

Original

Análisis bivariado para mejorar evaluaciones genéticas con bases de datos incompletos en ganado Charolais

Jessica Herrera-Ojeda¹  Ph.D; Gaspar M Parra-Bracamonte^{2*}  Ph.D;
Nicolás López-Villalobos³  Ph.D; José Herrera-Camacho⁴  Ph.D; Karlos E Orozco-Durán¹  Ph.D.

¹Instituto Tecnológico del Valle de Morelia, Departamento de Ciencias Básicas, Morelia, México.

²Instituto Politécnico Nacional, Centro de Biotecnología Genómica, Reynosa, México.

³Massey University, School of Agriculture, Palmerston North, New Zealand.

⁴Instituto de Investigaciones Agropecuarias y Forestales, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Morelia, México.

*Correspondencia: gparra@ipn.mx

Recibido: Julio 2020; Aceptado: Diciembre 2020; Publicado: Marzo 2021.

RESUMEN

Objetivo: Estimar los componentes de (co)varianza y parámetros genéticos de indicadores de peso vivo y examinar el efecto de la selección cuando se utiliza análisis bivariado en ganado Charolais de registro. **Materiales y métodos:** Se comparó el cambio en bases de datos incompletas sobre las exactitudes, se obtuvieron diferencias esperadas de la progenie (DEP) y errores estándar de predicción (SEP), evaluados bajo modelos univariados y multivariados para peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD) y peso al año (PA). **Resultados:** El modelo bivariado para PD y PA mejoró las exactitudes para las DEP's y redujo las SEP. Los análisis conjuntos para PN y PD incrementaron en un 38% las exactitudes y se redujeron los estimadores SEP para PA ($p < 0.001$). Las exactitudes de las DEP para PN obtenidas mediante modelos univariados mejoraron al incluir PN en modelos bivariados. **Conclusiones:** Los resultados apoyan el uso de análisis genéticos bivariados en bases de datos limitadas en información para indicadores registrados posteriores al nacimiento tales como peso vivo al destete y al año.

Palabras clave: Datos incompletos; Pesos vivos; selección de animales (*Fuentes: USDA, Tesoro ICYT de Biología Animal*)

ABSTRACT

Objective: Estimate (co)variance components and genetic parameters of live weight traits and examine the effect of selection culling when using bivariate analysis in registered Charolais beef cattle. **Materials and methods:** The effect of incomplete data over accuracies was compared, expected progeny differences (EPD) and standard errors of prediction (SEP) were obtained and evaluated by comparing univariate and bivariate models for birth (BW), weaning (WW) and yearling (YW) weights. **Results:** Bivariate models for WW and YW, improved accuracies of EPDs and reduced the SEPs. Joint analysis for BW and WW increased in a 38% the accuracies and reduced SEP estimators for YW ($p < 0.001$). Accuracies of EPD for BW obtained from univariate models were improved when BW was included in bivariate models. **Conclusions:** The results support the use of bivariate genetic

Como citar (Vancouver).

Herrera-Ojeda J, Parra-Bracamonte GM, López-Villalobos N, Herrera-Camacho J, Orozco-Durán KE. Análisis bivariado para mejorar evaluaciones genéticas con bases de datos incompletos en ganado Charolais. Rev MVZ Córdoba. 2021; 26(2):e2128. <https://doi.org/10.21897/rmvz.2128>



©El (los) autor (es), Revista MVZ Córdoba 2021. Este artículo se distribuye bajo los términos de la licencia internacional Creative Commons Attribution 4.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>), que permite a otros distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir de su obra de modo no comercial, siempre y cuando den crédito y licencien sus nuevas creaciones bajo las mismas condiciones.

analysis in limited or incomplete live weight indicators databases that were registered after birth, such as weaning and yearling weight.

Keywords: Incomplete records; live weights; culling selection (*Sources: USDA, Tesouro ICYT de Biología Animal*).

