

IMPORTANCIA DE LA VERIFICACIÓN-ASIGNACIÓN DE PROGENITORES EN SISTEMAS EXTENSIVOS DE PIE DE CRÍA

Importance of Parentage Verification-Assignment in Extensive Multiple-Sired Breeding Herds

Williams Arellano-Vera ^{*1}, Ana María Sifuentes-Rincón ¹, Rogelio Garcidueñas-Piña ² y Gaspar Manuel Parra-Bracamonte ¹

^{*1}Laboratorio de Biotecnología Animal, Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional. Reynosa, Tamaulipas, México. E-mail: warellano@ipn.mx; warellano820506@hotmail.com. ²Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Morelia, Michoacán, México.

RESUMEN

Se aplicó un panel de nueve marcadores microsatélites para estructurar la genealogía de un hato de ganado Braford manejado bajo empadre múltiple y destinado a pié de cría, para evaluar las repercusiones de la adecuada asignación de progenitores, así como las implicaciones en su mejoramiento genético. Se logró la asignación de paternidad en el 100% de la progenie, mientras que en los ensayos de verificación de maternidad se estimó un porcentaje de error de asignación de aproximadamente 90%. Los resultados encontrados apoyan el uso de la asignación de paternidad para verificar la estructura genealógica (paternidad y maternidad) de hatos cuya certeza en el pedigrí es crítica para el mejoramiento genético de su raza, y en donde el sistema de manejo extensivo y empadre múltiple limitan el registro adecuado de la progenie al momento del parto.

Palabras clave: Microsatélites, prueba de paternidad, prueba de maternidad, Braford.

ABSTRACT

To assess the implications of parentage assignation on herds-genetic improvement nine microsatellite markers were used in order to structure the genealogy of a multisired Braford herd. All progeny (100%) had satisfactory paternity assignment, conversely the maternity verification analysis showed assignation errors up to 90%. Our results support the use of molecular tools to verify the pedigree structure in those herds with management systems that limit the proper registration of progeny at calving.

Key words: Microsatellites, paternity test, maternity test, Braford.

INTRODUCCIÓN

En México, la ganadería bovina (*Bos taurus-indicus*) destinada a la producción de carne es la actividad productiva más arraigada en el medio rural y se realiza, sin excepción, en todas las regiones agroecológicas del país [19]. Esta actividad, tradicionalmente era, y en algunos casos sigue siendo, concebida como un negocio familiar, cuya administración descansa en decisiones transmitidas como legado a través de generaciones; por lo que los criterios para el manejo del hato no son, en la mayoría de los casos, los más adecuados para su mejoramiento genético. Una de las prácticas más comunes está relacionada con los criterios subjetivos de selección y asignación de progenitores.

En las últimas décadas, el uso de metodologías objetivas de estimación de valores de cría basadas en las evaluaciones genéticas bajo el modelo animal se han vuelto populares; sin embargo, su empleo requiere la organización de bases de datos con una estructura de información completa y confiable que incluya, tanto datos productivos como de pedigrí, asegurando el uso de valores genéticos precisos. Los errores en el registro de paternidad, no son privativos de la ganadería mexicana, problema presente aún en países con sistemas de identificación más completos y complejos, sobre todo en aquellos en los que sus sistemas productivos están basados en gran medida en la cría extensiva de ganado bovino [5, 33, 35].

El registro adecuado del pedigrí, a menudo es restringido por los lugares de manejo y de crianza de las poblaciones (por ejemplo: la formación de grupos contemporáneos de hembras a parir, asignadas a salas de parto compartidas y asignación de progenitores de acuerdo a la observación por cercanía de la cría a la madre) [10]. Las prácticas reproductivas como el empadre múltiple, hacen necesario que los animales, producto de este sistema de apareamiento, deban someterse a pruebas

de verificación para obtener predicciones confiables sobre su valor genético, así como para determinar su efecto sobre el mejoramiento genético del hato, ya que, si existe una cantidad importante de posibles progenitores se reduce la precisión en las estimaciones de los valores genéticos [35].

