



Revista de la Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia

ISSN: 0120-2952

ISSN: 2357-3813

Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia
Universidad Nacional de Colombia

Amaya, A.; Martínez, R.; Cerón-Muñoz, M. F.

Parámetros genéticos para producción de leche en ganado Simmental (*Bos taurus*) mediante modelos genómicos y poligénicos

Revista de la Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, vol. 66, núm. 2, 2019, Mayo-Agosto, pp. 131-140

Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia Universidad Nacional de Colombia

DOI: <https://doi.org/10.15446/rfmvz.v66n2.82431>

Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=407663004>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org
UAEM

Sistema de Información Científica Redalyc
Red de Revistas Científicas de América Latina y el Caribe, España y Portugal
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Parámetros genéticos para producción de leche en ganado Simmental (*Bos taurus*) mediante modelos genómicos y poligénicos

A. Amaya^{1,3 *}, R. Martínez², M. F. Cerón-Muñoz¹

Artículo recibido: 21 de mayo de 2019 · Aprobado: 20 de agosto de 2019

RESUMEN

El objetivo de este estudio fue estimar parámetros genéticos con y sin la inclusión de parentesco genómico para la producción de leche acumulada a 60 (PL60), 150 (PL150), 210 (PL210) y 305 días (PL305) en ganado Simmental en Colombia. Un total de 2883 controles lecheros en 620 vacas de primer parto fueron utilizados. La información genómica se obtuvo a partir de 718 animales genotipados con un chip de una densidad de 30106 marcadores genéticos tipo polimorfismo de nucleótido simple (SNP). Se construyeron modelos de tipo univariado y bivariado bajo la metodología del mejor predictor lineal inseguido (BLUP) y genómico en una etapa (ssGBLUP). Los valores de heredabilidades para PL60, PL150, PL210 y PL305 variaron entre 0,20 a 0,27; 0,25 a 0,52; 0,30 a 0,35 y 0,20 a 0,23; respectivamente. La inclusión de parentesco genómico no aumentó las heredabilidades y tampoco la precisión de las estimaciones para las características asociadas a producción de leche. La escasez de información fenotípica y la baja conectividad genética entre la población genotipada y no genotipada podrían limitar procesos de selección genética para producción de leche a través del ssGBLUP en la población de ganado Simmental de Colombia.

Palabras clave: componentes de varianza, ganado de leche, marcadores moleculares, mejoramiento genético, selección genómica.

Genetic parameters for milk production in Simmental cattle (*Bos taurus*) using genomic and polygenic models

ABSTRACT

The aim of this study was to estimate genetic parameters with and without the inclusion of genomic relationship in cumulative milk production of Simmental cattle in Colombia for 60 (MP60), 150 (MP150), 210 (MP210) and 305 (MP305) days. A total of 2883 test records from 620 cows in first lactation were used. The genomic information was obtained from 718 animals genotyped with a commercial chip with a density of 30,106 single nucleotide polymorphism (SNP) genetic markers. Univariate and bivariate models

¹ Grupo de investigación GaMMA, Facultad Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. Cl. 67 nro. 53 - 108 Medellín (Colombia).

² Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria—AGROSAVIA. Km 14 vía Mosquera, Cundinamarca (Colombia).

³ Programa de Zootecnia, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales (U.D.C.A). Calle 222 nro. 55-37, Bogotá (Colombia).

* Autor para correspondencia: grupogamma@udea.edu.co

were used under the conventional best linear unbiased predictor (BLUP) and the single step genomic BLUP (ssGBLUP) methodologies. The heritability estimate values for MP60, MP150, MP210 and MP305 ranged from 0.20 to 0.27, 0.25 to 0.52, 0.30 to 0.35 and 0.20 to 0.23, respectively. The use of the genomic relationship did not increase heritabilities nor the accuracy of estimates for milk traits. The lack of phenotypic records and the low genetic connectivity between genotyped and non-genotyped populations could limit the genetic selection procedures for milk production via the ssGBLUP in Colombian Simmental cattle.

Key words: variance components, dairy cattle, molecular markers, genetic improvement, genomic selection.