INTRODUCCIÓN

En México la mayoría de los programas de mejora genética para ganado de carne, se encuentran utilizando para las evaluaciones genéticas de los animales la metodología BLUP (Mejor Predictor Lineal Insesgado, por sus siglas en inglés), con un modelo animal univariado. Las Diferencias Esperadas de la Progenie (DEP) para indicadores de pesos vivo se publican en catálogos y resúmenes, regularmente estos recursos son los que se utilizan para la selección de sementales.

El ganado Charolais es una de las razas más populares y extendidas en el mundo, y en México fue una de las primeras razas sujetas a evaluaciones genéticas para indicadores de pesos vivos, por la "Charolais Herd Book de México" (1,2).

Uno de los problemas más comunes en los sistemas productivos de ganado local de registro es la selección y descarte (o sacrificio) de animales jóvenes, por lo cual se generan bases de datos incompletas que posteriormente son procesadas en las evaluaciones genéticas, esta situación ha sido señalada previamente en otros estudios, al igual que en otras razas importantes de ganado de carne en Latinoamérica, como la raza Brahman (3). Se ha sugerido anteriormente a este factor como una de las fuerzas de selección que afectan los datos que recolectados para ganado comercial; cómo consecuencia puede cambiar la expectativa nula de los efectos de muestreo Mendelianos, efectos implícitos en las propiedades del modelo animal individual.

El sesgo por la selección (sacrificio) de animales, puede ser en parte disminuida por modelos genéticos multivariados (4,5).

Una evaluación animal con múltiples indicadores utiliza las correlaciones fenotípicas y genéticas entre estos y las relaciones genéticas entre los animales que se incluyen en el archivo de pedigrí. Esta metodología mejora la exactitud de la evaluación genética y en consecuencia la respuesta a la selección (5,6).

Este tipo de análisis también puede ayudar con las particulares características que poseen los sistemas mexicanos de producción de carne, ya que la estructura de los datos puede presentar un desafío para el análisis e interpretación de los resultados (7).

El objetivo del presente trabajo fue estimar las covarianzas y parámetros genéticos de indicadores de peso vivo y examinar el efecto y el sesgo en la selección cuando se utilizan análisis bivariados en ganado Charolais de registro.

MATERIALES Y MÉTODOS

Localización. Esta investigación se basó en información obtenida de tres hatos de ganado Charolais de registro localizados en el norte de México (Nuevo León y Sonora), en 282 a 500 m.s.n.m. y con temperaturas promedio de 20 a 30°C. Los animales se mantuvieron bajo manejo extensivo.

Tipo de estudio y tamaño de muestra. Los datos analizados corresponden a ganado Charolais nacidos entre 1967 y el 2016. Los indicadores de peso vivo considerados en este estudio fueron el peso al nacimiento (PN, kg), peso al destete ajustado a los 205 d (PD, kg) y peso al año (PA, kg).

Análisis estadístico. Tres modelos bivariados fueron ajustados utilizando el programa MTDFREML (8). Los modelos incluyeron los efectos fijos de los grupos contemporáneos (hato-sexo-año-época) y los efectos lineal y cuadrático de la edad de la madre, al igual que el efecto individual del animal. Las épocas de nacimiento fueron agrupadas de acuerdo a una metodología que considera diferentes criterios de clasificación definiéndose 4 temporadas: árida, semi-árida, subhúmeda y húmeda (9).

En notación matricial el modelo univariado para PN se representa como:

$$Y = Xb + Za + e$$

Con los supuestos,

$$E[y]=Xb, E[a]=0, E[e]=0, y$$

$$Var \begin{bmatrix} a \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I_V\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

El modelo univariados para PD fue,

$$Y = Xb + Za + Wm + e$$

Con los supuestos,

$$[y] = Xb, E[a]=0, E[m]=0, E[e]=0, y$$

$$Var \begin{bmatrix} a \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & A\sigma_{am} & 0 & 0 \\ A\sigma_{am} & A\sigma_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_V\sigma_p^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_N\sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Dónde: A= matriz de relaciones; N= número de observaciones, V=número de animales, y I= matriz por orden de identidad.