Debe considerarse además, que las características usadas como criterios de selección son afectadas no solamente por el genotipo del animal (efecto directo), sino también por la madre (efecto materno), particularmente aquéllas medidas en el periodo pre-destete [3, 12, 14, 23]. Actualmente, las tecnologías basadas en el ADN permiten la asignación/verificación de progenitores. Esta identificación biológica se basa en el uso de marcadores moleculares (principalmente los microsatélites) y actualmente es la herramienta por elección para la identificación y establecimiento de las relaciones genealógicas entre individuos [1, 4, 13, 33, 36]. El objetivo del presente estudio fue estructurar la genealogía de un hato de ganado Braford manejado bajo empadre múltiple, así como la evaluación de las implicaciones de la incorrecta asignación de paternidad sobre el mejoramiento genético del hato.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se tomaron muestras de sangre de bovinos de raza Braford (12 padres candidatos, 33 crías y 33 madres), pertenecientes a un rancho productor de pie de cría ubicado en el municipio de San Juan de Sabinas, Coahuila, México. El manejo reproductivo de este rancho está basado en el empadre

múltiple y el registro de progenitores periódicamente, de acuerdo a la observación por cercanía a la madre y fenotipo de los sementales dentro del empadre.

El aislamiento de ADN se realizó utilizando el estuche comercial Promega Wizard^(R) (DNA Purification System). La genotipificación se llevó a cabo utilizando un panel de nueve marcadores microsatélites (TABLA I), los cuales fueron seleccionados de un panel de 19 *loci* recomendados por la Organización para la Agricultura y la Alimentación (FAO) [11], tomando como criterio de inclusión los rangos alélicos y el contenido de información polimórfica (PIC). Los microsatélites fueron amplificados mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), evaluando un *locus* por reacción, en un volumen final de 10µL. Para determinar los tamaños alélicos, los productos de PCR se separaron en gels de poliacrilamida-bisacrilamida desnaturalizante al 6,5%.

Los productos de amplificación fueron analizados en un secuenciador semiautomático LICOR (Modelo 42001G, LICOR, Inc, Lincoln, Nebraska, EUA). Con el programa computacional SAGA GTTM se obtuvo el tamaño y número de alelos. Mediante el programa CERVUS, versión 3.0.3, se estimó el número de alelos por *locus* en los *loci* seleccionados, su valor medio, la heterocigosidad esperada (He), heterocigosidad observada (Ho) en cada *locus*, el valor de contenido de información polimórfica (PIC) en cada *locus* y su valor medio. Además se estimaron las probabilidades de exclusión de paternidad con la ausencia del genotipo de uno de los padres (PE1) y la probabilidad de exclusión de paternidad (PE2) para cada *lo-*

TABLA I
SECUENCIA DE INICIADORES PARA AMPLIFICAR LOS 9 *LOCI* MICROSATÉLITES EN LA RAZA BRAFORD /
PRIMER SEQUENCE FOR AMPLIFICATION OF 9 MICROSATELLITE LOCI IN BRAFORD BREED.

<i>Locus</i>	Cromosoma	Secuencia (5'-3')	Referencia
D2S26	2	GCTGCCTTCTACCAAATACCC CTTCCTGAGAGAAGCAACACC	2, 4
HEL5	21	GCAGGATCACTTGTTAGGGA AGACGTTAGTGTACATTAAC	2, 5
INRA23	3	GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC TAACTACAGGGTGTAGATGAACTC	7
INRA037	10	GATCCTGCTTATATTTAACCAC AAAATTCCATGGAGAGAGAAAC	2, 7
TGLA53	16	GCTTTCAGAAATAGTTTGCATTCA ATCTTCACATGATATTACAGCAGA	2, 8
D15	15	AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAG AACGAGTGTCTAGTTTGGCTGTG	11
TGLA126	20	CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTCT TTGGTCTCTATTCTCTGAATATCC	2, 8
INRA040	2	TGAAAGGGGGTGTGTGGG CTGCCCTGGGGATGATT	2, 7
BM6444	2	CTCTGGGTACAACACTGAGTCC TAGAGAGTTTCCCTGTCCATCC	2, 3

¹ Stone y col., 1995; ² Ihara y col., 2004; ³ Bishop y col., 1994; ⁴ Sunden y col., 1993; ⁵ Kaukinen y col., 1993; ⁶ Brezinsky y col., 1993; ⁷ Vaiman y col., 1994; ⁸ Georges and Massey, 1992; ⁹ Sonstegard y col., 1997; ¹⁰ Buchanan and Crawford, 1993; ¹¹ Moore and Byrne, 1993; ¹² Steffen y col., 1993; ¹³ Swarbrick y col., 1991.

cus, usando el programa CERVUS, versión 3.0.3 [17, 20]. Se calculó la probabilidad combinada de exclusión para los 9 loci (PEC2), donde: $P = 1 - (1 - P_1) (1 - P_2) (1 - P_3) \dots (1 - P_K)$, donde: $P =$ probabilidad combinada de exclusión de paternidad del panel de loci utilizados, y $K =$ número total de loci dentro del panel utilizado [16].

