

# Estimación de tendencias genéticas e interacción genotipo x ambiente en ganado lechero de Costa Rica

## Genetic trends, genotype-environment interaction and inbreeding in Holstein and Jersey dairy cattle from Costa Rica

Bernardo Vargas Leitón<sup>a</sup>, Gabriela Gamboa Zeledón<sup>a</sup>

### RESUMEN

En este estudio se analizan las tendencias genéticas para producción de leche a 305 días, el efecto de interacción genotipo×ambiente y las tendencias en consanguinidad de dos poblaciones de ganado lechero de razas Holstein (H) y Jersey (J) de Costa Rica. Se estimó la heredabilidad y repetibilidad mediante un modelo animal de repetibilidad, que incluyó el efecto fijo de hato×año×época de parto y los efectos aleatorios de interacción hato×semental, ambiente permanente y animal. Los índices de heredabilidad fueron  $0.19 \pm 0.021$  (H) y  $0.21 \pm 0.015$  (J) y los de repetibilidad fueron 0.44 (H) y 0.52 (J). Se obtuvieron los valores mejorantes predichos de los animales de cada población mediante BLUP, y se analizaron las tendencias fenotípicas y genéticas mediante regresión lineal. Se observó un incremento genético anual de 6.76 kg (H,  $P < 0.01$ ) y de 7.95 kg (J,  $P < 0.01$ ), mientras que el incremento fenotípico fue de 97.1 kg (H,  $P < 0.01$ ) y 76.4 kg (J,  $P < 0.01$ ); indicando un avance genético relativamente lento. Las correlaciones entre Habilidad Transmisora Predicha de sementales de IA utilizados en Costa Rica y USA fueron de 0.62 (H,  $P < 0.01$ ) y 0.78 (J,  $P < 0.01$ ), indicando un nivel significativo de interacción genotipo×ambiente y de mayor importancia para la raza Holstein. En cuanto a consanguinidad, se observó que el promedio actual es bajo (H=0.75 %, J= 1.25 %) pero con tasas de incremento anual significativas (H=0.034 %,  $P < 0.01$ ; J=0.05 1%,  $P < 0.01$ ).

**PALABRAS CLAVE :** Ganado lechero, Tendencias genéticas, Interacción genotipo×ambiente, Consanguinidad, Modelo animal.

### ABSTRACT

Genetic trends for 305-d milk yield, genotype-environment interaction and inbreeding levels were evaluated in Holstein (H) and Jersey (J) dairy cattle populations in Costa Rica. Heritability and repeatability for 305-d milk yield were estimated with a statistical model that included the fixed effect of herd-year-season and the random effects of herd-sire interaction, permanent environment and animal. Heritability estimates were  $0.19 \pm 0.021$  (H) and  $0.21 \pm 0.015$  (J) and repeatability was 0.44 (H) and 0.52 (J). Predicted Breeding Values for animals in both breeds were estimated using BLUP techniques. Genetic and environmental trends were analyzed by linear regression. The annual genetic increase was 6.36 kg (H,  $P < 0.01$ ) and 7.95 kg (J,  $P < 0.01$ ) whereas the phenotypic increase was 97.1 kg (H,  $P < 0.01$ ) and 76.4 kg (J,  $P < 0.01$ ), which implies a relatively low rate of genetic improvement. Correlations between PTA estimates for AI sires used in Costa Rica and the USA were 0.62 (H,  $P < 0.01$ ) and 0.78 (J,  $P < 0.01$ ). This indicates a significant level of genetic-environment interaction which was more pronounced for the Holstein breed. Current average inbreeding for these breeds is low in Costa Rica (H=0.75 %, J=1.25 %), but exhibits a positive and significant annual rate of increase in both breeds (H=0.034 %,  $P < 0.01$ ; J=0.051 %,  $P < 0.01$ ).

**KEYWORDS:** Dairy cattle, Genetic trends, Genotype-environment interaction, Inbreeding, Costa Rica.

### INTRODUCCIÓN

El propósito del mejoramiento genético es seleccionar individuos sobresalientes dentro de una población, con el fin de obtener mayores

### INTRODUCTION

Genetic improvement involves selection of outstanding individuals from a population to produce better yields in future generations<sup>(1)</sup>. One way of

Recibido el 3 de julio de 2007. Aceptado para su publicación el 7 de marzo de 2008.

<sup>a</sup> Posgrado Regional en Ciencias Veterinarias Tropicales. Universidad Nacional de Costa Rica. Apdo. Postal 304-3000, Heredi, Costa Rica. Telefax: 506-2375229. bvargasl@costarricense.cr. Correspondencia al primer autor.

rendimientos en futuras generaciones<sup>(1)</sup>. Un modo de evaluar el éxito del mejoramiento genético en las poblaciones es mediante el cálculo de las tendencias genéticas a través del tiempo.

En Costa Rica, no existe actualmente un programa local de mejoramiento genético para ganado bovino lechero. No obstante, durante las últimas décadas los productores lecheros han realizado importaciones continuas de material genético con el fin de mejorar el nivel productivo de sus hatos. Actualmente existe una considerable cantidad de información disponible de hatos lecheros participantes en programas de monitoreo de la salud y producción<sup>(2,3)</sup>. Se han realizado algunos estudios que estiman las tendencias genéticas y ambientales en la población de ganado lechero de Costa Rica<sup>(4,5,6,7)</sup>. Si bien en estos estudios la información disponible fue limitada, los resultados tienden a coincidir en que ha habido un incremento continuo de la productividad; sin embargo, no es clara la importancia relativa de factores ambientales y genéticos. Asimismo, no existe todavía un estudio que cuantifique el grado de interacción entre factores genéticos y ambientales; de manera que se pueda evaluar cuál ha sido el verdadero impacto de la importación de semen sobre los niveles de productividad del ganado lechero local y determinar si el rendimiento de las razas mejoradas ha sido el esperado.

La interacción genotipo  $\times$  ambiente ( $G \times A$ ) ha sido definida como diferencias en la expresión de los genotipos en diferentes ambientes<sup>(8)</sup>, y una manera de cuantificarla es mediante el cálculo de correlaciones entre predictores de valor genético para un determinado rasgo obtenidos para los mismos individuos en dos diferentes ambientes<sup>(9,10)</sup>. En este caso, correlaciones genéticas significativamente distintas de la unidad denotarían la existencia de cierto grado de interacción<sup>(9,10)</sup>. Esta interacción se observaría, en mayor o menor grado, como un diferente ordenamiento jerárquico de los sementales según mérito genético en los dos ambientes comparados<sup>(9,10)</sup>. Algunos estudios han estimado correlaciones entre predictores de valores mejorantes obtenidos en distintos países. Se han reportado correlaciones que oscilaron desde 0.60 hasta 0.90<sup>(9,10)</sup> entre México y USA; 0.85 entre Brasil

evaluating the success of genetic improvement is to calculate genetic trends in a population over time.

No genetic improvement program currently exists for dairy cattle in Costa Rica. However, in recent decades producers have imported significant amounts of genetic material to improve herd production levels. A large amount of data is now available on dairy herds participating in health and production monitoring programs<sup>(2,3)</sup>. Studies have been done estimating genetic and environmental trends in Costa Rica's dairy cattle population, although they include limited data<sup>(4,5,6,7)</sup>. All these studies indicate a continuous increase in production but the relative importance of environmental and genetic factors is not clear. Indeed, no study has yet been done that quantifies the degree of interaction between genetic and environmental factors to evaluate what the actual impact of imported semen has been on local dairy cattle productivity and determine if the yield of improved breeds has attained expected levels.

Genotype-environment interaction ( $G \times E$ ) has been defined as differences in genotype expression in different environments<sup>(8)</sup>. It can be quantified by calculating the correlations between genetic value predictors for one determined feature obtained from the same individual in two different environments<sup>(9,10)</sup>. Significantly different genetic correlations would indicate a certain degree of interaction<sup>(9,10)</sup>. This could be observed, to a greater or lesser degree, as a different hierarchical organization of sires according to genetic merit in the two compared environments<sup>(9,10)</sup>. Estimations have been done of correlations between predicted breeding value in different countries: 0.60 to 0.90 between Mexico and the USA<sup>(9,10)</sup>; 0.85 between Brazil and the USA<sup>(11)</sup>; 0.78 between Colombia and the USA<sup>(9)</sup>; 0.74 between Brazil and Colombia<sup>(12)</sup>; and 0.81 between Spain and the USA<sup>(13)</sup>. In some cases these correlations result in notable changes in sire ranking in both environments.