Los modelos bivariados para PN-PD; y PA-PD fueron:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} 0 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} 0 \\ m_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Y para PN, PA.

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Dónde $y_{i=}$ vector de observaciones para el i_{th} indicador (1=PN, 2=PD, 3=PA), b_i =vector de efectos fijos para el i_{th} indicador, a_i = vector de efectos al azar, m_2 = vector de efecto materno (indirecto), e_i = vector de efectos residuale, y X_i , Z_i , y W_i son matrices de incidencia que relacionan records del n^{th} a los efectos fijos, individuales y maternos respectivamente.

Por lo que se asume que,

$$var \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ m_2 \\ e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & g_{12}A & g_{13}A & 0 & 0 \\ g_{21}A & g_{22}A & g_{23}A & 0 & 0 \\ g_{31}A & g_{32}A & g_{33}A & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & r_{11} & r_{12} \\ 0 & 0 & 0 & r_{21} & r_{22} \end{bmatrix}$$

El criterio de convergencia utilizado fue $e=1 \times 10^{-4}$

¹⁴, y se realizaron tres reinicios para el programa, hasta que se consideró que no había cambios en el Log likelihood. Los componentes de covarianza analizados fueron la varianza genética aditiva (σ_a^2) para PN (PNd), PD (PDd) y PA(PAD), varianzas aditivas maternas (σ_m^2) y para WW (WWm), varianza medioambiental residual (σ_e^2), varianza fenotípica (σ_p^2) y las covarianzas genéticas entre todos los indicadores. Los parámetros genéticos estimados fueron heredabilidades directas para PN, PD y PA y heredabilidad materna (h_m^2) para PD.

Para estimar el grado de sesgo, exactitudes, diferencias esperadas de la progenie (DEP) y los errores estándar de predicción (SEP) fueron comparados entre modelos univariados y multivariados. Un 10% de los animales mejor posicionados para los DEP de PN y las exactitudes predichas por el análisis univariado fueron consideradas en esta evaluación. De forma complementaria se estimaron los coeficientes de la correlación de Spearman del mismo subconjunto de datos. Estos análisis fueron desarrollados por procedimientos de TTEST y CORR, utilizando SAS software v.9.0, respectivamente, (10).

Aspectos éticos: Este artículo no contiene ningún estudio relacionado con animales vivos desarrollado por ningún de los autores, por lo cual el Comité Ético Animal no fue requerido.

RESULTADOS

EL análisis descriptivo de los indicadores analizados en este estudio se presenta en la tabla 1. El número total de animales en la matriz de relaciones fue de 5629. El número de records para PA mostró una disminución del 48% y del 52%, comparado con el PN y PD respectivamente.

Table 1. Análisis descriptivo de indicadores de peso vivo en ganado Charolais.

Indicadores	N	Media	SD	Min	Max
Peso al nacimiento (kg)	4186	40.54	7.46	20	66
Peso al destete (kg)	3866	228.40	43.92	99	396
Peso al año (kg)	2016	375.31	72.74	166	681

La tabla 2 describe la estructura de la población e información del pedigrí utilizado para este estudio.

Table 2. Estructura de la población de Charolais utilizada en este estudio.

Indicadores	Pedigrí	GC	Sementales	Madres
Peso al nacimiento	5629	224	142	1665
Peso al destete	5629	213	98	1591
Peso al año	5629	131	98	1580

GC= Grupos contemporáneos;

Los estimativos de heredabilidad, correlaciones genéticas y fenotípicas se presentan en la tabla 3. La correlación genética entre PA aditivo y materno fue negativo y bajo.

Los efectos directos y maternos mostraron altas correlaciones genéticas con PA. De forma similar, PD mostró una correlación fenotípica alta con PA (Tabla 3).

La tabla 4, muestra el promedio de DEP, SEP y exactitudes estimadas para el diez por ciento de los animales mejor ranqueados por los modelos genéticos univariados y multivariados. De manera general los modelos multivariados, mostraron diferencias significativas comparadas con aquellas obtenidas por los modelos univariados. Dentro las diferencias relevantes se reportaron medias más bajas para las DEP y exactitudes ligeramente mayores para PD y PA.