INTRODUCCIÓN

La estimación de parámetros genéticos es necesaria para estimar valores de cría, construir índices de selección, predecir la ganancia genética y consecuentemente implementar un programa de mejoramiento genético (Montaldo *et al.* 2010; Lembeye *et al.* 2016). La precisión de los parámetros genéticos e índices de selección afecta directamente la respuesta a la selección de las características de interés a mejorar (Falconer y Mackay 1996). Una alternativa para aumentar la precisión de los parámetros y valores genéticos ha sido la disponibilidad y la incorporación de información genómica, lo cual ha sido especialmente más útil para características de baja heredabilidad como las reproductivas (Guarini *et al.* 2018).

El uso de información genómica también ha generado beneficios en la selección genética para características asociadas a la producción de leche. De esta forma, Gao *et al.* (2018) obtuvieron mayores confiabilidades para la producción de leche usando modelos que adicionaron información genómica versus modelos convencionales (registros fenotípicos y genealógicos). Incluso, los parámetros genéticos estimados con un número bajo de animales genotipados también mostraron moderados incrementos en las confiabilidades para características

asociadas a la producción de leche (Boison *et al.* 2017).

El desarrollo genético de la raza Simmental (*Bos taurus*) en Colombia se ha dado por la importación de material genético proveniente principalmente de los Estados Unidos, Canadá, Austria y Alemania. No obstante, no se han realizado evaluaciones genéticas del desempeño fenotípico de la población colombiana en condiciones locales. Por esta razón, y dada la necesidad del conocimiento de los parámetros genéticos para el diseño e implementación de un programa de mejoramiento genético, esta investigación tuvo como objetivo estimar la heredabilidad y las correlaciones genéticas incluyendo o no el parentesco genómico para PL60, PL150, PL210 y PL305 en la primera lactancia de vacas Simmental de Colombia.

MATERIALES Y MÉTODOS

En este estudio no fue necesaria la aprobación por parte de un comité de ética debido a que todos los registros utilizados en los análisis provenían de una base de datos ya existente y no involucraron experimentos o procedimientos con los animales.

La base fenotípica estuvo conformada por 2883 controles lecheros, provenientes de 620 vacas Simmental de primera lactancia. Los partos ocurrieron entre

2009 y 2016 y solamente se incluyeron hembras con al menos 4 controles. Las vacas estuvieron sometidas a condiciones de pastoreo intenso y con acceso a suplementación balanceada. La suplementación mineral estuvo disponible a voluntad. Las ganaderías evaluadas estuvieron entre los 1500 y 2600 msnm, con topografías onduladas y una temperatura que oscila entre los 13 y 25 °C.

Las PL60, PL150, PL210 y PL305 fueron calculadas a partir de animales que tuvieron una duración en lactancia mayor a los tiempos evaluados. En ese escenario el periodo de lactancia fue cortado y calculado hasta los 60, 150, 210 o 305 días en lactancia. Las producciones fueron calculadas mediante el método de intervalo entre registros recomendado por el Comité Internacional de Registro Animal (ICAR 2014), según la siguiente expresión:

$$PL = L_0 M_1 + L_1 * \frac{M_1 + M_2}{2} + L_2 * \frac{M_2 + M_3}{2} + L_{n-1} * \frac{M_{n-1} + M_n}{2} + L_n M_n$$

Donde,

PL es la producción de leche acumulada a 60, 150, 210 o 305 días.

L_0 es el intervalo en días entre el inicio de la lactancia y el primer control.

M_1, M_2, M_n son las producciones de leche de 24 horas en el día del control.

L_1, L_2, L_{n-1} son los intervalos en días entre fechas de los controles.

El archivo final del pedigree incluyó 27986 animales, de los cuales 3282 y 9378 eran padres y madres, respectivamente. El número de animales genotipados fue 718 usando el chip GeenSeek Genomic Profiler-LD chip (GGP Bovine LD v4) con 30106 SNPs. Los animales con una tasa de genotipado <90% se removieron de la base genómica. Los SNP removidos de la base no cumplieron con los siguientes

criterios: 1) una tasa de genotipado >90%, 2) una frecuencia del alelo de menor frecuencia (MAF) que fuese >0,05% y 3) una significancia estadística para el test equilibrio Hardy-Weinberg >0,001. El número final de los SNP para los análisis genómicos fue 23802. La información genómica fue depurada con los algoritmos incluidos en el software PLINK® (Purcell *et al.* 2007).