Inbreeding levels have also not been sufficiently quantified in Costa Rica. Average inbreeding for cows born in 2006 in the USA was 5.31 % for Holstein and 7.16 % for Jersey cattle<sup>(14)</sup>. Increased inbreeding has demonstrably negative effects on yield

y USA<sup>(11)</sup>, 0.78 entre Colombia y USA<sup>(9)</sup>, 0.74 entre Brasil y Colombia<sup>(12)</sup> y 0.81 entre España y USA<sup>(13)</sup>. En algunos casos estas correlaciones derivan en cambios sustanciales en el ranqueo de sementales en ambos ambientes.

Otro aspecto que no ha sido cuantificado son los niveles de consanguinidad. En USA, los promedios de consanguinidad para hembras nacidas en el 2006 fueron de 5.31 % para Holstein y 7.16 % para Jersey<sup>(14)</sup>. Paralelamente hay estudios que han demostrado el efecto negativo de los incrementos en consanguinidad sobre los parámetros de rendimiento de las vacas lecheras<sup>(15)</sup>. En Holstein y Jersey de Costa Rica se hace uso intensivo de IA, por lo que sería importante cuantificar cuál ha sido la tendencia en niveles de consanguinidad y cuáles son los promedios actuales. En un estudio realizado localmente en 22,195 crías de razas lecheras puras, se identificó un 5.94 % con algún grado de consanguinidad<sup>(16)</sup>, sin embargo no existe ningún reporte sobre las tendencias y niveles actuales por raza.

En vista de lo anterior, el presente estudio tiene como objetivo establecer cuál ha sido la tendencia (genética y ambiental) para producción de leche en vacas de raza Holstein y Jersey de Costa Rica y cuantificar si han existido niveles significativos de interacción genotipo×ambiente. Paralelamente, se pretende establecer cuál ha sido la tendencia en cuanto a niveles de consanguinidad dentro de estas dos razas.

## MATERIALES Y MÉTODOS

La información para el estudio se obtuvo de la base de datos del Centro Regional de Informática para la Producción Animal Sostenible<sup>(2)</sup> adjunto a la Escuela de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional de Costa Rica. Se utilizó la información disponible del periodo transcurrido entre los años 1985 y 2007. Se contó inicialmente con un total de 2'460,243 registros diarios de producción de leche de vacas lecheras de la raza Holstein y 1'484,197 de la raza Jersey. Estos registros fueron almacenados en el programa de cómputo VAMPP<sup>(17)</sup>. Dichos registros no se colectaron por medio de un programa

parameters in dairy cows<sup>(15)</sup>. Artificial insemination (AI) is intensively used for the Holstein and Jersey breeds in Costa Rica, making it vital to quantify trends in inbreeding levels and current averages. For example, one study done locally of 22,195 pure breed dairy calves identified a 5.94 % degree of interbreeding<sup>(16)</sup>, but no reports have been done on current trends and levels by breed.

The study objectives were to establish the genetic and environmental trends in milk production for Holstein and Jersey cows in Costa Rica, quantify if significant genotype-environment interaction levels exist and establish inbreeding level trends within these breeds.

## MATERIALS AND METHODS

Data covering 1985 to 2007 were obtained from the database of the Sustainable Animal Production Regional Computing Center (Centro Regional de Informática para la Producción Animal Sostenible-CRIPAS)<sup>(2)</sup>, School of Veterinary Medicine, Universidad Nacional de Costa Rica. The data contained 2'460,243 daily milk production records for Holstein cows and 1'484,197 for Jersey cows, all stored in the VAMPP program<sup>(17)</sup>. These records are not the result of an official milk control program but were generated during monitoring by producers.

The data were screened to select for lactations with at least three production records in the periods 0-30, 31-60 and >60 d, and for farms with a minimum of 10 cows with milk records. In the selected lactations (n=185,960), estimates were done for total production to 305 d using non-linear interpolation and incomplete lactation projection, as described in a previous study<sup>(18)</sup>. Some of the records were multiple lactations from the same cow. To correct for this, a previous adjustment was done for 305-d milk yield by standardizing a minimum age of four years in the third lactation using multiplicative correction factors generated in a previous study<sup>(18)</sup>.

### *Variance components estimation*

Estimates were made of milk yield variance components and the heritability ( $h^2$ ) and

oficial de control lechero, sino que fueron obtenidos del monitoreo realizado por los mismos productores en sus explotaciones.

Para los cálculos posteriores, se seleccionaron las lactancias que contaron con al menos tres registros de producción ubicados en los periodos 0-30, 31-60 y > 60 días. Además, se seleccionaron explotaciones que contaron con un mínimo de 10 vacas con registros de leche. En las lactancias seleccionadas (n=185,960) se estimó la producción total a 305 días mediante procedimientos de interpolación no lineal y proyección de lactancias incompletas, según se describe en un estudio previo<sup>(18)</sup>. Debido a que se contó en algunos casos con registros provenientes de múltiples lactancias de una misma vaca, se realizó un ajuste previo de la producción a 305 días, la cual se estandarizó a una edad base de cuatro años en tercera lactancia utilizando factores de corrección multiplicativos generados en un estudio previo<sup>(18)</sup>.

#### *Estimación de componentes de varianza*

Se estimaron los componentes de varianza y los parámetros genéticos de heredabilidad ( $h^2$ ) y repetibilidad ( $r$ ) para producción de leche, dentro de cada raza. El modelo utilizado para la estimación de componentes de varianza fue un modelo animal simple con repetibilidad<sup>(19)</sup> según se especifica a continuación:

$$Y_{ijkl} = HAE_i + HS_j + AP_k + a_k + e_{ijk} \dots\dots (Mod. 1)$$

Donde:  $Y_{ijk}$  = producción de leche a 305 días corregida por edad y lactancia (PC305);  $HAE_i$  = efecto fijo del  $i$ -ésimo grupo de manejo ható × año × época de parto;  $HS_j$  = efecto aleatorio de la  $j$ -ésima clase ható × semental;  $AP_k$  = efecto aleatorio del  $k$ -ésimo ambiente permanente;  $A_k$  = efecto aleatorio del  $k$ -ésimo animal;  $e_{ijk}$  = error aleatorio.

Este modelo está basado en el modelo animal utilizado actualmente por el Laboratorio de Mejoramiento Animal (AIPL-USDA)<sup>(14)</sup> para evaluación genética de ganado lechero en USA. Se seleccionó este modelo con el fin de lograr máxima similitud en las metodologías de estimación, considerando que la gran mayoría de los toros utilizados en Costa Rica provienen de USA.

repeatability ( $r$ ) genetic parameters within each breed. The model used for variance components estimation was a simple animal model with repeatability<sup>(19)</sup>:

$$Y_{ijkl} = HYS_i + HS_j + AP_k + a_k + e_{ijk} \dots\dots\dots (Mod. 1)$$

where:  $Y_{ijk}$  = 305-day yield corrected for age and lactation (C305);  $HYS_i$  = Fixed effect of  $i$ -th birth herd × year × season management group;  $HS_j$  = Random effect of  $j$ -th herd × sire class;  $AP_k$  = Random effect of  $k$ -th permanent environment;  $A_k$  = Random effect of  $k$ -th animal;  $e_{ijk}$  = Random error.

This model is based on the animal model currently in use by the USDA Animal Improvement Laboratory (AIPL-USDA)<sup>(14)</sup> for genetic evaluation of dairy cattle in the USA. It was selected to maintain maximum comparability in estimation methods since most sires used in Costa Rica are from the USA. Birth season (dry or rainy) was specified according to rainfall patterns in the regions where the herds were located, which were defined using the primary system classification based on life zones<sup>(20)</sup>. The random effect of herd × sire was included in the model to quantify the magnitude of differences in yield between daughters born of the same sire in different herds, which has been used as an indicator of G × E level<sup>(21)</sup>.