Asignación y simulación de paternidad/maternidad

Con la información de la genotipificación de los animales muestreados se realizaron las pruebas de asignación de maternidad y paternidad en el programa CERVUS, versión 3.0.3, usando criterios de restricción estrictos de 80 y 95% de confianza [17, 20]. Para la asignación de paternidad se formaron dos grupos de crías, tomando como base el grupo genético de los padres candidatos. Grupo 1: se formó con 16 crías y 7 posibles padres de raza Hereford, Grupo 2: se formó de 17 crías y 5 posibles padres de raza Brahman.

Análisis del efecto de la asignación de paternidad sobre los parámetros y valores genéticos

Se diseñó una prueba para analizar el efecto de la paternidad incierta sobre los parámetros genéticos: varianza genética directa (σ^2_g), varianza ambiental (σ^2_e), índice de herencia directa (h^2_d), proporción de la varianza ambiental con respecto a la fenotípica (e^2), así como sobre los valores genéticos (diferencias esperadas en la progenie, DEPs) y sus exactitudes. Para ello, se ajustó un modelo animal univariado para el peso al nacimiento (PN), ya que además de la fecha de nacimiento, éste fue el único carácter del cual se logró obtener datos. Se generaron dos bases de datos: en la primera (PS) se simuló una paternidad de las crías entre los padres candidatos, mientras que en la otra se incluyeron los datos de paternidad obtenidos del análisis de asignación (PR).

La simulación de sementales se realizó de manera aleatoria entre los diferentes padres candidatos utilizados durante el empadre múltiple [34]. El modelo animal univariado ajustado, incluyó el efecto fijo del sexo de la cría, el efecto aleatorio del padre y el residual. La forma matricial del modelo fue: $y = \times b + \lambda \epsilon u + \epsilon$, Donde: y representa la variable de interés PN; X y Z , las matrices conocidas de incidencia que relacionan las observaciones con su respectivo efecto fijo y aleatorio; b , el efecto fijo de sexo de la cría; u , el efecto aleatorio del padre y ϵ , el efecto residual. Los componentes de varianza fueron estimados mediante el procedimiento de máxima verosimilitud restringida usando el programa MTDFREML [2], el índice de herencia fue estimado por el mismo programa, mediante las salidas de los componentes de varianza ($h^2_d = \sigma^2_g / \sigma^2_f$, Donde: $h^2_d =$ índice de herencia directa, $\sigma^2_g =$ varianza genética directa, $\sigma^2_f =$ varianza fenotípica), las DEPs y exactitudes fueron obtenidas de una de las subrutinas del subprograma MTDFREML, incluida en el mismo programa. El criterio de convergencia del modelo fue considerado en 1×10^{-9} , y se realizaron tres reinicios en el análisis, hasta que el cambio en el logaritmo de la función de verosimilitud fue menor a 1×10^{-4} , para asegurar el mínimo global.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Parámetros de diversidad alélica de los loci evaluados

Con los nueve loci, se analizó la población total para obtener su polimorfismo y sus frecuencias, con lo cual se determinaron los parámetros que se muestran en la TABLA II. Encontrándose que los loci evaluados muestran mayor variabilidad genética, comparada con resultados observados en otras razas de bovinos [6, 8, 15, 21, 29, 31, 33]; esto puede ser atribuido a la variabilidad intrínseca de la población estudiada ya que el ganado Braford es una raza derivada del cruzamiento entre animales de raza Brahman y Hereford.

TABLA II
PARÁMETROS DE DIVERSIDAD DE LOS MICROSATÉLITES UTILIZADOS EN LA RAZA BRAFORD/
MICROSATELLITE PARAMETER DIVERSITY IN BRAFORD BREED.

Locus Microsatélite	No. de alelos	Rango alélico (pb)	Ho	He	PIC	PE2
BM6444	8	145-159	0,5604	0,6661	0,6109	0,2463
INRA040	22	120-204	0,8556	0,9401	0,9310	0,7665
INRA23	10	195-213	0,8000	0,8534	0,8323	0,5373
D15	11	235-257	0,8022	0,8855	0,8690	0,6104
D2S26	14	114-149	0,6098	0,8245	0,7999	0,4838
TGLA126	11	114-139	0,8315	0,8324	0,8074	0,4931
TGLA53	13	149-175	0,4205	0,8399	0,8159	0,5102
INRA037	12	120-146	0,6932	0,8186	0,7939	0,4733
HEL5	11	155-179	0,6087	0,8485	0,8252	0,5252

pb: pares de bases, Ho: heterocigosidad observada, He: heterocigosidad esperada, PIC: contenido de información polimórfica, PE2: probabilidad de exclusión de paternidad para cada locus.