Table 3. Heredabilidades y correlaciones genéticas y fenotípicas para indicadores de peso vivo en Ganado Charolais.

Indicadores	PN	PDd	PDm	PA
PN	0.32	0.26	-	0.27
PDd	0.22	0.22	-	0.67
PDm	0.43	-0.27	0.18	-
PA	0.57	0.66	0.71	0.34

PN: peso al nacimiento directo, PDd: peso al destete directo, PDm: Peso al destete materno, PA: peso al año Encima de la diagonal: correlación fenotípica. Debajo de la diagonal: correlaciones genéticas.

Los análisis complementarios de correlación se presentan en la tabla 5, los coeficientes de correlación de Spearman mostraron cambios substanciales en el ranking de los indicadores de PA y PD. El PA mostró una ligera influencia sobre los predictores, sin embargo, los predictores para PDd y PDm, fueron influenciados por modelos bivariados tanto con bajas como negativas correlaciones entre modelos. Todas las correlaciones fueron altamente significativas ($p > 0.001$).

Table 4. Diferencias Esperadas de la Progenie, Errores estándar de predicción y promedios de la exactitud de análisis univariados y multivariado de indicadores de peso vivo en ganado Charolais.

Indicadores		Univariado	PN/PD	PN/PA	PD/PA
PN	DEP	-7.439±2.09 ^a	-3.650±1.05 ^b	-3.644±1.05 ^b	
	SEP	2.79±0.18 ^a	2.76±0.17 ^b	2.75±0.18 ^b	—
	ACC	0.62±0.06 ^a	0.62±0.06 ^a	0.63±0.06 ^b	
PDd	DEP	12.709±5.30 ^a	6.896±7.45 ^c		7.731±8.62 ^b
	SEP	22.26±0.71 ^a	14.28±0.83 ^c		14.52±0.88 ^b
	ACC	0.34±0.07 ^c	0.47±0.07 ^b	—	0.52±0.07 ^a
PDm	DEP	13.447±5.52 ^a	5.464±6.08 ^c		12.228±18.04 ^b
	SEP	22.23±1.14 ^b	12.93±0.97 ^c	—	24.41±2.64 ^a
	EXA	0.34±0.11 ^c	0.47±0.11 ^b		0.60±0.11 ^a
PA	DEP	24.424±8.98 ^a		22.92±12.73 ^b	8.495±6.03 ^c
	SEP	23.99±1.52 ^a	—	22.73±1.31 ^b	10.57±0.73 ^c
	EXA	0.49±0.10 ^c		0.57±0.06 ^a	0.52±0.09 ^b

PN: peso al nacimiento directo, PDd: peso al destete directo, PDm: Peso al destete materno, PA: peso al año. Valores con diferentes subíndices dentro de la misma fila son significativamente diferentes ($p < 0.05$).

Tabla 5. Coeficientes de correlación de Spearman de las diferencias esperadas de la progenie (exactitudes) para indicadores de peso vivo en ganado Charolais, entre el análisis univariado y multivariado.

Univariado	PN _{PD}	PD _{PA}	PD _{PN}	PD _{PA}	PA _{PN}	PA _{PD}
PN	0.98 (0.97)	0.97 (0.99)				
PDd			0.18 (0.60)	0.08 (0.59)		
PDm			0.35 (0.18)	-0.20 (0.56)		
PA					0.65 (0.96)	0.66 (0.72)

PN: peso al nacimiento directo, PDd: peso al destete directo, PDm: peso al destete materno, PA: Peso al año
¹Los subíndices indican un indicador secundario en el análisis multivariado.

DISCUSIÓN

Todas las medias generales de las características estudiadas fueron similares a las obtenidas en otros estudios en México (9,11), pero la media de YW fue mayor al valor reportado en otra población de ganado Charolais (12).