Estimation of the effect of animal was done by building pedigree matrices for the Holstein and Jersey populations using genealogical data from the CRIPAS<sup>(2)</sup>. Data were only used for animals classified as having at least eight eighths of breed (Holstein or Jersey) according to the VAMPP system. All unknown fathers were classified within the same population base. To increase the degree of connectivity in the analyzed populations, the database was complemented with current genealogical data for all AI sires registered in the National Association of Animal Breeders (NAAB-USA), which is available on the AIPL website<sup>(14)</sup>. This data includes father and mother, as well as maternal grandmother, for each sire.

The previous model was run with the REML (Restricted Maximum Likelihood) method using exact derivatives<sup>(22)</sup>, and implemented with the VCE



Las épocas de parto (seca y lluviosa) se especificaron de acuerdo a los patrones de precipitación de las regiones donde se ubicaron los hatos, las cuales fueron definidas utilizando la clasificación primaria del sistema basado en zonas de vida<sup>(20)</sup>.

El efecto aleatorio de la interacción hato×semental se incluyó en el modelo con el objetivo de cuantificar la magnitud de las diferencias en rendimiento de hijas de un mismo semental nacidas en distintos hatos<sup>(21)</sup>. Este efecto ha sido también utilizado en algunos estudios como indicador del nivel de interacción G×A<sup>(21)</sup>.

Para estimar el efecto animal, se construyeron dos matrices de pedigrí para las poblaciones Holstein y Jersey, y se utilizó la información genealógica proveniente de la base de datos del Centro Regional de Informática para la Producción Animal Sostenible-CRIPAS<sup>(2)</sup>. Se utilizó solamente la información de animales clasificados con al menos 8 octavos de raza (Holstein o Jersey) según el sistema VAMPP. Todos los padres desconocidos fueron clasificados dentro de una misma población base. Para aumentar el grado de conectividad en las poblaciones analizadas, la base de datos se complementó con información genealógica actualizada de todos los sementales de IA inscritos en la Asociación Nacional de Criadores Animales (NAAB-USA), disponible en el sitio web de AIPL<sup>(14)</sup>. Esta información incluyó tanto el padre como la madre y el abuelo materno de cada uno de estos sementales.

El modelo anterior se resolvió mediante el método de Máxima Verosimilitud Restringida (REML) utilizando derivadas exactas<sup>(22)</sup> según se implementa en el programa computacional VCE 4.0<sup>(23)</sup>. La heredabilidad ( $h^2$ ) se estimó como la proporción de la varianza atribuida al factor animal ( $\sigma_a^2$ ) con respecto a la varianza fenotípica ( $\sigma_F^2$ ) y la repetibilidad se obtuvo como:

$$r = \frac{(\sigma_a^2 + \sigma_{HS}^2 + \sigma_{PE}^2)}{\sigma_F^2} \dots\dots\dots(\text{Ec. 1})$$

Debido a que la base de datos con que se contó es administrada por los mismos productores, existe

4.0 program<sup>(23)</sup>. Heritability ( $h^2$ ) was estimated as the proportion of variance attributed to the animal factor ( $\sigma_a^2$ ) in relation to phenotypic variance ( $\sigma_F^2$ ), while repeatability ( $r$ ) was calculated as follows:

$$r = \frac{(\sigma_a^2 + \sigma_{HS}^2 + \sigma_{PE}^2)}{\sigma_F^2} \dots\dots\dots(\text{Equ. 1})$$

Because the database is administered by the producers, it contains a large number of natural mount sires with low progeny numbers. The low number of cows per contemporary group is another frequent problem. In response, calculation of the variance components was done using a database restricted using two criteria:

- Only AI sires with at least five daughters with a recorded first lactation were included.
- Contemporary group (HYS) size was adjusted so that groups contained a minimum of three cows per HYS by combining adjacent groups until reaching the required minimum.

*Breeding value estimation and accuracy*

After determining heritability and repeatability with REML, predicted breeding values (PBV) were calculated for animals in the original (non-restricted) database. The PBV for each animal in each breed was generated with the Best Linear Unbiased Predictions (BLUP) method<sup>(24)</sup> run in the PEST program<sup>(25)</sup>. These values were expressed in relation to the same database, that is, as deviations from the average breeding values for a specific group of animals<sup>(16)</sup>. The group used as the genetic baseline within each breed consisted of cows born in 2000.

The Sparse Matrix Package in PEST was used, meaning that accuracy ( $R_{IH}$ ) could be calculated directly based on the prediction standard error (PEE) reported by PEST for the PBV of each animal within the population:

$$R_{IH} = 1 - \left( \frac{PEE}{\sigma_a} \right) \dots\dots\dots(\text{Equ. 2})$$

una gran cantidad de sementales de monta natural con reducido número de progenie. Otro problema frecuente es la baja cantidad de hembras por grupo contemporáneo. Por estas razones el cálculo de componentes de varianza se realizó sobre una base de datos reducida, en la que se impusieron las siguientes restricciones:

Se incluyeron únicamente sementales de inseminación artificial que contaron con un mínimo de cinco hijas con una primera lactancia registrada.

Se ajustó el tamaño de los grupos contemporáneos (HAE) hasta contar con un mínimo de tres hembras por HAE. Esto se logró mediante la combinación de grupos adyacentes hasta reunir el mínimo requerido.

*Estimación de valores mejorantes y precisión*

Una vez obtenidos los índices de heredabilidad y repetibilidad mediante REML, se procedió al cálculo de los *valores mejorantes predichos* (VMP) de los animales incluidos en la base de datos original (no reducida). Los VMP de cada animal dentro de cada raza se obtuvieron mediante el método de *Mejores Predicciones Lineales Insegadas*(24), según se implementa en el programa de cómputo PEST(25). Estos VMP fueron expresados relativos a una misma *base genética*, es decir, como desviaciones del promedio de valores mejorantes de un grupo específico de animales(16). En el presente estudio el grupo utilizado como base genética dentro de cada raza estuvo conformado por las vacas nacidas durante el año 2000.

Se utilizó la opción disponible en PEST para inversión directa de matrices dispersas (*Sparse Matrix Package*), por lo que la precisión ( $R_{IH}$ ) pudo calcularse directamente con base en el error estándar de predicción (EEP) reportado por PEST para los VMP de cada animal dentro de la población, utilizando la fórmula:

$$R_{IH} = 1 - \left( \frac{E.E.P}{\sigma_a} \right) \dots\dots\dots(\text{Ec. 2})$$

*Estimation of genetic and environmental trends and Genotype-Environment interaction*

A linear regression analysis was done of the averages of corrected 305-d yield (C305) and cow PBV over birth years. The regression coefficients ( $\hat{a}$ , in kg year<sup>-1</sup>) were estimated as the rate of phenotypic and genetic increase, respectively, attained over time. For this purpose only those years were used in which a minimum of 200 cows with C305 and PBV were available.

In a parallel analysis, the magnitude of the G×E was estimated by choosing the AI sires with at least 10 daughters with production records distributed in at least two different herds in Costa Rica. Locally obtained PBV's were transformed into Predicted Transmitting Ability indices (PTA = ½ × PBV)(24), the most common way of expressing genetic evaluations in the USA. These PTA's were compared to the genetic evaluations database of the AIPL(14), which contains updated genetic evaluations of all Holstein and Jersey sires (n = 51,669) currently registered in the NAAB.

The G×E interaction level was estimated based on calculations of the parametric correlations between the PTA's in the present study and those reported by the AIPL(14). These were adjusted for differences in accuracy levels between the evaluations using the equation(10,11):

$$r_{g_{USA/CR}} = \frac{r_{USA/CR}}{\sqrt{R_{IH\_USA} \times R_{IH\_CR}}} \dots\dots\dots(\text{Equ. 3})$$

*Inbreeding levels*

The pedigree matrices were also used to evaluate inbreeding level trends in both populations. The inbreeding coefficient (F) for each individual in each breed was calculated as follows(24):

$$F_x = \sum_{CA=1}^k \left( \frac{1}{2} \right)^{n_1+n_2+1} (1 + F_{CA}) \dots\dots\dots(\text{Equ. 4})$$

CA= Common ancestor of father and mother of individual x, k= Total number of common ancestors to father and mother of individual x, n<sub>1</sub>= Number of

*Estimación de tendencias genéticas y ambientales e interacción Genotipo×Ambiente*

Se realizó un análisis de regresión lineal de los promedios de producción corregida a 305 días (PC305) y VMP de las vacas sobre los años de nacimiento. Los coeficientes de regresión ( $\hat{a}$ , en kg año<sup>-1</sup>) se interpretaron como estimados de la tasa de incremento fenotípico y genético, respectivamente, lograda a lo largo de los años. Para este análisis se seleccionaron los años en los cuales se contó con un mínimo de 200 vacas con PC305 y VMP.