Este hecho muestra claramente la necesidad de caracterizar paneles específicos de *loci* para cada raza en la que se pretenda realizar pruebas de paternidad, ya que el número de alelos y las frecuencias alélicas pueden ser heterogéneos en diferentes poblaciones de una raza. Una vez determinada la diversidad genética de los *loci* microsatélites se procedió a calcular la probabilidad combinada de exclusión para los 9 *loci* (PEC2), obtenida mediante el programa *CERVUS* (versión 3,0) asumiendo un 96% de *loci* tipificados y un error del 1% en la genotipificación. La TABLA III muestra la probabilidad combinada de exclusión para el panel de microsatélites. Los resultados obtenidos para PIC, He, Ho y PE2, muestran que el *locus* con mayor variabilidad genética dentro del estudio fue el INRA040, seguido por el D15.

Por su parte, el *locus* BM6444 fue el menos informativo de los 9 seleccionados, por lo tanto si se excluye a dicho *locus* del panel se obtendría una probabilidad de exclusión combinada empleando estos 8 *loci* de 0.9986, valor aceptable para la asignación/verificación de relaciones de parentesco [7, 15, 27, 29, 31].

Verificación/Asignación de Progenitores

En el análisis de asignación de paternidad se logró asignar el 100% de las crías, demostrando la eficiencia del panel de *loci* microsatélites utilizado. La asignación de paternidad para las crías de ambos grupos se muestra en la TABLA IV. Es importante mencionar que las condiciones de manejo reproductivo son condicionantes de esta falta de certeza en la paternidad de los sementales dentro del grupo de empadre. Al analizar un hato de ganado Charolais bajo condiciones similares a las presentes, se ha sugerido [34] que la dominancia reproductiva puede ser un factor determinante en hatos bajo empadre múltiple. En Israel se han reportado tasas de identificación errónea del 5% en ganado lechero teniendo como base reproductiva la inseminación artificial [27], lo cual indica que

este problema no es exclusivo de los sistemas de producción extensivos. Por otro lado, en este estudio se encontró que solamente el 9% (3 de 33) de las madres “putativas” estaban asignadas correctamente, obteniéndose por lo tanto un error de asignación de maternidad de 91%. Los reportes sobre esta circunstancia no son frecuentes, sobre todo en sistemas de producción con manejo reproductivo basado en inseminación artificial como los de ganado lechero [10].

En términos económicos, el número de vacas totales en la ganadería es quizás la limitante más importante para la genotipificación del hato reproductivo [37]. Es importante considerar las implicaciones prácticas y sobre todo económicas que puede representar la asignación errónea de ambos progenitores, condición que cobra mayor relevancia al considerar al presente hato como modelo de pie de cría, cuyos animales son diseminados de manera nacional o, en su defecto, regional. Se han indicado [37] dos necesidades que motivan las pruebas de ADN (verificación/asignación) para hatos ganaderos: 1. El rastreo de la herencia de algún gen o característica indeseable, y 2. Reestructurar el pedigrí para el mejoramiento genético de hatos en los cuales se registra la información fenotípica para generar DEPs mediante evaluaciones genéticas.

Las evaluaciones genéticas se han generalizado en México para un gran número de razas cárnicas como Tropicarne [9], Simmental [28], Charolais [30] y Brahman [25], entre otras, cuyas asociaciones han logrado organizar grandes bases de datos genealógicos con el registro de caracteres productivos, principalmente de crecimiento. Estas evaluaciones usan primordialmente el modelo animal como metodología para estimar los valores genéticos del componente directo (paterno), materno, la correlación genética entre ambos y de ambiente permanente [10]. En este sentido, la certeza en la conformación del pedigrí asegura la confiabilidad de los estimadores genéticos incluidos en el modelo de evaluación. Se ha documen-

TABLA III
PROBABILIDAD DE EXCLUSIÓN COMBINADA DEL PANEL DE LOCUS UTILIZADO PARA LA ASIGNACIÓN DE PATERNIDAD/ COMBINED EXCLUSION PROBABILITY FOR THE LOCUS PANEL USED IN THE PATERNITY ASSIGNMENT.