Los componentes de varianza fueron estimados usando el procedimiento de estimación por máxima verosimilitud restringida con el software AIREML® con modelos univariado y bivariado (Misztal *et al.* 2018). Los modelos incluyeron como efectos fijos: el año de nacimiento, el mes de parto, el año de parto y el hato. Los efectos aleatorios incluidos en todos los modelos fueron el animal y el residual. El modelo para las cuatro características en notación matricial fue el siguiente:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\boldsymbol{\alpha} + \mathbf{e}$$

Donde \mathbf{y} es el vector de registros productivos; $\boldsymbol{\beta}$ es el vector de efectos fijos; $\boldsymbol{\alpha}$ es el vector de efectos genéticos aditivos directos; \mathbf{e} es el vector de efectos residuales; \mathbf{X} y \mathbf{Z} son las matrices de incidencia relacionando $\boldsymbol{\beta}$ y $\boldsymbol{\alpha}$ con \mathbf{y} . El modelo asumió que $E[\mathbf{y}] = \mathbf{x}\boldsymbol{\beta}$; $Var(\boldsymbol{\alpha}) = \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}_{\boldsymbol{\alpha}}$; $Var(\mathbf{e}) = \mathbf{I} \otimes \mathbf{R}$, donde \mathbf{A} es la matriz de parentesco aditiva entre todos los animales en el archivo de pedigree, \otimes es el producto directo de Kronecker, $\mathbf{G}_{\boldsymbol{\alpha}}$ es la matriz de (co)varianza de efectos genéticos aditivos directos, \mathbf{I} es la matriz de identidad y \mathbf{R} es la matriz de (co)varianza de efectos residuales.

El modelo mixto con la inclusión de información genómica incluyó los mismos efectos fijos y aleatorios, pero la matriz de parentesco fue reemplazada por una matriz \mathbf{H} , así:

$$H = \begin{bmatrix} A_{11} + A_{12}A_{22}^{-1}(G - A_{22}) & A_{22}^{-1}A_{21} & A_{12}A_{22}^{-1}G \\ GA_{22}^{-1}A_{21} & G \end{bmatrix},$$

donde, A_{11} es una matriz de parentesco aditiva de los animales no genotipados, A_{22} es una matriz de parentesco por pedigrí de animales genotipados, A_{12} al igual que A_{21} son matrices que contienen las relaciones de parentesco de los animales genotipados y no genotipados, G es la matriz de parentesco genómica. Por lo tanto, la matriz H combina las relaciones de parentesco con base en el pedigrí y en las diferencias encontradas entre el parentesco genómico y por pedigrí (Aguilar *et al.* 2010).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La media para PL60, PL150, PL210 y PL305 fue 1029 ± 293 , 2478 ± 688 , 3352 ± 905 y 3931 ± 2153 L, respectivamente. Estas producciones de leche acumuladas fueron menores a lo reportado en literatura para ganado Simmental en países templados y tropicales (Pantelić *et al.* 2009). Por ejemplo, Shevhuzhev *et al.* (2017) reportaron en una población Simmental doble propósito en Austria producciones de 3123, 4245 y 5261 kg de leche a PL150, PL210 y PL305, respectivamente. Un valor más similar fue encontrado en una población de Rumania con una producción de leche a 305 días de 4053 ± 1392 kg (Nistor *et al.* 2014). Por otro lado, Perišić *et al.* (2009) compilaron el desempeño productivo de la raza Simmental en 13 países europeos, en los cuales la producción de leche a 305 días también fue más alta y osciló entre 4459 y 6907 kg. La alta variabilidad de los valores reportados podría ser debido al uso de la raza en sistemas de producción de carne, leche o doble propósito. En Colombia, el uso de la raza Simmental

es doble propósito, lo cual puede explicar parcialmente menores producciones al ser comparadas con países europeos, los cuales generalmente tienen sistemas de producción de leche especializados.