La heredabilidad directa para BW fue ligeramente más alta a algunos reportes en ganado Charolais (11), pero similar a reportes de ganado Charolais de Francia (13). En el caso de la heredabilidad directa de WW, los resultados son similares a los estimadores reportados en ganado Charolais mexicano (11). Sin embargo, en estudios de ganado Charolais francés y austriaco se reportaron estimadores más altos (13,14). La heredabilidad materna fue ligeramente más baja a la heredabilidad directa para WW. Heredabilidades similares para WW materna (0.12 a 0.18) han sido reportadas en poblaciones de ganado Charolais, australiano, canadiense y neozelandés (15).

En este estudio se observaron covarianzas y correlaciones negativas entre los efectos maternos y directos del WW. Otros estudios (8-9) han reportado correlaciones altas y negativas (p.e. -0.72) entre estos efectos, en poblaciones de ganado Charolais de México. Consistentemente, esta tendencia ha sido observada en diferentes poblaciones de ganado cárnico como Pardo Suizo y Cebú (16,17). Esta correlación negativa ha sido atribuida a diferentes causas, principalmente como un antagonismo genético, efectos no incluidos pero necesarios en el modelo, interacción entre el efecto del semenatl y

año, y la estructura de los datos (18,19). Algunas implicaciones de esta correlación negativa, han sido asociados a un progreso genético lento en WW (20,21). Algunos autores recientemente discutieron la respuesta negativa estimada en el WW materno en hatos de ganado Charolais de registro de México, indicando que esta tendencia puede estar directamente relacionada a los criterios de selección actuales, enfocados en el proceso de selección exclusivamente en los efectos directos (2).

La heredabilidad estimada para YW fue similar a los valores reportados usando diferentes modelos genéticos (12). Aunque esta es la característica más importante como criterio de selección de sementales jóvenes en México, existen pocos reportes sobre la heredabilidad de la raza Charolais en la literatura (22).

El BW mostró por otra parte, moderada a alta correlación genética con las otras características de peso vivo evaluadas (Tabla 3). La correlación genética en tre esta característica y WWd fue menor ($r=0.42$) a la reportada en la raza Canchim (24) y más alta ($r=-0.11$) que la reportada en ganado Charolais español (23). Para el WWm se estimó una moderada y positiva correlación genética con el BW (0.43), opuesta a la reportada previamente (15). La correlación más alta fue observada entre BW y YW. Similarmente, el YW mostró las correlaciones genéticas más altas con WWd y WWm (0.66 y 0.71, respectivamente) sugiriendo una relación fuerte y positiva entre el YW y estas características.

El BW es considerado como indeseable para muchos criadores, y lo relacionan con problemas al parto (24,25); esto puede explicar la correlación genética observada entre características. Sin embargo, el uso limitado de herramientas genéticas en la mayoría de los hatos ha producido diferentes respuestas en la característica (2).

Por el otro lado, las altas correlaciones genéticas entre el WW y el YW puede ser el reflejo de la alta valoración en la selección de estas características de peso vivo. Una consecuencia de esta práctica puede ser la reducción de la información disponible en la base de datos para las evaluaciones genéticas. Como ha sido documentado (7) este es un problema persistente de los sistemas de producción para carne, donde la selección secuencial, desecho o venta de animales y reporte selectivo de la información paea algunas características es una práctica frecuente. Como se observó en el presente estudio, la base de datos analizada experimentó

una reducción del 52% de los registros de BW al YW, debido a la venta de sementales jóvenes y quizás novillas de remplazo, conduciendo muy probablemente a un probable sesgo de desecho o selección (26,27). Esta es una implicación relevante de la comercialización de sementales jóvenes del destete al año, con una pérdida considerable de datos no registrados.