<i>Locus</i> Microsatélite	1*	2*	3*	4*	5*	6*	7*	8*	9*
BM6444	0,2463	0,2463	0,2463	0,2463	0,2463	0,2463	0,2463	0,2463	0,2463
INRA040		0,7665	0,7665	0,7665	0,7665	0,7665	0,7665	0,7665	0,7665
INRA23			0,5373	0,5373	0,5373	0,5373	0,5373	0,5373	0,5373
D15				0,6104	0,6104	0,6104	0,6104	0,6104	0,6104
D2S26					0,4838	0,4838	0,4838	0,4838	0,4838
TGLA126						0,4931	0,4931	0,4931	0,4931
TGLA53							0,5102	0,5102	0,5102
INRA037								0,4733	0,4733
HEL5									0,5252
PEC2**	0,2463	0,8240	0,9185	0,9682	0,9836	0,9916	0,9959	0,9978	0,9989

*: Número de *loci*, PEC2 **: Probabilidad de Exclusión Combinada.

TABLA IV
ASIGNACIÓN DE PATERNIDAD A LAS CRÍAS DEL
GRUPO 1 Y 2/ PATERNITY ASSIGNMENT OF GROUP 1
AND 2 OFFSPRING.

Grupo de Crías	No. de Padre asignado	Número de Cría
Grupo 1	431	188, 150, 147, 195, 190, 186, 157, 156H
	953	143, 158
	447	177, 156M, 161, 197,
	453	159M, 176
	917	155
Grupo 2	188279	171, 175, 169, 173
	01/8	154, 179, 183, 178, 164,
	064	184, 174, 165, 163, 185, 168
	168	159H

H: hembra, M: macho.

tado ampliamente, por ejemplo, que para las variables de peso al nacimiento, al destete y ganancia de peso predestete, se presenta un fenómeno de covarianza genética negativa entre efectos genéticos directos y maternos [18, 24, 30], este fenómeno no es biológicamente posible puesto que la evidencia indica que existe una fuerte relación entre la producción de leche de la madre y el crecimiento predestete de sus crías [22].

La explicación puede encontrarse en la estructura del pedigrí, debido a que en la estimación del efecto directo es posible contar solamente con la información de un solo animal, mientras que los efectos maternos dependen del número de progenie por vaca, del número de vacas con registro de comportamiento productivo y del número de generaciones en los datos registrados [22]. La identificación errónea de los progenitores conduce a un incremento considerable en los estimadores de correlación genética entre los efectos directos y maternos lo que puede sesgar severamente la estimación de los parámetros y valores genéticos [32]. Más que la complejidad de los modelos de evaluación, la estructura del pedigrí es fundamental para asegurar la confiabilidad y la magnitud de la ganancia genética [10].

Para visualizar lo anterior, el ensayo de simulación del presente estudio, similar a otros resultados [34], mostró cambios en los estimadores de varianzas y parámetros genéticos cuantificados a partir del análisis de dos bases de datos (Paternidad real y Paternidad simulada). Se observa que al simular una paternidad se puede subestimar la varianza genética directa [1, 26] y consecuentemente, el índice de herencia (0,07 estimado a partir de la paternidad simulada vs. 0,14 estimado a partir de la paternidad real), así como causar un incremento en las varianzas fenotípica y ambiental (TABLA V).

Estos resultados son consecuencia, sobre todo, del cambio en la clasificación que el modelo animal realiza con base a la matriz de relaciones de parentesco. El efecto negativo que

TABLA V
ESTIMADORES GENÉTICOS DE PATERNIDAD SIMULADA
Y REAL/ GENETIC PARAMETERS OF SIMULATED
AND TRUE PATERNITY.

Estimador genético	Paternidad simulada	Paternidad real
Logaritmo de verosimilitud $-2 \log L$	155,6394	127,3615
Varianza genética directa σ^2_d	1,5609	2,7740
Varianza ambiental σ^2_e	20,6779	17,3512
Varianza fenotípica σ^2_f	22,2388	20,1252
Índice de herencia directa h^2_d	0,07	0,14

tiene la identificación errónea de parentesco sobre la estimación de parámetros y valores genéticos ha sido puntualizada previamente [35, 36]. Este trabajo concuerda con otros [10, 36] en el sentido que la jerarquización de los valores cambia sustancialmente (TABLA VI) cuando se conoce o no el padre de una cría. Por ejemplo, el semental 447 en la paternidad simulada muestra una DEP de -0,2601 y en la paternidad real de 0,5791; en contraste, el semental 431 tiene un valor de DEP en la paternidad real de -0,1363 y en la paternidad simulada de 0,6664, mostrando una sobreestimación del valor genético.