Las heredabilidades para PL60, PL150, PL210 y PL305 variaron desde $0,20 \pm 0,17$ a $0,27 \pm 0,23$; de $0,25 \pm 0,25$ a $0,52 \pm 0,24$; de $0,30 \pm 0,28$ a $0,35 \pm 0,27$, y de $0,20 \pm 0,10$ a $0,23 \pm 0,10$, respectivamente. Cobuci *et al.* (2011) estimaron heredabilidades similares en diferentes puntos de la primera lactancia en ganado Holstein, variando desde 0,22 a 0,32. No obstante, la comparación entre países debe ser analizada con precaución debido a diferencias en las bases de datos, metodologías utilizadas y definición de las características evaluadas. Las heredabilidades más altas reportadas aquí pueden ser debido a la ausencia de selección genética por parte de los productores colombianos. No obstante, estos resultados deben ser interpretados con precaución debido a que los errores de los parámetros también fueron altos, posiblemente por el bajo número de registros fenotípicos.

Por su parte, los valores más altos de la heredabilidad para la producción de leche en ganado Holstein fueron estimados alrededor de los 4 meses de lactancia (Haile-Mariam y Goddard 2008). Asimismo, Ojango *et al.* (2019) estimaron una heredabilidad de 0,41 para PL150 y fue la más alta en toda la lactancia. Estos resultados coinciden por lo encontrado en este estudio, en donde PL150 tuvo la heredabilidad más alta (0,52). Esto podría justificar la inclusión de PL150 en un programa de mejoramiento genético local. Sin embargo, esta decisión debe ser confirmada con análisis posteriores que incluyan mayor información fenotípica debido a que PL150 tuvo el mayor error

estándar de las cuatro características evaluadas. Una mayor heredabilidad para PL150 respecto a PL60 en los modelos bivariados también se observó en una población de ganado Holstein, pero con heredabilidades más bajas de 0,12 y 0,07; respectivamente (Cho *et al.* 2016).

Aunque existieron marcadas diferencias de las heredabilidades entre modelos univariados y bivariados, las diferencias fueron reducidas al comparar modelos con y sin parentesco genómico (Tabla 1). La mayor discrepancia entre modelos con parentesco por pedigrí y genómico fue hallada para PL210 (5%) en el modelo univariado. No obstante, esta diferencia disminuyó cuando la característica fue evaluada a través del modelo bivariado con PL305. Las diferencias de las heredabilidades para producción de leche usando modelos basados en pedigrí e información genómica coincidieron con lo reportado por otros

autores, los cuales tampoco encontraron diferencias superiores a un 5% (Jattawa *et al.* 2016; Petrini *et al.* 2016). Una mayor heredabilidad en modelos genómicos podría ser obtenida al aumentar el número de animales genotipados con registros y con un mayor parentesco con la población no genotipada, teniendo en cuenta que las estimaciones a partir del ssGBLUP están soportadas en la relación de parentesco entre familias y el muestreo mendeliano (Tiezzi y Malteca 2015).

Los modelos con parentesco genómico tuvieron heredabilidades más bajas y la mayoría de los errores estándar fueron similares entre modelos poligénicos y genómicos. Por su parte, Haile-Mariam *et al.* (2012) observaron una reducción en la varianza explicada por información genómica comparado con las estimaciones basadas en parentesco por pedigrí. Un problema inherente en la combinación

TABLA 1. Heredabilidades para la producción de leche acumulada (PLA) en ganado Simmental de Colombia usando modelos con parentesco genómico y por pedigrí.

PLA (días)	Modelo	Heredabilidades	
		Pedigrí	Genómico
60	Univariado	0,27 ± 0,23	0,26 ± 0,23
	Bivariado con 305	0,22 ± 0,17	0,20 ± 0,17
150	Univariado	0,27 ± 0,25	0,25 ± 0,25
	Bivariado con 305	0,52 ± 0,24	0,50 ± 0,24
210	Univariado	0,35 ± 0,27	0,30 ± 0,28
	Bivariado con 305	0,34 ± 0,20	0,33 ± 0,18
305	Univariado	0,20 ± 0,10	0,20 ± 0,10
	Bivariado con 60	0,21 ± 0,10	0,21 ± 0,10
	Bivariado con 150	0,20 ± 0,10	0,20 ± 0,09
	Bivariado con 210	0,23 ± 0,10	0,22 ± 0,10

de parentescos por pedigree y genómicos es debido a las diferencias conceptuales en la definición de las poblaciones fundadoras (Meyer *et al.* 2018). En los modelos basados en el pedigree por parentesco, los animales fundadores no asumen relación entre ellos. Sin embargo, la inclusión de parentesco genómico pudo relacionarlos y generar las diferencias observadas en los modelos para la estimación de varianzas y heredabilidades.