Con excepción al BWm, el modelo bivariado parq WW y YW incrementó las exactitudes y redujo los valores de SEP. El análisis conjunto de BW y WW incrementó en un 38% las exactitudes y redujo los estimadores de SEP significativamente ($p < 0.001$). Interesantemente, el análisis bivariado de YW y WW condujo a un aumento considerable de la exactitud en las dos características y a una reducción substancial de la SEP para YW ($p < 0.001$). Teóricamente, este incremento en la exactitud con un modelo multivariado puede ser explicado por las mejores conexiones entre los datos debido a la covarianza residual entre características (6,27). Esto produce resultados similares a los índices de selección y define los modelos multivariados como una aproximación confiable para la selección (28,29,30).

Un estudio reciente de Herrera-Ojeda et al (22), resaltó la importancia de los análisis multivariados en características como WW y YW en hatos donde existe selección de animales afectado por el sesgo de selección y donde el decremento de datos puede afectar el "ranking" de los mejores sementales (31). El uso de modelos multivariados o al menos bivariados produce mejores predicciones genéticas aprovechando la covarianza genética en la selección de animales jóvenes para mejor desempeño en el crecimiento. Adicionalmente, el cambio substancial y significativo en la clasificación de animales para YW o WW a través de modelos más complejos, sugiere las posibles implicaciones económicas importantes cuando

las EPDs y sus exactitudes son utilizadas para la selección y compra de sementales jóvenes o novillas de reemplazo. Además, los modelos bivariados podrían proveer mejor soporte en la estructura de los datos produciendo mejores estimadores y predicciones.

Algunas implicaciones derivadas del presente análisis son, que todas las características mostraron heredabilidades moderadas sugiriendo una posible respuesta positiva a la selección; sin embargo, debido a que no se proyecta un incremento en el BW y se esperan mayores ganancias durante el postdestetem, las predicciones en WW y YW son muy necesarias. Algunas evidencias muestran que la selección de negativa en características positivamente correlacionadas es posible (2,32,33). Un problema derivado recae en el hecho de que ww y YW son el principal criterio de selección de la lso reproductores, pero la evaluación de estas características esta afectada por el efecto de datos incompletos durante la predicción genética. Por lo tanto, el uso de análisis bivariados podría ayudar a sobrellevar la posible pérdida de información para los animales cuyo pedigrí con registros incompletos puede comprometer su información para decisiones de selección.

En conclusión, los parámetros genéticos para características de peso vivo en modelos univariados y bivariados fueron estimados en este estudio. Se encontró que una considerable cantidad de información se pierde de BW a YW quizás por desecho de algunos animales o venta de animales jóvenes, produciendo un posible "sesgo por desecho". Los modelos bivariados lograron reducir el error estándar de la predicción e incrementar las exactitudes de los EPDs para WW y YW. Las evaluaciones genéticas nacionales deberían considerar la implementación de, al menos, modelos bivariados para sobrellevar el sesgo de desecho o selección producido por la reducción de datos en las características como YW.

REFERENCIAS

1. Jahuey-Martínez FJ, Parra-Bracamonte GM, Sifuentes-Rincón AM, Martínez-González JC, Gondro C, García-Pérez CA, López-Bustamante LA. Genomewide association analysis of growth traits in Charolais beef cattle. *J Anim Sci.* 2016; 94:4570-4582. <https://doi:10.2527/jas.2016-0359>
2. Parra-Bracamonte GM, Lopez-Villalobos N, Morris ST, Sifuentes-Rincón AM, Lopez-Bustamante LA. Genetic trends for live weight traits reflect breeding strategies in registered Charolais farms in Mexico. *Trop Anim Health Prod.* 2016; 48:1729-1738. <https://doi.org/10.1007/s11250-016-1150-2>

