncan para PD

Note: This test controls the Type I comparisonwise error rate, not the experimentwise error rate.

Alpha	0.05
Grados de error de libertad	298
Error de cuadrado medio	553.949
Media armónica de tamaño de celdas	12.5205

Note: Cell sizes are not equal.

Número de medias	2	3	4	5	6
Rango crítico	18.51	19.49	20.14	20.62	21.00



ANEXO 11: Componentes de la varianza obtenidos en el software VCE6

* ESTIMATES INFORMATION *

Mon May 09 10:53:26 2022 ANALISISMULTI.txt CPU time used: 0:00:00

AG Log likelihood : 1044.8012 status : 1 at iteration: 34 / 34

----- Matrices: NATURAL -----

Type: A Level: 1 animal No.: 946 Pattern: T T

0.649 -2.354

261.061

Type: E Level: 1 residual No.: 311 Pattern: T T

4.105 14.104

314.463

----- Matrices: Phenotypic -----

4.754 11.750

575.525

----- Matrices: RATIOS -----

Type: A Level: 1 animal

0.13649 -0.18086

0.45361

Type: E Level: 1 residual

0.86351 0.39256

0.54639

----- Matrices: STD_ERR of components -----

Type: A Level: 1 animal

1.008 8.272

114.947

Type: E Level: 1 residual

0.9640 7.1462

93.2167

----- Matrices: STD_ERR of ratios -----

Type: A Level: 1 animal

0.20869 0.67679

0.17669

Type: E Level: 1 residual

0.20869 0.18722

0.17669

----- Matrices: Phenotypic correlations -----

--- 0.22464

* Optimization finished with status : 1 *

Terminated with gradient small, components are probably optimal.

* Thank you, for choosing VCE! *

ANEXO 12: Parámetros genéticos obtenidos en el software MTDFRELM

```

+++++
PROGRAM "MTDFRUN" - Estimate Covariance Components for MT-IAM
      Last revised      8/    31/    0

+++++
multi
Cold start, i.e., not a continuation of previous run
Run option 4: solutions for MME, then sampling variances
0 constraints imposed by user
(Co)variances in model:
No. in likelihood calculation      =    6
No. to be held constant            =    0
No. to be maximized                =    6
Starting values for this run:
G matrix:
    .6  -2.4
   -2.4 261.1
C matrix:
R matrix:
    4.1  14.1
   14.1 314.5
Solutions only for this run:
RHS are for MME: X'R-1y
                Z'r-1y
STANDARD ERRORS WILL NOT BE ESTIMATED !
(missing observations or IOPRUN>1)
Estimates:

```

GENETIC VARIANCES AND COVARIANCES :

	a1	a2
a1 :	.64900	-2.35400
a2 :	-2.35400	261.06100

ENVIRONMENTAL VARIANCES AND COVARIANCES :

	e1	e2
e1 :	4.10500	14.10400
e2 :	14.10400	314.46300

PHENOTYPIC VARIANCES AND COVARIANCES :

	p1	p2
p1 :	4.75400	11.75000
p2 :	11.75000	575.52400

HERITABILITIES AND GENETIC CORRELATIONS

	a1	a2
a1 :	.14	
	(.000)	
a2 :	-.18	.45
	(.000)	(.000)

ENVIRONMENTAL CORRELATIONS PROPORTION OF TOTAL VARIANCE AND

	e1	e2
e1 :	.86	
	(.000)	
e2 :	.39	.55
	(.000)	(.000)