Las correlaciones genéticas entre las producciones de leche disminuyen en la medida en la que el tiempo entre las medidas incrementa (Ojango *et al.* 2019). Las correlaciones genéticas de PL60, PL150 y PL210 con PL305 estuvieron entre 0,64 y 0,97. La correlación más alta fue estimada entre PL150 y PL305 con un valor de 0,97 y la correlación más baja fue entre PL60 y PL305 con un valor de 0,64, indicando así un menor efecto pleiotrópico entre las

producciones acumuladas más distantes en tiempo. Bignardi *et al.* (2012) y Gembreyohannes *et al.* (2016) también encontraron correlaciones genéticas más bajas entre producciones más distantes, pero en producciones de leche adyacentes fueron mayores a 0,7. Por lo tanto, la selección genética de PL60, PL150, PL210 o PL305 permitiría obtener un progreso genético indirecto importante para las otras tres producciones acumuladas de leche. No obstante, al igual que las heredabilidades, las correlaciones genéticas deben ser interpretadas con precaución porque sus precisiones dependen de los errores de las heredabilidades, los cuales fueron altos para las cuatro características.

Los valores de AIC y BIC (Tabla 2) fueron iguales en los modelos con y sin parentesco genómico para cada característica, indicando que la información poligénica y genómica tienen el mis-

TABLA 2. AIC y BIC para modelos con parentesco por pedigree y genómico utilizados en características para producción de leche acumulada (PLA) en ganado Simmental de Colombia.

PLA (días)	Modelo	AIC		BIC	
		Pedigrí	Genómico	Pedigrí	Genómico
60	Univariado	2843	2843	2839	2839
	Bivariado con 305	12998	12998	12986	12986
150	Univariado	2626	2626	2622	2622
	Bivariado con 305	12827	12827	12815	12815
210	Univariado	2844	2845	2840	2841
	Bivariado con 305	13083	13083	13071	13072
305	Univariado	10587	10587	10583	10583
	Bivariado con 60	12998	12998	12986	12986
	Bivariado con 150	12827	12827	12815	12815
	Bivariado con 210	13083	13083	13071	13072

mo grado de adaptación a sus respectivas funciones de máxima verosimilitud (De Melo *et al.* 2007). Las diferencias encontradas en los modelos estuvieron dadas por el criterio de convergencia. Aunque todos los modelos tuvieron un criterio de convergencia menor a 1e-10, los modelos con la inclusión de parentesco genómico tuvieron una convergencia más estricta, variando entre 1-e13 y 1-e14. Por otro lado, los modelos que incluyeron parentesco por pedigrí tuvieron convergencias de 1-e12. Los valores más estrictos de convergencia alcanzados en modelos con parentesco genómico sugieren que estos modelos tuvieron una mejor adaptación a la función de verosimilitud y que podrían ser computacionalmente más eficientes frente a modelos poligénicos.

Los valores iniciales de la varianza genética y residual influyen en el número de iteraciones requeridas para la estimación de componentes de varianza en modelos genéticos. En este estudio, la inclusión de información genómica pudo afectar la convergencia porque la estructura de la varianza de los animales genotipados pudo ser menos dominante diagonalmente que la estructura de la varianza estimada a partir del pedigrí (Calus y Veerkamp 2011; Koivula *et al.* 2015; Rolf *et al.* 2015). El mayor número de iteraciones pudo ser debido a los requerimientos extra que demanda la inversión de la matriz que contiene las diferencias entre el parentesco genómico y por pedigrí de animales genotipados.

Los errores de las estimaciones genómicas son más bajos cuando los animales están más relacionados porque permite mejorar la estimación del muestreo mendeliano (Clark *et al.* 2011; Gray *et al.* 2012). Esto es más importante para poblaciones con procesos permanentes de inmigración genética, lo

cual es característico en países que carecen de evaluaciones genéticas (Přibyl *et al.* 2012; Baba *et al.* 2016), que en el caso de Colombia puede tener un mayor impacto debido al uso masivo y continuo de toros norteamericanos y europeos en el programa nacional de inseminación artificial. Así pues, la inclusión del parentesco genómico de estos toros podría mejorar el ajuste de los parentescos debido a que contribuyen con más del 85% de la descendencia de ganado Simmental en Colombia.