Paralelamente, para estimar la magnitud de la interacción G×A se seleccionaron los sementales de IA con al menos 10 hijas con registros de producción distribuidas en al menos dos hatos distintos en Costa Rica. Los VMP obtenidos localmente fueron transformados a índices de *Habilidad Transmisora Predicha* (PTA =  $\frac{1}{2} \times \text{VMP}$ )<sup>(24)</sup>, que es la forma habitual en que se expresan las evaluaciones genéticas en USA. Estos PTA fueron cotejados contra la base de datos de evaluaciones genéticas del Laboratorio de Programas de Mejoramiento Animal<sup>(14)</sup>, la cual contiene información sobre evaluaciones genéticas actualizadas de todos los sementales Holstein y Jersey ( $n = 51,669$ ) inscritos hasta el momento en la NAAB.

El nivel de interacción GxA se estimó con base en el cálculo de correlaciones paramétricas entre los PTA obtenidos en el presente estudio y los reportados por AIPL<sup>(14)</sup>, las cuales fueron ajustadas por las diferencias en niveles de precisión entre ambas evaluaciones, utilizando la siguiente ecuación<sup>(10,11)</sup>:

$$r_{g_{USA/CR}} = \frac{r_{USA/CR}}{\sqrt{R_{IH\_USA} \times R_{IH\_CR}}} \dots\dots (Ec. 3)$$

*Niveles de consanguinidad*

Las matrices de pedigrí se utilizaron también para evaluar las tendencias en niveles de consanguinidad en ambas poblaciones. El coeficiente de consan-

generations between CA and father of x,  $n_2$  = Number of generations between CA and mother of x.

The coefficients were generated using the PEDVIEW program<sup>(26)</sup>. Inbreeding trends were quantified with a linear regression of the inbreeding averages over birth year for individuals within each breed.

**RESULTS AND DISUSSION**

Average C305 for the Holstein population (H) was  $6,281 \pm 2,098$  kg ( $n=114,118$ ) and that for the Jersey population (J) was  $4,731 \pm 1365$  kg ( $n=71,842$ ). These are much lower than for both breeds in the USA (H=11,920 kg; J=8,540 kg)<sup>(14)</sup>, although that for the Holstein population is similar to values reported for Latin America<sup>(9,10,12)</sup>. Both breeds had highly variable C305, which is probably due to marked differences in management practices and climate conditions in the different life zones where the farms are located. The average number of daily production records per lactation was 16.6, indicating high data availability. In addition, 71 % of the collected records had intervals of less than two weeks between milk weightings.

*Variance components*

Heritability indices were 0.19 (H) and 0.21 (J) (Table 1), which are lower than the 0.36 for

Cuadro 1. Componentes de varianza (expresados como proporción de la varianza fenotípica total), heredabilidad y repetibilidad para producción de leche por lactancia en ganado Holstein y Jersey de Costa Rica

Table 1. Variance components (expressed as a proportion of total phenotypic variance), heritability and repeatability for milk yield per lactation for Holstein and Jersey cattle in Costa Rica

Component	Holstein		Jersey	
	Proportion	S.E	Proportion	S.E
Herd×Sire ( $s^2_{hs}$ )	0.032	0.006	0.028	0.006
Permanent Environment ( $s^2_{pe}$ )	0.224	0.013	0.284	0.013
Animal ( $s^2_a$ )= ( $h^2$ )	0.188	0.015	0.205	0.015
Residual ( $s^2_e$ )	0.556	0.006	0.483	0.006
Repeatability	0.444		0.517	

guinidad (F) para cada individuo dentro de raza fue calculado como<sup>(24)</sup>:

$$F_x = \sum_{CA=1}^k \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2+1} (1 + F_{CA}) \dots\dots\dots \text{(Ec. 4)}$$

AC= Ancestro común de padre y madre de individuo x, k= Número total de ancestros comunes a padre y madre de individuo x, n<sub>1</sub>= Número de generaciones entre AC y padre de x, n<sub>2</sub>= Número de generaciones entre AC y madre de x.

Estos coeficientes fueron obtenidos utilizando el programa de cómputo PEDVIEW<sup>(26)</sup>. Para cuantificar las tendencias en consanguinidad, se realizó un análisis de regresión lineal de los promedios de consanguinidad sobre los años de nacimiento de los individuos de la población dentro de cada raza.

**RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

El promedio de PC305 para la raza Holstein fue de 6,281 ± 2,098 kg (n= 114,118) y para la raza Jersey fue 4,731 ± 1365 kg (n= 71,842). Estos promedios son mucho menores a los mencionados para ambas razas en USA (H=11,920 kg; J=8,540 kg)<sup>(14)</sup> pero similares, en cuanto a la raza Holstein, a otros valores reportados en Latinoamérica<sup>(9,10,12)</sup>. Cabe señalar la alta variabilidad que se observa

Holstein and 0.26 for Jersey for 305-d milk yield (Mature Equivalent) in Costa Rica<sup>(5)</sup>. In contrast, another study in the same population showed a h<sup>2</sup> of only 0.10<sup>(4)</sup>. Repeatability in this same study was 0.45 for Holstein and 0.49 for Jersey, which are near the values observed here (H=0.44 and J=0.52, Table 2). Heritability (h<sup>2</sup>) index values higher than the present values have been reported for Holstein (0.49) and Jersey (0.48), although with greater standard errors (0.17 and 0.25, respectively)<sup>(7)</sup>. The present study includes a considerably larger amount of data from more diverse environments than the above studies, which was the origin of the observed differences, including notable differences in pedigree matrix complexity and the statistical models.

The h<sup>2</sup> index values observed here are also lower than those reported by the AIPL for the same breeds in the USA, which range from 0.25 to 0.35<sup>(14)</sup>. It may be that the additive genetic variance (h<sup>2</sup>) proportion was lower under local conditions given that heterogeneity in local management systems and climate conditions was probably higher than in the USA. This would coincide with the lower additive genetic variance reported for Latin American countries when compared to the USA<sup>(8,11)</sup>.

The proportion of variance attributed to the herd × sire interaction is small (H=0.03, J=0.03) in relation to other model components. The values

Cuadro 2. Promedio (±E.E) de Valores Mejorantes Predichos (PBV) y precisión(R<sub>IH</sub>) según grupo animal dentro de raza

Table 2. Average (±S.E) predicted breeding values (PBV) and accuracy (R<sub>IH</sub>) according to animal group within breed

Animal group	Holstein			Jersey		
	n	PBV (kg)	R <sub>IH</sub> (%)	n	PBV (kg)	R <sub>IH</sub> (%)
AI (NAAB) Sires*	831	310.8±12.8	56.5±0.54	324	315.3±15.4	61.1±0.89
AI (CR) Sires**	15	116.2±79.3	46.1±6.74	11	173.3±82.0	55.3±6.36
Natural Mount Sires	886	-2.14±6.3	9.83±0.51	639	1.97±5.2	7.72±0.55
C305 Cows	44,871	117.7±1.6	34.2±0.05	26,147	131.9±1.7	35.7±0.07

\* Includes only sires with at least one producing daughter in Costa Rica. Average daughters per sire in this group was 26.7, distributed in 7.6 herds.

\*\* Locally bred and selected sires.



para ambas razas, lo cual podría estar ligado a diferencias marcadas tanto en manejo, como en condiciones climáticas de las distintas zonas de vida donde se ubican las explotaciones. El número promedio de registros de producción diaria disponible por lactancia fue de 16.6; lo cual indica una alta disponibilidad de información. Se determinó además que un 71 % de los registros colectados presentaron intervalos entre pesajes de leche menores a dos semanas.