3. Estrada-León RJ, Magaña-Monforte JG, Segura-Correa JC. Estimation of genetic parameters for preweaning growth traits of Brahman cattle in Southeastern Mexico. *Trop Anim Health Prod.* 2014; 46:771-776. <https://doi.org/10.1007/s11250-014-0563-z>
4. Williams JL, Garrick DJ, Speidel SE. Reducing bias in maintenance energy expected progeny difference by accounting for selection on weaning and yearling weights. *J Anim Sci.* 2009; 87(5):1628-1637. <https://doi.org/10.2527/jas.2008-1442>
5. Lopes FB, Magnabosco CU, Mamede MM, da Silva MC, Myiage ES, Paulini F, et al. Multivariate approach for young bull selection from a performance test using multiple traits of economic importance. *Trop Anim Health Prod.* 2013; 45:1375-1381. <https://doi.org/10.1007/s11250-013-0373-8>
6. Mrode RA. Linear models for the prediction of animal breeding values. 3rd ed Oxfordshire, United Kingdom: CAB International, 2014.
7. Toral FLB, Merlo FA, Raidan FSS, Ribeiro VMP, Gouveia GC, Abreu LRA, Ventura HT. Statistical models for the analysis of longitudinal traits in beef cattle under sequential selection. *Livest Sci.* 2019; 230:103830. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2019.103830>
8. Boldman KG, Kriese LA, VanVleck LD, VanTassell CP, Kachman SD. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, USA1995.
9. Herrera-Ojeda JB, Parra-Bracamonte GM, Herrera-Camacho J, López-Villalobos N, Magaña-Monforte JG, Martínez-González JC, Vázquez-Armijo JF. Información climática asociada a estaciones productivas para el ajuste de modelos estadísticos. *Arch Zoot.* 2018; 67:21-28. <https://doi.org/10.21071/az.v67i257>
10. SAS Institute Inc 2013. Statistical Analysis Software SAS/STAT®. version 9.1.3, (Cary, N.C., USA), https://www.sas.com/es_mx/software/stat.html. Accessed 18 May 2019.
11. Ríos A, Martínez G, Tsuruta S, Bertrand JK, Vega V, Montañó M. Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento de ganado Charolais mexicano. *Rev Mex Cienc Pecu.* 2007; 45:121-130. <https://cienciaspecuarias.inifap.gob.mx/index.php/Pecuarias/issue/view/213>
12. Ríos-Utrera A, Martínez G, Vega VE, Montañó M. Efectos genéticos para características de crecimiento de bovinos Charolais y Charbray mexicanos estimados con modelos alternativos. *Rev Mex Cienc Pecu.* 2012; 3:275-290. <https://cienciaspecuarias.inifap.gob.mx/index.php/Pecuarias/article/view/735>
13. Phocas F, Lalöe D. Genetic parameters for birth and weaning traits in French specialized beef cattle breeds. *Livest Sci.* 2004; 89:121-128. <https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.02.007><https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.02.007>
14. Förds A;Fürst-Waltl B; Baumung R, Bene-Szabó F. Schätzung genetischer Parameter mit zufälligem Vater × JahresEffekt für Absetzergenergebnisse beim österreichischen Charolais-Rind. *Züchtungskunde.* 2010; 82(3):181-194. <https://tinyurl.com/ygwx74ur>
15. Donoghue KA, Bertrand JK. Investigation of genotype by country interactions for growth traits for Charolais populations in Australia, Canada, New Zealand and USA. *Livest Sci.* 2004; 85:129-137. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(03\)00133-7](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(03)00133-7)
16. Chin-Collí RC, Estrada-León R, Magaña-Monforte JG, Segura-Correa J, Núñez-Domínguez R. Genetic parameters for growth and reproductive traits of Brown Swiss cattle from Mexico. *ERA.* 2016; 3(7):11-20. <http://dx.doi.org/10.19136/era.a3n7.167>
17. Palacios-Espinosa A, Espinoza-Villavicencio JL, Guerra-Iglesias D, González-Peña D, Luna-de la Peña R. Efectos genéticos directos y maternos del peso al destete en una población de ganado Cebú de Cuba. *Rev Mex Cienc Pecu.* 2010; 1:1-11. <https://tinyurl.com/yg5uoah>