CONCLUSION

La inclusión de información genómica a través del ssGBLUP en la población de ganado Simmental de Colombia no mejora la estimación de parámetros genéticos para características asociadas a producción de leche. El genotipado de animales locales y extranjeros con una mayor conectividad genética con la población no genotipada podrían mejorar notablemente las estimaciones de las heredabilidades. Asimismo, una mayor recolección de fenotipos para la producción de leche permitiría incrementar las precisiones y obtener un mayor beneficio de la información genómica. Finalmente, el beneficio de la selección genómica a través de la metodología del ssGBLUP es prácticamente nulo bajo las condiciones presentadas en este estudio.

Agradecimientos

A la asociación colombiana de criadores de ganado Simmental AsoSimmental y al Departamento de Genética de Agrosavia en el Centro de Investigación Tibaitatá en el marco del convenio TV16-11 de cooperación para llevar a cabo el proyecto “Sistema de información basado en el desarrollo de pruebas de desempeño en crecimiento para la identificación de repro-

ductores de alto mérito genético en la raza Simmental y simbrah" y a la convocatoria de sostenibilidad de la Universidad de Antioquia para el grupo de investigación GaMMA. El primer autor agradece a la Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales U.D.C.A y a Colciencias (convocatoria 727 de 2015) por el apoyo financiero para su formación doctoral.

Conflictos de intereses

Los autores manifiestan que no existe conflicto de intereses.

REFERENCIAS

- Aguilar I, Misztal I, Johnson D, Legarra A, Tsuruta S, Lawlor T. 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J Dairy Sci.* 93(2): 743-752. Doi: [10.3168/jds.2009-2730](https://doi.org/10.3168/jds.2009-2730).
- Baba T, Gotoh Y, Yamaguchi S, Nakagawa S, Abe H, Masuda Y, Kawahara Y. 2016. Application of single-step genomic best linear unbiased prediction with a multiple-lactation random regression test-day model for Japanese Holsteins. *Anim Sci J.* 88(8): 1226-1231. Doi: [10.1111/asj.12760](https://doi.org/10.1111/asj.12760).
- Bignardi AB, Faro, LE, Santana Jr ML, Rosa GJM, Cardoso VL, Machado PF, Alburqueque LG. 2012. Bayesian analysis of random regression models using B-splines to model test-day milk yield of Holstein cattle in Brazil. *Livestock Science.* 150: 401-406. Doi: [10.1016/j.livsci.2012.09.010](https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.09.010).
- Boison SA, Utsunomiya ATH, Santos DJA, Neves HHR, Carvalheiro G, Meszaros G, Utsunomiya YT, Carmo AS, Verneque RS, Machado MA, et al. 2017. Accuracy of genomic predictions in Gyr (*Bos indicus*) dairy cattle. *J Dairy Sci.* 100(7): 1-12. Doi: [10.3168/jds.2016-11811](https://doi.org/10.3168/jds.2016-11811).
- Calus MP, Veerkamp RF. 2011. Accuracy of multi-trait genomic selection using different methods. *Genet Sel Evol.* 43: 1-14. Doi: [10.1186/1297-9686-43-26](https://doi.org/10.1186/1297-9686-43-26).
- Cho CI, Alam M, Choi TJ, Choy YH, Choi JG, Lee SS, Cho KH. 2016. Models for estimating genetic parameters of milk production traits using random regression models in Korean Holstein cattle. *Asian-Australas J Anim Sci.* 29(5): 607-614. Doi: [10.5713/ajas.15.0308](https://doi.org/10.5713/ajas.15.0308).
- Clark SA, Hickey JM, Van Der Werf J. 2011. Different models of genetic variation and their effect on genomic evaluation. *Genet Sel Evol.* 43(1): 1-9. Doi: [10.1186/1297-9686-43-18](https://doi.org/10.1186/1297-9686-43-18).
- Cobuci JA, Napolis C, Braccini J, Ferreira A. 2011. Genetic parameters for milk production by using random regression models with different alternatives of fixed regression modelling. *R Bras Zootec.* 40(3): 557-567. Doi: [10.1590/S1516-35982011000300013](https://doi.org/10.1590/S1516-35982011000300013).
- De Melo CMR, Packer IU, Costa CN, Machado PF. 2017. Genetic parameters for test day milk yields of first lactation Holstein cows by random regression models. *Animal.* 1(3): 325-334. Doi: [10.1017/S1751731107685036](https://doi.org/10.1017/S1751731107685036).
- Falconer DS, Mackay FC. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th ed. NY: Pearson / Longman Scientific & Technical.
- Gao H, Koivula M, Jensen J, Strandén I, Madsen P, Pitkanen T, Aamand GP, Mantysaari EA. 2018. Short communication: Genomic prediction using different single-step methods in the Finnish red dairy cattle population. *J Dairy Sci.* 101(11): 1-7. Doi: [10.3168/jds.2018-14913](https://doi.org/10.3168/jds.2018-14913).
- Gebreyohannes G, Koonawootrittriron S, Elzo M, Suwanasopee T. 2016. Estimation of genetic parameters using a random regression monthly test-day model in an Ethiopian dairy cattle population. *Agriculture and Natural Resources.* 50: 64-70. Doi: [10.1016/j.anres.2015.06.002](https://doi.org/10.1016/j.anres.2015.06.002).
- Gray KA, Cassadi JP, Huang Y, Maltecca C. 2012. Effectiveness of genomic prediction on milk flow traits in dairy cattle. *Genet Sel Evol.* 44: 1-6. Doi: [10.1186/1297-9686-44-24](https://doi.org/10.1186/1297-9686-44-24).
- Guarini AR, Lourenco DLA, Brito LF, Sargolzaei M, Baes CF, Miglior F, Misztal I, Schenkel FS. 2018. Comparison of genomic predictions for lowly heritable traits using multi-step and single-step genomic best linear unbiased predictor in Holstein cattle. *J Dairy Sci.* 101(9): 1-11. Doi: [10.3168/jds.2017-14193](https://doi.org/10.3168/jds.2017-14193).