#### *Componentes de varianza*

El Cuadro 1 muestra los resultados obtenidos para el cálculo de componentes de varianza. Como se observa, los índices de heredabilidad fueron de 0.19 (H) y 0.21 (J), los cuales son menores a los reportados por un estudio anterior<sup>(5)</sup>, de 0.36 y 0.26 para producción de leche a 305 d (Equivalente Maduro) en ganado Holstein y Jersey de Costa Rica, respectivamente. Otro estudio dentro de la misma población; reportó, sin embargo, un índice de  $h^2$  de tan sólo 0.10<sup>(4)</sup>. Este mismo estudio reportó índices de repetibilidad de 0.45 y 0.49 para Holstein y Jersey, respectivamente; los cuales son bastante cercanos a los obtenidos en nuestro estudio (H=0.44 y J=0.52, Cuadro 2). Otros autores reportaron índices de  $h^2$  de 0.49 y 0.48 para Holstein y Jersey, respectivamente, mayores a los encontrados en el presente estudio, aunque con errores estándares de mayor magnitud, 0.17 y 0.25, respectivamente<sup>(7)</sup>. Cabe señalar que el presente estudio incluye un volumen considerablemente mayor de información proveniente de mayor diversidad de ambientes, lo cual sea el causante de las diferencias observadas, además de otras diferencias importantes en la complejidad de la matriz de pedigrí y en los modelos estadísticos utilizados.

Los índices obtenidos en el presente estudio son también menores que los reportados por AIPL<sup>(14)</sup> para las mismas razas en USA, los cuales oscilan entre 0.25 y 0.35. Es posible que la proporción de varianza genética aditiva ( $h^2$ ), sea menor para las condiciones locales, considerando que probablemente hay mayor heterogeneidad entre sistemas de manejo y condiciones climáticas en comparación

are similar to values reported for herds in California and New York<sup>(21)</sup>, and lower than the 0.07 assumed for AIPL evaluations<sup>(14)</sup>. Given this low value, large differences in yield would not be expected between progeny from the same sire but in different herds in Costa Rica. However, the number of daughters with production per sire and herd varied widely in the present study, and only a small number of sires had progeny uniformly distributed in different herds.

The proportion of observed variance for the permanent environment effect (H= 0.22, J=0.28) was similar to the 0.24 and 0.31 reported in another study<sup>(21)</sup>, and similar to the 0.18 assumed by the AIPL<sup>(14)</sup>.

Based on these results, the main difference in variance components between the Costa Rican populations and those in the USA lays in the lower animal component values, that is, a lower heritability for milk production. Heritability of this trait may also vary considerably at a local level, although this effect was not quantified here.

#### *Phenotypic, genetic and environmental trends*

Average PBV and  $R_{IH}$  for groups of particular interest within both breed populations showed clear differences between groups (Table 2). Higher PBV values were observed for the AI (NAAB) sires than for AI (CR) sires ( $P < 0.05$  for H,  $P < 0.10$  for J), with an even greater difference between AI (NAAB) sires and natural mount sires ( $P < 0.01$  for H and J). The AI (CR) sires formed part of a small progeny test project<sup>(3,4)</sup> and were mostly the product of crosses between NAAB sires and outstanding cows in local herds with known genetic superiority. Although the test group was small and the PBV standard errors were high, it is clear that their yield tended to be lower than the NAAB sires. One of the disadvantages of the progeny test on a local level is the presence of low selection intensity due to the small population size. Accuracy for the local evaluation of the AI (NAAB) sires group was 56.5 % (H) and 61.1 % (J), which is low when compared to levels in evaluations of the same sires by the AIPL. The PBV's for the AI

con USA. Otros estudios también han reportado una varianza genética aditiva menor en países latinoamericanos comparados con USA<sup>(8,11)</sup>.

Es importante notar que la proporción de varianza atribuida al factor de interacción hato × semental es pequeña ( $H=0.03$ ,  $J=0.03$ ) en relación a los demás componentes del modelo. Este estimado es similar al 0.023 reportado por otro estudio con datos provenientes de hatos de California y Nueva York<sup>(21)</sup>, e inferior al valor de 0.07 que es asumido para las evaluaciones realizadas por AIPL<sup>(14)</sup>. Este bajo valor indica que no se esperarían mayores diferencias en rendimiento entre progenies de un mismo semental en distintos hatos dentro de Costa Rica. Cabe señalar sin embargo que en el presente estudio el número de hijas con producción por semental y hato varió ampliamente, y solamente un número relativamente reducido poseen progenie distribuida uniformemente en varios hatos.

Por otra parte, la proporción de varianza observada para el efecto de ambiente permanente ( $H=0.22$ ,  $J=0.28$ ) es similar a la reportada por otro estudio<sup>(21)</sup>, la cual osciló entre 0.24 y 0.31, y también semejante al 0.18 asumido por AIPL<sup>(14)</sup>.

(NAAB) sires were also higher than for the cows, whereas the PBV's of the AI (CR) sires were lower than those of the cows. This reemphasizes the disadvantage of sires selected under local conditions.

Average accuracy for the PBV of producing cows was 34.2 % (H) and 35.7 % (J). Distribution of the cow accuracy estimates was irregular largely because the number of available lactations per cow varied widely, as did the amount of data available from the pedigree. As expected, cow PBV accuracy was less than that of the AI sires, but higher than that of the natural mount sires since the latter were employed only at the individual farm level.

The regression analysis of the phenotypic and genetic values for C305 according to birth year showed an average phenotypic increase of 97.1 kg lactation<sup>-1</sup> year<sup>-1</sup> ( $P<0.01$ ) for Holstein cows and 76.4 kg lactation<sup>-1</sup> year<sup>-1</sup> ( $P<0.01$ ) for Jersey cows (Figure 1). Genetic increases were 6.76 kg lactation<sup>-1</sup> year<sup>-1</sup> for Holstein cows and 7.95 kg lactation<sup>-1</sup> year<sup>-1</sup> for Jersey cows (Figure 2). This means that most of the observed improvements in production were caused by environmental factors, and genetic factors had only a minor effect.

Figura 1. Tendencias fenotípicas en producción de leche a 305 días para vacas de razas Holstein y Jersey en Costa Rica

Figure 1. Phenotypic trends in 305-day milk yield for Holstein and Jersey cows in Costa Rica

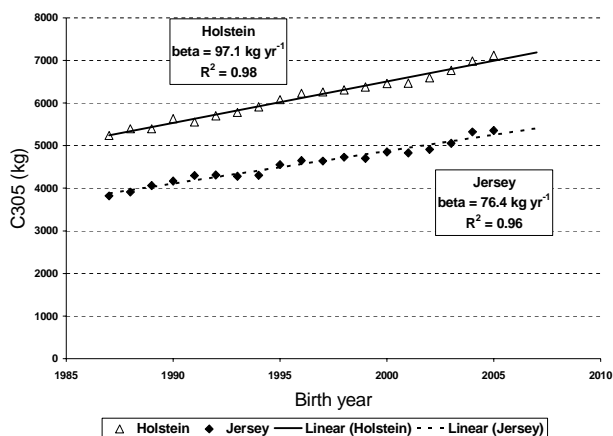
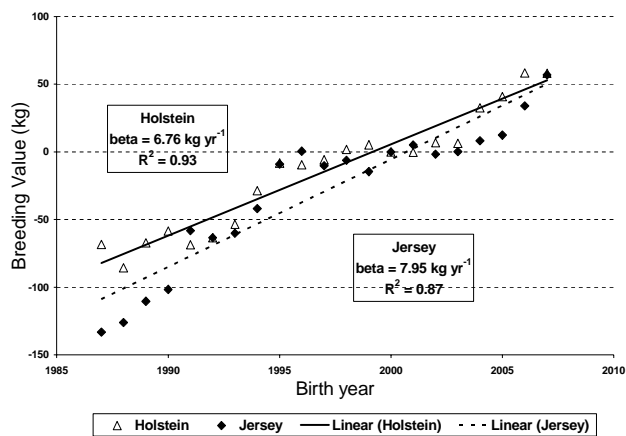


Figura 2. Tendencias genéticas en producción de leche a 305 días para vacas de razas Holstein y Jersey en Costa Rica

Figure 2. Genetic trends in 305-day milk yield for Holstein and Jersey cows in Costa Rica



De acuerdo con estos resultados la principal diferencia en componentes de varianza para la población local en comparación con USA radica en el menor valor obtenido para el componente animal, es decir, una menor heredabilidad para producción de leche. Es posible que esta heredabilidad varíe también considerablemente entre distintas zonas a nivel local, efecto que no fue cuantificado en el presente estudio.