18. Szabó F, Szabo E, Szabolcs B. Statistic and genetic parameters of 205-day weaning weight of beef calves. *Archiv Tierzucht*. 2012; 6:552-561. <https://doi.org/10.5194/aab-55-552-2012>
19. David I, Bouvier F, Banville M, Canario L, Flatres-Grall L, Balmisse E, Garreau H. The direct-maternal genetic correlation has little impact on genetic evaluations. *J Anim Sci*. 2015; 93:5639-5647. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-9548>
20. Vergara O, Martínez N, Almanza R, Patiño R, Calderón A. Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento predestete en una población bovina multirracial en Colombia. *Rev Cien-Fac*. 2014; 55:68-77. <http://saber.ucv.ve/ojs/index.php/revisfcv/article/view/7880>
21. Chud TCS, Caetano L, Buzanskas M, Grossi D, Guidolin DGF, Nascimento GB, Rosa JO, Lôbo R, Munari DP. Genetic analysis for gestation length, birth weight, weaning weight and accumulated productivity in Nellore beef cattle. *Livest Sci*. 2014; 170:16-21. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.09.024>
22. Herrera-Ojeda JB, Parra-Bracamonte, GM, López-Villalobos N, Martínez-González N, Magaña-Monforte JG, Morris ST, López-Bustamonte LA. Genetic variances and covariances of live weight traits in Charolais cattle by multi-trait analysis. *J Appl Genet* 2019. 60:385–391. <https://doi.org/10.1007/s13353-019-00515-w>
23. Pires BC, Tholon P, Buzanskas ME, Sbardella AP, Rosa JO, Campos da Silva LO, et al. Genetic analyses on bodyweight, reproductive and carcass traits in composite beef cattle. *Anim Prod Sci*. 2016; 57 415-421.
24. El-Saied UM, de la Fuente LF, Rodríguez R, San Primitivo. Genetic parameter estimates for birth and weaning weight, pre-weaning daily weight gain and three type traits for Charolais beef cattle in Spain. *Span J Agric* 2006; 4:146-155. <http://revistas.inia.es/index.php/sjar/article/view/186>
25. Mujibi FDN, Crews DH. Genetic parameters for calving ease, gestation length, and birth weight in Charolais cattle. *J Anim Sci* 2009; 87:2759-2766. <http://dx.doi.org/10.2527/jas.2008-1141>
26. Jamrozik J, Miller SP. Genetic evaluation of calving ease in Canadian Simmentals using birth weight and gestation length as correlated traits. *Livest Sci*. 2014; 162:42-49. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2014.01.027>
27. Passafaro TL, Fragomeni BO, Goncalves DR, Moraes MM, Toral FB. Genetic analysis of body weight in a Nellore cattle herd. *Pes Agropec Bras*. 2016; 51(2):149-158. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2016000200007>
28. Pedrosa VB, Eler JP, Ferraz JBS, Pinto LFB. Utilization of single trait and multi-trait models applied to genetic parameter estimation in Nellore cattle. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec*. 2014; 66(6):1802-1812. <https://doi.org/10.1590/1678-6170>
29. Lopes FB, da Silva MC, Magnabosco CU, Goncalves Nm, Sainz RD. Selection Indices and Multivariate Analysis show similar results in evaluation of growth and carcass traits in beef cattle. *PloS One* 2016; 11:1-21. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0147180>
30. Cole JB, VanRaden PM. Possibilities in age of genomics: the future of selection indices. *J Dairy Sci*. 2018; 101(4):3686-3701. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13335>
31. Pedrosa VB, Groeneveld E, Eler JP, Ferraz JBS. Comparison of bivariate and multivariate joint analyses on the selection loss of beef cattle. *Genet Mol Res* 2014; 13:4036–4045. <http://dx.doi.org/10.4238/2014.May.23.14>
32. Bennett GL, Experimental selection for calving ease and postnatal growth in seven cattle populations. I. Changes in estimated breeding values. *J Anim Sci* 2008; 86:2093-2102. <http://doi: 10.2527/jas.2007-0767>
33. Bennett GL, Thallman RM, Snelling WM, Kuehn LA. Experimental selection for calving ease and postnatal growth in seven cattle populations. II. Phenotypic difference. *J Anim Sci* 2008; 86:2103-2114. <http://dx.doi.org/10.2527/jas.2007-0768>