- Haile-Mariam M, Goddard ME. 2008. Genetic and phenotypic parameters of lactations longer than 305 days (extended lactations). *Animal*. 2: 325-335. Doi: [10.1017/S1751731107001425](https://doi.org/10.1017/S1751731107001425).
- Haile-Mariam M, Nieuwhof GJ, Beard KT, Konstantinov KV, Hayes BY. 2012. Comparison of heritabilities of dairy traits in Australian Holstein-Friesian cattle from genomic and pedigree data and implications for genomic evaluations. *J Anim Breed Genet.* 130: 20-31. Doi: [10.1111/j.1439-0388.2013.01001.x](https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2013.01001.x).
- [ICAR] International Comitte for Animal Recording. 2014. International agreement of recording practices. ICAR recording guidelines. Roma (IT): ICAR.
- Jattawa D, Elzo M, Koonawootrittriron S, Suwanasopee T. 2016. Genomic-polygenic and polygenic evaluations for milk yield and fat percentage using random regression models with Legendre polynomials in a Thai multibreed dairy population. *Livestock Science*. 188: 133-141. Doi: [10.1016/j.livsci.2016.04.019](https://doi.org/10.1016/j.livsci.2016.04.019).
- Koivula M, Strandén I, Poso J, Aamand GP, Mantsyasa EA. 2015. Single-step genomic evaluation using multitrait random regression model and test-day data. *J Dairy Sci.* 98(4): 2775-2784. Doi: [10.3168/jds.2014-8975](https://doi.org/10.3168/jds.2014-8975).
- Lembeye F, López-Villalobos N, Burke JL, Davis SR. 2016. Estimation of genetic parameters for milk traits in cows milked once- or twice-daily in New Zealand. *Livestock Science*. 185: 142-147. Doi: [10.1016/j.livsci.2016.01.022](https://doi.org/10.1016/j.livsci.2016.01.022).
- Meyer K, Tier B, Swan A. 2018. Estimates of genetic trend for single-step genomic evaluations. *Genet Sel Evol.* 50: 1-13. Doi: [10.1186/s12711-018-0410-1](https://doi.org/10.1186/s12711-018-0410-1).
- Misztal I, Tsuruta S, Lourenco DLA, Masuda Y, Aguilar I, Legarra A. 2018. Manual for BLUPF90 family of programs. Athens (USA): University of Georgia.
- Montaldo HH, Castillo-Juarez H, Valencia-Posadas M, Cienfuegos-Rivas EG, Ruiz López FJ. 2010. Genetic and environmental parameters for milk production, udder health, and fertility traits in Mexican Holstein cows. *J Dairy Sci.* 93(5): 2168-2175. Doi: [10.3168/jds.2009-2050](https://doi.org/10.3168/jds.2009-2050).
- Nistor E, Bampidis VA, Pentea M. 2014. Production traits of Romanian Simmental cows at first lactation. *Slovak J Anim. Sci.* 47: 132-141.
- Ojango JMK, Mrode M, Rege JEO, Mujibi D, Strucken EM, Gibson J, Mwai O. 2019. Genetic evaluation of test-day milk yields from smallholder dairy production systems in Kenya using genomic relationships. *J. Dairy Sci.* 102: 5266-5278. Doi: [10.3168/jds.2018-15807](https://doi.org/10.3168/jds.2018-15807).