#### *Tendencias fenotípicas, genéticas y ambientales*

El Cuadro 2 presenta los promedios de VMP y  $R_{IH}$  obtenidos para algunos grupos animales de interés dentro de ambas poblaciones. Es posible notar diferencias importantes entre los grupos. Se observaron mayores VMP para los sementales de IA (NAAB) en comparación con los toros IA locales ( $P < 0.05$  para H,  $P < 0.10$  para J) y aún mayor diferencia con respecto a los toros de Monta Natural ( $P < 0.01$  para H y J). Los sementales de IA locales formaron parte de un pequeño proyecto de prueba de progenie<sup>(3,4)</sup> y fueron en su mayoría el producto del cruce de sementales de la NAAB apareados con vacas sobresalientes en hatos locales de reconocida superioridad genética. Si bien es un grupo pequeño y los errores estándares de los VMP son altos, se observa que su rendimiento tiende a ser inferior a los toros NAAB. Una de las desventajas de la prueba de progenie a nivel local radica en la baja intensidad de selección debido al reducido tamaño de población. Asimismo, la precisión para la evaluación local del grupo de toros de IA (NAAB) fue de 56.5 % (H) y 61.1 % (J), lo que es bajo si se compara con los niveles que se reportan en las evaluaciones realizadas a estos mismos toros por AIPL. Se observa también que los VMP de los sementales IA (NAAB) son mayores que los de las vacas, no así los VMP de sementales IA (CR). Nuevamente esto indicaría una desventaja de los sementales seleccionados en condiciones locales.

El promedio de precisión para los valores mejorantes predichos de las vacas con producción fue de 34.2 % (H) y 35.7 % (J). La distribución de los estimados de precisión de las vacas fue bastante irregular, debido principalmente a que el

Although the  $R^2$  values for the regressions over the PBV's were high ( $H=0.93$ ,  $J=0.87$ ), the averages for consecutive years exhibited notable fluctuations. The fact that no well-structured genetic improvement program exists undoubtedly affects this variability; there is no control of imported genetic material or its use at the individual farm level. However, this fluctuation may also be partially due to random variation or limitations in the data structure and the statistical model used. One known limitation of the analysis is that it did not contemplate previous adjustments for variance heterogeneity between herds and years, which are included in AIPL evaluations<sup>(14)</sup>. This adjustment could eliminate a portion of the fluctuation observed in genetic trends.

In a previous study in the same population, estimated average phenotypic increase was 72.4 kg  $\text{cow}^{-1} \text{year}^{-1}$ <sup>(4)</sup>, while in another study the annual phenotypic increases were 111.3 kg in Holstein and 91.3 kg in Jersey<sup>(5)</sup>. Phenotypic increases of 59.2 kg in milk production have been reported for Holstein cows<sup>(6)</sup>, which is near the range observed here.

The genetic progress observed here is much lower than reported for the same breeds in the USA; these are higher than 70 kg  $\text{lactation}^{-1} \text{year}^{-1}$ , according to calculations based on trends reported by the AIPL<sup>(14)</sup>. Clearly, the high levels reported for the USA can be attained because of the high intensity selection applied in these populations. A previous study in Costa Rica contains reported genetic increases of 44 kg  $\text{lactation}^{-1} \text{year}^{-1}$  for Holstein and 24 kg  $\text{lactation}^{-1} \text{year}^{-1}$  for Jersey<sup>(5)</sup>, which are greater than observed here. Heredability indices were also higher in this study. It is quite possible that these differences in genetic trends and heritability are mainly due to inclusion in the present study of animals from a wider variety of areas and farming systems within the country, and partially due to the statistical models and previous corrections used here.

#### *Genotype-Environment Interaction*

The regression and correlation analyses between PTA values for the USA and Costa Rica for AI

número de lactancias disponibles para cada vaca varió ampliamente, así como también varió la cantidad de información disponible por medio del pedigrí. Como es de esperar, la precisión de los VMP de las vacas es menor en comparación con el obtenido para los toros IA, no así con respecto a los toros de Monta Natural, ya que estos son utilizados casi exclusivamente a nivel de explotaciones individuales.

Las Figuras 1 y 2 muestran los resultados del análisis de regresión de valores fenotípicos y genéticos para PC305 de vacas Holstein y Jersey según año de nacimiento. Se obtuvo un incremento fenotípico promedio de 97.1 kg lactancia<sup>-1</sup> año<sup>-1</sup> ( $P < 0.01$ ) para la raza Holstein y de 76.4 kg lactancia<sup>-1</sup> año<sup>-1</sup> ( $P < 0.01$ ) para la raza Jersey, mientras que los incrementos genéticos fueron de 6.76 kg lactancia<sup>-1</sup> año<sup>-1</sup> y 7.95 kg lactancia<sup>-1</sup> año<sup>-1</sup>, respectivamente. Esto significa que la gran mayoría las mejoras observadas en producción son causadas por factores ambientales y una menor parte por factores genéticos.

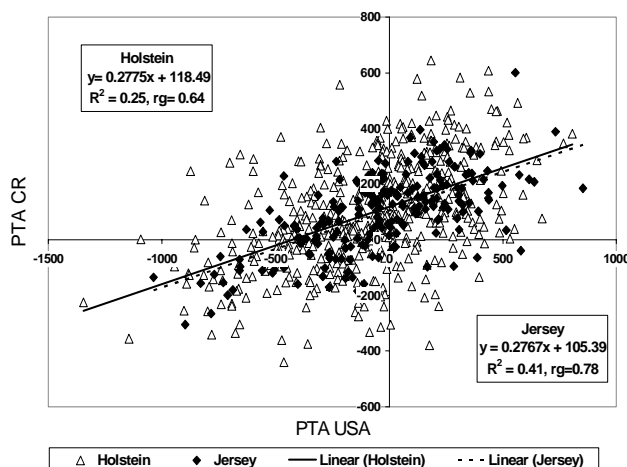
Aunque los  $R^2$  para las regresiones sobre los VMP fueron altos ( $H=0.93$ ,  $J=0.87$ ), se observaron considerables altibajos en los promedios observados para años consecutivos. Sin duda, el hecho de que no exista un programa de mejoramiento genético debidamente estructurado tiene un impacto sobre esta variabilidad, ya que no existe en realidad ningún tipo de control sobre el material genético que se importa, ni tampoco sobre el uso que se le da a nivel de cada explotación. Sin embargo, es probable que estas fluctuaciones también sean en parte debidas a variación aleatoria o a limitaciones en la estructura de los datos y el modelo estadístico utilizado. Una limitante del análisis realizado es que no se consideraron ajustes previos por heterogeneidad de varianzas entre hatos y años, como sí se consideran en las evaluaciones por AIPL<sup>(14)</sup>. Este ajuste podría eliminar parte de la fluctuación que se observa en las tendencias genéticas.

En un estudio realizado anteriormente dentro de la misma población se estimó un aumento fenotípico promedio de 72.4 kg vaca<sup>-1</sup>año<sup>-1</sup>(<sup>4</sup>), y en otro

sires with at least ten daughters in at least two different herds in Costa Rica showed the average number of daughters per AI sire in Costa Rica to be 35.7, distributed in 10.2 herds (Figure 3). Genetic correlations were 0.64 for Holstein and 0.78 for Jersey, both of which are different ( $P < 0.01$ ) from the unit. In the Jersey sires, the PTA's were less variable and tended to be closer to the regression line. There were also a large number of sires, mostly Holstein, with a PTA lower than the average in one country and higher than the average in the other country (Figure 3: lower right and upper left quadrants). This indicates that the range of a single sire can vary considerably between the two countries, and highlights the existence of  $G \times E$ , particularly in the Holstein breed. Relative yield of the daughters of these sires also differed between the two countries, with Jersey cows having a lower degree of  $G \times E$  due to the greater adaptability of this breed to tropical conditions.