Las repercusiones que puede tener la adquisición de un progenitor cuyos valores genéticos sean sobreestimados debido a la asignación errónea de paternidad, puede conducir no sólo a la disminución de la ganancia genética del hato [32, 34], sino también, a una pérdida económica en la empresa ganadera. Aunque en el presente estudio no se incluyó el efecto materno al momento de estimar las DEPs, por circunstancias implícitas del hato bajo estudio, se puede esperar que con el resultado encontrado en la verificación de maternidad, hatos con manejo reproductivo similar puedan presentar un sesgo sobre el valor genético de los animales evaluados.

CONCLUSIONES E IMPLICACIONES

Se estableció un panel de nueve *loci* microsatélites recomendados por FAO/ISAG que presentan un alto grado de informatividad para la asignación/verificación de relaciones filiales (maternidad y paternidad) en ganado Braford. En este estudio se demuestra la necesidad de establecer paneles apropiados para cada raza que se desee estudiar. Las implicaciones de un error en la asignación de la paternidad y más aun de la maternidad, cobran relevancia bajo los supuestos del modelo animal, sobre todo cuando se evalúan genéticamente características influenciadas por los efectos maternos, como el peso al destete. La implementación de pruebas de ADN para la verificación/asignación de paternidades y maternidades deberá evaluarse en términos económicos para determinar el beneficio costo-efectivo en función de la ganancia genética de los sistemas de producción bovina de pié de cría bajo manejo extensivo y empadre múltiple.

TABLA VI
DIFERENCIAS EN LA PREDICCIÓN DE LOS VALORES GENÉTICOS (DEPs) Y SUS EXACTITUDES DADA LA PATERNIDAD SIMULADA Y REAL PARA PESO AL NACIMIENTO/ DIFFERENCES AND ACCURACIES OF PREDICTED BREEDING VALUES (DEPs) IN SIMULATED AND TRUE PATERNITY FOR BIRTH WEIGHT.

Paternidad Simulada			Paternidad Real		
No. Semental	*DEPs/PN	Exactitud	No. Semental	DEPs/PN	Exactitud
447	-0,2601	0,17	447	0,5791	0,30
227	0,2400	0,28	431	-0,1363	0,34
431	0,6664	0,27	917	-0,2410	0,18
917	-0,0551	0,30	453	0,1335	0,23
409	-0,6304	0,31	953	-0,3353	0,17
453	0,0554	0,31			
953	0,0968	0,32			
168	0,3686	0,25			
01/8	-0,4741	0,22			
53	-0,1927	0,13			
64	0,3356	0,20			
188279	-0,0373	0,20			

*DEPs/PN: Diferencias Esperadas en la Progenie para peso al nacimiento.

AGRADECIMIENTO

Los Autores agradecen al Instituto Politécnico Nacional por el soporte económico mediante el financiamiento del Proyecto SIP 2007-2161. Se agradece al programa de becas de Movilidad Santander para estancias de investigación.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] ARANGUREN, M.A.J.; ROMAN, B.R.; ISEA, W.; VILLASMIL, Y.; JORDANA, J. Los microsatélites (STR's), marcadores moleculares de ADN por excelencia para programas de conservación: una revisión. **Arch. Latinoam. de Prod. Anim**, 13:30-42. 2005.
- [2] BOLDMAN, K.G.; KRIESE, L.A.; VAN VLECK, L.D.; VAN TASELL, C.P.; KACHMAN, S.D. A manual for use of MTDFREML, A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [Draft]. USDA, Agric Res Service. Clay Center, Lincoln. Ne. 120 pp. 1995.
- [3] CABRERA, M.E.; GARNERO, A.; del V. LOBO, R.B.; GUNSKI, R.J. Efecto de la incorporación de la covarianza genética directa –materna en el análisis de características de crecimiento en la raza Nelore. **Livest Res for Rural Develop** 13:3. 2001.
- [4] CHENG, H.H.; CRITTENDEN, L.B. Microsatellite markers for genetic mapping in the chicken. **Poult. Sci.** 73:539-546. 1994.
- [5] CUNNINGHAM, E.P.; MEGHEN, C.M. Biological identification systems: genetic markers. International Office of Epizootics, **Rev. Scientif et Tech** 20:491-499. 2001.
- [6] CURI, A.; LOPES, R.C. Evaluation of nine microsatellite loci and misidentification paternity frequency in a population of Gyr breed bovine. **Braz J. Vet. Res. of Anim. Sci.** São Paulo. 3: 129-135. 2002.
- [7] De la ROSA, R.F.X. Evaluación de regiones asociadas a ganancia de peso en el genoma de individuos de la raza Beefmaster. Centro de Biotecnología Genómica-IPN, Reynosa Tamaulipas México. Tesis de grado. Pp. 35-37. 2003.
- [8] DOMÍNGUEZ, V.J.; NÚÑEZ, D. R.; RAMÍREZ, V.R.; RUIZ, F.A. Evaluación genética de variables de crecimiento en bovinos Tropicarne: Selección de modelos. **Agrocien.** 37:323-335. 2003.
- [9] DODDS, G.K.; TATE, L.M.; SIZE, A.J. Genetic evaluation using parentage information from genetic markers. **J Anim Sci** 83:2271-2279. 2005.
- [10] ELER, J.P.; VAN VLECK, L.D.; FERRAZ, J.B.S.; LÔBO, R.B. Estimation of variants due to direct and maternal effects for growth traits of nelore cattle. **J. Anim. Sci.** 73:3253-3258. 1995.
- [11] FAO/UNEP/IDAD. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. **Measurement of Domestic Animal Diver-**