- Pantelić V, Novaković Ž, Ostojić-Andrić D. 2009. Selection of bull dams in population of Simmental cattle. *Biotech in Anim Husb.* 25: 301-313. Doi: [10.2298/BAH0906301P](https://doi.org/10.2298/BAH0906301P).
- Perišić P, Skalicki Z, Petrović MM, Bogdanović V, Ružić-Muslić D. 2009. Simmental cattle breed in different production systems. *Biotech in Anim Husb.* 25: 315-326.
- Petrini J, Lung LHS, Rodriguez MAP, Salvian M, Pertille F, Robadoski GA, Cassoli LD, Coutinho LL, Machado PF, Wiggans GR, Mourao GB. 2016. Genetic parameters for milk fatty acids, milk yield and quality traits of a Holstein cattle population reared under tropical conditions. *J Anim Breed Genet.* 133(5): 384-395. Doi: [10.1111/jbg.12205](https://doi.org/10.1111/jbg.12205).
- Přibyl J, Haman J, Kott T, Přibylová J, Šimečková M, Vostrý L, Zavadilová L, Čermák V, Růžička Z, Splíchal J, et al. 2012. Single-step prediction of genomic breeding value in a small dairy cattle population with strong import of foreign genes. *Czech J. Anim. Sci.* 57: 151-159. Doi: [10.17221/5890-cjas](https://doi.org/10.17221/5890-cjas).
- Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MA, Bender D. 2007. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage. *Am J Hum Genet.* 81(3): 559-575. Doi: [10.1086/519795](https://doi.org/10.1086/519795).
- Rolf MM, Garrick D, Fountain T, Ramey HR, Weaver RL, Decker JE, Pollak EJ, Schnabel RD, Taylor JF. 2015. Comparison of Bayesian models to estimate direct genomic values in multi-breed commercial beef cattle. *Genet Sel Evol.* 47: 1-14. Doi: [10.1186/s12711-015-0106-8](https://doi.org/10.1186/s12711-015-0106-8).
- Shevhuzhev A, Belik N, Emelyanov E, Tokar A. 2017. Milk productivity of Simmental cows Austrian selection. *Engineering for rural development.* 24: 1354-1358.
- Tiezzi F, Maltecca C. 2015. Accounting for trait architecture in genomic predictions of US Holstein cattle using a weighted realized relationship matrix. *Genet Sel Evol.* 47: 24. Doi: [10.1186/s12711-015-0100-1](https://doi.org/10.1186/s12711-015-0100-1).

Article citation:

Amaya A, Martínez R, Cerón-Muñoz MF. 2019. Parámetros genéticos para producción de leche en ganado Simmental (*Bos taurus*) mediante modelos genómicos y poligénicos. [Genetic parameters for milk production in Simmental cattle (*Bos taurus*) using genomic and polygenic models]. Rev Med Vet Zoot. 66(2): 131-140. Doi: [10.15446/rfmvz.v66n2.82431](https://doi.org/10.15446/rfmvz.v66n2.82431).