Figura 3. Análisis de Regresión ( $PTA_{(Costa Rica)} = Y_0 + \beta \times PTA_{(USA)}$ ) y Correlación entre Habilidad Transmisora Predicha (kg) para producción de leche a 305 d de sementales Holstein y Jersey calculados por AIPL/USDA vs Costa Rica

Figure 3. Regression analysis ( $PTA_{(Costa Rica)} = Y_0 + \beta \times PTA_{(USA)}$ ) and correlation between predicted transmitting ability (kg) for 305-d milk yield of Holstein and Jersey sires calculated by AIPL/USDA (PTA USA) vs Costa Rica (PTA CR)





aumentos fenotípicos anuales de 111.3 kg en Holstein y 91.3 kg para Jersey<sup>(5)</sup>. Otros autores encontraron incrementos fenotípicos de 59.2 kg en producción de leche para la raza Holstein<sup>(6)</sup>, valores que se encuentran aproximadamente en el mismo rango de los valores observados en el presente estudio.

En cuanto al avance genético, se observa que los incrementos obtenidos a nivel local son mucho menores a los que se reportan para estas razas en USA, los cuales superan los 70 kg lactancia<sup>-1</sup>año<sup>-1</sup>, según cálculos basados en tendencias reportadas por AIPL<sup>(14)</sup>. Es evidente que estas altas tasas son logradas gracias a la alta intensidad de selección que se practica dentro de estas poblaciones. A nivel local, un estudio previo<sup>(5)</sup> reportó incrementos genéticos de 44 y 24 Kg lactancia<sup>-1</sup> año<sup>-1</sup> para Holstein y Jersey, respectivamente, valores mayores a los encontrados en el presente estudio. Dicho estudio reportó también mayores índices de heredabilidad. Es posible que las diferencias en heredabilidad y tendencias genéticas entre ambos estudios radiquen principalmente en la inclusión de animales provenientes de una mayor variedad de zonas y sistemas de manejo dentro del país; y parcialmente en los modelos estadísticos y en las correcciones previas que se utilizaron.

#### *Interacción Genotipo x Ambiente*

En la Figura 3 se presentan los resultados de los análisis de regresión y correlación entre valores de PTA en USA y Costa Rica, para toros de IA con al menos 10 hijas en al menos dos hatos distintos en Costa Rica. Cabe señalar que el promedio de hijas en Costa Rica para este grupo de toros fue de 35.7, distribuidas en 10.2 hatos. Las correlaciones genéticas fueron de 0.64 para Holstein y 0.78 para Jersey, ambas significativamente distintas de la unidad ( $P < 0.01$ ). Los PTA de los toros Jersey (puntos oscuros) presentan menor variabilidad y tienden a ser más próximos a la línea de regresión. Según se observa hay gran cantidad de toros, mayormente de raza Holstein, cuyos PTA son menores al promedio en un ambiente, y mayores que el promedio en el otro ambiente (cuadrantes inferior derecho y superior izquierdo). Esto indica

Genetic correlations between milk production PBV have been quantified between a number of countries (e.g. 0.60 - 0.90<sup>(9,10)</sup> between Mexico and USA; 0.85 between Brazil and USA<sup>(11)</sup>; 0.78 between Colombia and USA<sup>(9)</sup>; 0.74 between Brazil and Colombia<sup>(12)</sup>; and 0.81 between Spain and USA<sup>(13)</sup>), and in some cases have derived in substantial changes in ranking of sires within both environments. In the present study, regression coefficient between the PTA's in both countries (Figure 3) were also obtained. For both breeds, these coefficients were highly significant ( $H=0.28$  and  $J=0.28$ ,  $P < 0.01$ ). However, according to the  $R^2$  the prediction power of the linear regression equation is quite low ( $H=0.25$ ,  $J=0.41$ ), meaning that the genetic merit of a sire in Costa Rica cannot be estimated based only on its performance in the USA. In addition, the fact that both coefficients were less than 1 indicates that the expected genetic response in Costa Rica is less than observed in the USA.

#### *Inbreeding levels*

Average inbreeding for cows born in 2007 was low ( $H=0.75$  %,  $J=1.21$  %), especially when compared to reported averages for cows of both breeds born in 2006 in the USA ( $H= 5.31$  %;  $J= 7.16$  %)<sup>(14)</sup>. There is a local trend towards increased inbreeding

Cuadro 3. Distribución de vacas de razas Holstein y Jersey según nivel de consanguinidad

Table 3. Distribution of Holstein and Jersey cows according to level of inbreeding

Level of inbreeding (%)	Holstein		Jersey	
	n	%	n	%
0	35360	78.80	20088	76.83
< 5	9015	20.09	5274	20.17
5 - 10	383	0.85	659	2.52
10 - 15	33	0.07	74	0.28
15 - 20	2	0.00	3	0.01
20 - 25	60	0.13	38	0.15
>25	18	0.04	11	0.04

Includes only cows with milk production records.

que el rango de un toro dentro de la población puede variar considerablemente entre ambos países.

Este resultado indica claramente la existencia de interacción  $G \times A$ , mayormente en la raza Holstein. Los rendimientos relativos de las hijas de estos sementales difieren significativamente entre los dos ambientes comparados. En cuanto a Jersey, parece existir un menor grado de interacción  $G \times A$ , debido probablemente a la mayor adaptabilidad de esta raza a las condiciones tropicales.

Varios estudios muestran correlaciones genéticas entre VMP para producción de leche obtenidos en distintos países: valores que oscilaron entre 0.60 y 0.90<sup>(9,10)</sup> entre México y USA; 0.85 entre Brasil y USA<sup>(11)</sup>, 0.78 entre Colombia y USA<sup>(9)</sup>, 0.74 entre Brasil y Colombia<sup>(12)</sup> y 0.81 entre España y USA<sup>(13)</sup>. En algunos casos estas correlaciones derivan en cambios sustanciales en el ordenamiento jerárquico de sementales en ambos ambientes.

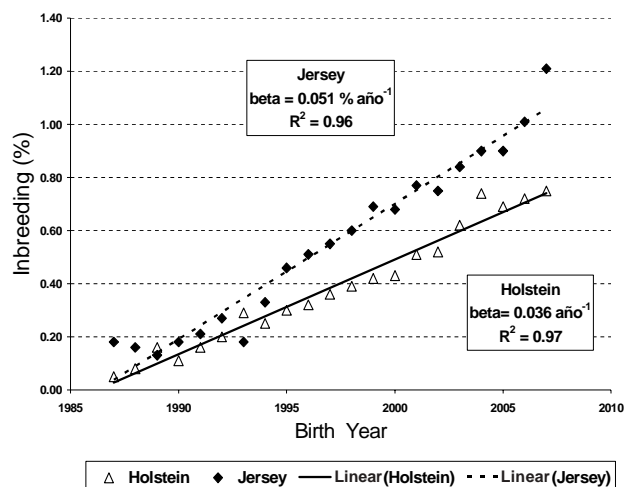
En el presente estudio se calcularon además ecuaciones de regresión entre PTA obtenidos en ambos ambientes (Figura 3). En ambas razas, el coeficiente de regresión entre ambos países fue altamente significativo ( $H=0.28$ ,  $P<0.01$ ;  $J=0.28$ ,  $P<0.01$ ), sin embargo, el poder de predicción de la ecuación de regresión lineal, de acuerdo con los  $R^2$ , es muy bajo ( $H=0.25$ ,  $J=0.41$ ), lo que significa que no es factible estimar el mérito genético de un toro en Costa Rica basándose exclusivamente en el rendimiento mostrado en USA. Asimismo, el hecho de que ambos coeficientes sean menores que 1 indican que la respuesta genética esperada a nivel local es menor a la observada en USA.

#### Niveles de consanguinidad

Los resultados del análisis de consanguinidad se presentan en el Cuadro 3 y la Figura 4. Los promedios de consanguinidad para hembras nacidas en el año 2007 son bajos ( $H=0.75\%$ ,  $J=1.21\%$ ), sobretodo si se comparan con los promedios reportados para hembras de ambas razas nacidas en el año 2006 en USA<sup>(14)</sup>, los cuales son de 5.31 % para Holstein y 7.16 % para Jersey; sin embargo, localmente se observa una clara tendencia creciente en ambas razas, y con mayor celeridad en Jersey. Entre las

Figura 4. Tendencias en niveles de consanguinidad en las poblaciones de ganado Holstein y Jersey en Costa Rica

Figure 4. Level of inbreeding trends in Holstein and Jersey dairy cattle populations in Costa Rica



in both breeds, although this is more accelerated in the Jersey population. Among producing cows, 21.2 % of the Holstein and 23.2 % of the Jersey have some degree of inbreeding. In reality, these values are probably underestimated because the level of accuracy in genealogical records varies widely between farms. In farms with consistent genealogical records for more than a decade and where AI is used intensively, average inbreeding is higher than 2.5 %.