- sity: recommended microsatellite markers.** FAO. Rome. 215 pp. 1998.
- [12] GEORGES, M.; NIELSEN, D.; MACKINNON, M.; MISHRA, A.; OKIMOTO, R.; PASQUINO, A.T.; SARGEANT, L.S.; SORENSEN, A.; STEELE, M.R.; ZHAO, Y.; WOMACK, J.E.; HOESCHLE, J. Mapping quantitative trait loci controlling milk production in dairy cattle exploiting progeny testing. **Genet. Soc. of Amer.** 139:907-920. 1995.
- [13] GÓMEZ, R.L.; PRIEST, K.; RAUW, M.W.; OKOMO, A.M.; THAIN, D.; BRUCE, B.; RINK, A.; TORELL, R.; GRELLMAN, L.; NARAYANAN, R.; BEATTIE, W.C. The value of DNA paternity identification in beef cattle: Examples from Nevada's free-range ranches. **J. Anim. Sci.** 86:1724. 2008.
- [14] GUNSKI, R. J.; GARNERO, A. del V.; REYES, A.B.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R. B. Estimativas de parâmetros genéticos para características incluídas em critérios de seleção em gado Nelore. **Ciêñ Rural.** 4:603-607. 2001.
- [15] HEYEN, W.D.; BECVER E.J.; DA, Y.; EVERT, E.R.; GREEN, C.; BATES, E.R.S.; ZIEGLE, S.J.; LEWIN, A.H. Exclusion probabilities of 22 bovine microsatellite markers in fluorescent multiplexes for semiautomated parentage testing. **Anim. Genet.** 28:21-27. 1997.
- [16] JAIMENSON, A.; TAYLOR, S.T.C.S. Comparison of three probability formulae for parentage exclusion. **Anim. Genet.** 28:397-400. 1997.
- [17] KALINOWSKI, T.S.; TAPER, L.M.; MARSHALL, C.T. Revising how the computer program cervus accommodates genotyping error increases in paternity assignment. **Mol. Ecol.** 16:1099-1106. 2007.
- [18] KOOTS, K.R.; GIBSON, P.J.; SMITH, C.; WILTON, W.J. Analysis of published genetic parameter estimates for beef production traits, 1. Heritability. **Anim. Breed Abs.** 62:309-338. 1994.
- [19] LASTRA, M.I.J.; PERALTA, A.M.A. La producción de carnes en México y sus perspectivas 1990-2000. Secretaria de Agricultura Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. En Línea: <http://www.sagar.gob.mx>. 01-18-07
- [20] MARSHALL, T.C. CERVUS 3.0. General release version-24 April 2001.
- [21] MARTÍNEZ, M.A.; CALDERÓN, J.; CAMACHO, E.; RICO, C.; VEGA, P.L.J.; DELGADO, V.J. Caracterización genética de la raza bovina Mostrenca con microsatélites. **Arch. de Zoot.** 54:357-361. 2005.
- [22] MANIATIS, N.; POLLLOT, E.G. The impact of data structure on genetic (co)variance components of early growth in sheep, estimated using an animal model with maternal effects. **J. Anim. Sci.** 81:101-108. 2003.
- [23] MERCADANTE, M.E.Z.; LÔBO, R.B. Estimativas de (Co) variancias e parâmetros genéticos dos efeitos direto e materno de características de crescimento de fêmeas de um rebanho nelore. **Rev. Bras. Zoot.** 26:1124-1133. 1997.
- [24] MOHIUDDIN, G. Estimates of genetic and phenotypic parameters of some performance traits in beef cattle. **Anim. Breed Abstr.** 61:495-522. 1993.
- [25] PARRA, B.G.M.; MARTÍNEZ, G.J.C.; CIENFUEGOS, R.E.G.; GARCÍA, E.F.J.; ORTEGA R.E. Parámetros genéticos de variables de crecimiento de ganado Brahman de registro en México. **Vet. Méx.** 38:217-229. 2007.
- [26] QUINTERO, J.C.; TRIANA, J.G.; QUIJANO, J.H.; ARBOLEDA, E. Influencia de la inclusión del efecto materno en la estimación de parámetros genéticos del peso al destete en un hato de ganado de carne. **Rev. Col. Cien. Pec.** 20:117-123. 2007.
- [27] RON, M.; BLANC, M.; EZRA, E.; WELLER, J.I. Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implications for genetic improvement. **J. Dairy Sci.** 79:676-681. 1996.
- [28] ROSALES, A.J.; ELZO, A.M.; MONTAÑO, B.M.; VEGA, M.M.V. Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento predestete en la población mexicana de Simmental. **Rev. Téc. Pec. en Méx.** 42:171-181. 2004.
- [29] RIOJAS, V.V.M.; GOMEZ, F.J.C.; SALINAS, M.J.A.; MONTES, de O.L.R.; WONG, G.A. Confiabilidad del análisis de ADN en pruebas de paternidad para bovinos Brahman y Brangus en México. Universidad Autónoma de Nuevo León. **Cien.** 9:41-50. 2006.
- [30] RÍOS, U.A.; MARTÍNEZ, V.G.; TSURUTA, S.; BERTRAND, K.J.; VEGA, M.E.V.; MONTAÑO, B.M. Estimadores de parámetros genéticos para características de crecimiento de ganado Charolais mexicano. **Téc. Pec. en Méx.** 45:121-130. 2007.
- [31] SALAZAR, M.E.L. Evaluación de nueve marcadores microsatélites para la genotipificación de ganado bovino. Centro de Biotecnología Genómica-IPN, Reynosa Tamaulipas México. Tesis de Grado. 38-42 pp. 2002.
- [32] SENNEKE, S.L.; MACNEIL, M.D.; VAN VLECK, L.D. Effects of sire misidentification on estimates of genetic parameters for birth and weaning weights in Hereford cattle. **J. of Anim. Sci.** 82:2307-2312. 2004.
- [33] SHERMAN, B.G.; KACHMAN, D.S.; HUNGERFORD, L.L.; RUPP, P.G.; FOX, P.C.; BROWN, D.M.; FEUZ, M.B.; HOLM, R.T. Impact of candidate sire number and sire relatedness on DNA polymorphism based measures of exclusion probability and probability of unambiguous parentage. **Anim. Genet.** 35:220-226. 2004.

- [34] SIFUENTES, R.A.M.; PARRA, B.G.M.; De la ROSA, R.X.F.; SÁNCHEZ, V.A.; SERRANO, M.F.; ROSALES, A.J. Importancia de las pruebas de paternidad basadas en microsatélites para la evaluación genética de ganado de carne en empadre múltiple. **Téc. Pec. en Méx.** 44:389-398. 2006.
- [35] TOSH, J.J.; WILTON, J.W. Effects of data structure on variance of prediction error and accuracy of genetic evaluation. **J. of Anim. Sci.** 72:2568-2577. 1994.
- [36] VELMALA, R.J.; VILKKI, H.J.; ELO, K.T.; DE KONING, D.J.; MAKI, T.A.V. A search for quantitative trait loci for milk production traits on chromosome 6 in Finnish Ayrshire cattle. **Anim. Genet.** 30:136-143. 1999.
- [37] WEABER, R.L. DNA Parentage Testing. In: **Proceedings of Beef Improvement Federadtion 8th Genetic Prediction Workshop Molecular Approaches to Genetic Improvement.** December 4-6. Kansas City, Missouri. Pp. 53-58. 2003.