#### CONCLUSIONS AND IMPLICATIONS

Average genetic variance for 305-d milk yield in Costa Rican populations of Holstein and Jersey cows is near 20 %. The environmental and genetic trends for milk production in both breeds are positive, although the proportion attributable to genetic improvement is low compared to the phenotypic increase. This is probably caused by the lack of control over import of genetic material into Costa Rica and how it is used. The genotype-environment interaction had a significant effect on milk production in both breeds, but was particularly

vacas con producción, el porcentaje de individuos con algún grado de consanguinidad fue de 21.2 % en Holstein y 23.2 % en Jersey. Cabe señalar que estos valores probablemente subestiman la situación real, ya que existe mucha variación en el grado de precisión con que se llevan los registros genealógicos en las fincas. Al explorar las tendencias dentro de fincas con uso intensivo de IA y registros genealógicos consistentes por más de una década, se observa que los promedios de consanguinidad ya sobrepasan el 2.5 %.

## CONCLUSIONES E IMPLICACIONES

Los resultados obtenidos en este estudio indican que la varianza genética aditiva para producción de leche a 305 días existente en las poblaciones locales es cercana al 20 %. Las tendencias ambientales y genéticas para la producción de leche obtenidas para ambas razas son positivas, sin embargo, la proporción atribuible a mejoramiento genético es baja en relación al incremento fenotípico. Es probable que esto se deba a que no ha existido control sobre el material genético que ingresa al país y sobre la forma en que se utiliza. Este estudio demuestra un efecto significativo de interacción  $G \times A$  para producción de leche, principalmente para la raza Holstein. En Jersey el efecto es menor, pero también significativo. La existencia de interacción  $G \times A$  implica que el sector productivo involucrado debe reconsiderar las políticas de mejoramiento basadas exclusivamente en importación de material genético. Este estudio demuestra también que los niveles de consanguinidad dentro de ambas raza son todavía bajos pero tienden a incrementarse con bastante celeridad, sobre todo en los hatos que hacen uso intensivo de IA. Es importante que esta tendencia sea revertida o por lo menos estabilizada mediante la planificación adecuada de los cruzamientos y la diversificación en el uso de los sementales.

## LITERATURA CITADA

1. Bourdon RM. Understanding animal breeding. New Jersey, USA:Prentice Hall Inc.; 1997.

marked for the Holstein breed. Existence of this interaction implies that dairy producers need to reconsider the current genetic improvement strategy based almost exclusively on importing genetic material. Inbreeding levels in both breeds are still low but are rapidly increasing, especially in herds experiencing intensive use of AI. This trends needs to be reversed, or at least stabilized, through adequate planning of crosses and diversification in the use of sires.

*End of english version*

- 
2. Pérez E, Baayen MT, Capella E, Barkema H. Development of a livestock information system for Costa Rica. In: Kuil H, Palin RW, Huhn JE editors. Livestock production and diseases in the tropics. Proc IV Internl Conf Inst Trop Vet Med Utrecht, The Netherlands. 1989:221-224.
  3. Beck E, Aragón A. La inseminación artificial y su efecto en el mejoramiento genético a corto plazo. El Ganadero 1993;16:15-21.
  4. Soto H, Aragón A, Beck E. Predicción del mérito genético para la producción láctea de reproductores Holstein del hato nacional a través del modelo animal y la metodología de modelos mixtos. VI Congreso Internacional de Biomatemática. San José, Costa Rica. 1993.
  5. Vargas B, Solano C. Tendencias genéticas y ambientales en producción de leche en vacas lecheras de Costa Rica. Arch Latinoam Prod Anim 1995;3(2):165-177.
  6. Godínez J. Caracterización fenotípica y evaluación genética de la raza Holstein para producción láctea, días abiertos e intervalo entre partos [tesis licenciatura]. San José, Costa Rica: Universidad de Costa Rica; 1996.
  7. Gómez H, Tewolde A. Parámetros genéticos para producción de leche, evaluación de sementales y caracterización de fincas lecheras en el trópico húmedo de Costa Rica. Arch Latinoam Prod Anim 1999;7(1):19-37.
  8. Stanton TL, Blake RW, Quaas RL, Van Vleck LD. Response to selection of United States Holstein sires in Latin America. J Dairy Sci 1991;(74):651-664.
  9. Stanton TL, Blake RW, Quaas RL, Van Vleck LD, Carabaño MJ. Genotype by environment interaction for Holstein milk yield in Colombia, Mexico, and Puerto Rico. J Dairy Sci 1991;(74):1700-1714.
  10. Cienfuegos-Rivas EG, Oltenacu PA, Blake RW, Schwager SJ, Castillo-Juarez H, Ruiz FJ. Interaction between milk yield of Holstein cows in Mexico and the United States. J Dairy Sci 1999;(82):2218-2223.
  11. Costa CN, Blake RW, Pollak EJ, Oltenacu PA, Quaas RL, Searle SR. Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States. J Dairy Sci 2000;(83):2963-2974.
  12. Cerón-Muñoz MF, Tonhati H, Costa CN, Rojas Sarmiento D, Solarte Portilla C. Interacao genótipo-ambiente em bovinos da raça holandesa brasileiros e colombianos. Arch Zootec 2004;(53):239-248.

13. Carabaño MJ, Van Vleck, LD, Wiggans, GR, Alenda, R. Estimation of genetic parameters for milk and fat yields of dairy cattle in Spain and the United States. *J Dairy Sci* 1989;(72):3013-3022.
14. A.I.P.L. Animal Improvement Program Laboratory. United States Department of Agriculture. Agric Res Serv [on line]. <http://www.aipl.arsusda.gov/>. Accessed Jan 15, 2008.
15. Smith LA, Cassell BG, Pearson RE. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. *J Dairy Sci* 1998;(81):2729-2737.
16. Romero ZJJ. Retención de membranas fetales: caracterización y definición de factores de riesgo en hatos bovinos de lechería especializada en tres zonas de Costa Rica [tesis maestría]. Heredia, Costa Rica: Universidad Nacional; 1997.
17. Noordhuizen JPTM, Buurman J. Veterinary automated management and production control program for dairy farms (VAMPP). The application of MUMPS for data processing. *Veterinary* 1984;(6):62-77.
18. Gamboa ZG. Evaluación de efectos ambientales y genéticos sobre producción de leche de vacas Holstein y Jersey en Costa Rica [tesis maestría]. San José, Costa Rica: Universidad Nacional de Costa Rica; 2005.
19. Wiggans GR, Misztal I, Van Vleck LD. Implementation of an animal model for genetic evaluation of dairy cattle in the United States. *J Dairy Sci* 1988;71(Suppl 2):54-69.
20. Holdridge LR. *Ecología basada en zonas de vida*. Traducido por Jiménez SH. San José, Costa Rica: IICA; 1987.
21. Dimov G, Albuquerque LG, Keown JF, Van Vleck LD, Norman HD. Variance of interaction effects of sire and herd for yield traits of Holsteins in California, New York, and Pennsylvania with an animal model. *J Dairy Sci* 1995;(78):939-946.
22. Neumaier A, Groeneveld E. Restricted Maximum likelihood Estimation of covariances in sparse linear models. *Genet Sel Evol* 1998;(30):3-26.
23. Groeneveld E. VCE4. Restricted Maximum Likelihood. Variance Component Estimation Package User's Guide version 4. Institute of Animal Husbandry and Animal Ethology. (FAL) Fed Res Centr Agric. Germany. 1998.
24. Bourdon RM. *Understanding animal breeding*. NJ USA: Prentice Hall; 1997.
25. Groeneveld E. PEST user's manual. Institute of Animal Behavior. (FAL) Fed Agric Res Centr. Germany. 1990.
26. Kinghorn, B. PEDVIEW. Versión 5.3. Programa para la construcción de matrices de parentesco y graficación de árboles de pedigrí. University of New England [en línea]. <http://metz.une.edu.au/~bkinghor/> Consultado 15 Ene, 2008.