

Estimación de parámetros genéticos de características reproductivas en ganado bovino multirracial en condiciones tropicales

Estimation of genetic parameters for reproductive traits in multibreed cattle under tropical conditions

García-Bravo, L.A.¹, Calderón-Robles, R.C.², Zárate-Martínez, J.P.³, Leyva-Ovalle, O.R.⁴,
Ríos-Utrera, A.¹, Montaña-Bermúdez, M.⁵, Martínez-Velázquez, G.⁶,
Villagómez-Cortés, J.A.¹, Vega-Murillo, V.E.^{1*}

¹ Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Veracruzana, Circunvalación S/N Esq. Yáñez, Unidad Veracruzana, C.P. 91710, Veracruz, Ver., México. ² Sitio Experimental Las Margaritas, INIFAP, km. 9.5, Carretera Hueytamalco-Tenampulco, C.P. 73588, Hueytamalco, Puebla, México. ³ Campo Experimental La Posta, INIFAP, Paso del Toro, Medellín, Veracruz, México. ⁴ Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad Veracruzana, Km. 343.5, Peñuela, C.P. 94945., Amatlán de los Reyes, Veracruz, México. ⁵ Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Fisiología y Mejoramiento Animal, INIFAP, km. 1 carretera Ajuchitlán-Colón, C.P. 76280, Ajuchitlán, Colón, Querétaro, México. ⁶ Campo Experimental Santiago Ixcuintla, INIFAP, km. 6 entronque carretera Internacional México-Nogales, C.P. 63300, Santiago Ixcuintla, Nayarit, México.



Please cite this article as/Como citar este artículo: García-Bravo, L.A., Calderón-Robles, R.C., Zárate-Martínez, J.P., Leyva-Ovalle, O.R., Ríos-Utrera, A., Montaña-Bermúdez, M., Martínez-Velázquez, G., Villagómez-Cortés, J.A., Vega-Murillo, V.E. (2025). Estimation of genetic parameters for reproductive traits in multibreed cattle under tropical conditions. *Revista Bio Ciencias*, 12, e1604. <https://doi.org/10.15741/revbio.12.e1604>

Article Info/Información del artículo

Received/Recibido: November 30th 2024.

Accepted/Aceptado: December 30th 2024.

Available on line/Publicado: March 04th 2025.

RESUMEN

La estimación de parámetros genéticos es esencial en programas de mejoramiento, porque permite desarrollar criterios de selección adecuados y predecir respuestas correlacionadas. El objetivo del estudio fue estimar la heredabilidad y correlaciones genéticas para edad a primer servicio (AFS), intervalo entre partos (CI), días abiertos (DO), días a primer servicio posparto (FPS), duración de la gestación (GL) y servicios por concepción (SC) en ganado multirracial en condiciones tropicales. Los datos se analizaron con modelos univariados y bivariados con el programa MTDFREML, para obtener los componentes de covarianza. Las heredabilidades obtenidas fueron 0, 0.02, 0.03, 0.10, 0.25 y 0.29, para AFS, DO, SC, CI, FPS, GL, respectivamente. Las correlaciones genéticas estimadas fueron 1.00, 1.00, 0.90, 0.97, 0.79, 0.70, 0.99, -1.00, -0.59, -0.47, -0.36, -0.40, -0.15, -0.06 y -0.05 para CI-DO, CI-AFS, FPS-CI, FPS-DO, FPS-AFS, GL-AFS, DO-AFS, SC-AFS, GL-CI, FPS-SC, GL-SC, CI-SC, GL-DO, FPS-GL y SC-DO, respectivamente. La heredabilidad para GL, FPS e CI representa una oportunidad para mejorar estas características a través de un programa de selección, contrariamente, para AFS, DO y SC los valores fueron cercanos a cero. Las asociaciones genéticas entre diferentes características facilitan el diseño de programas de mejoramiento genético que consideren las respuestas correlacionadas.

PALABRAS CLAVE: Características reproductivas, heredabilidad, correlaciones genéticas, bovinos, modelo animal.

*Corresponding Author:

Vicente-Eliezer Vega-Murillo. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Veracruzana, Circunvalación S/N Esq. Yáñez, C.P. 91710, Veracruz, Ver., México. Teléfono: (52) 2299296272. E-mail: vvega@uv.mx

ABSTRACT

The estimation of genetic parameters is essential in breeding programs because it allows the development of appropriate selection criteria and prediction of correlated responses. This study aimed to estimate heritability and genetic correlations for age at first service (AFS), calving interval (CI), days open (DO), days to first postpartum service (DPS), gestation length (GL) and services per conception (SC) in multiracial cattle under tropical conditions. The data were analyzed with univariate and bivariate models by the MTDFREML program to obtain the covariance components. The heritabilities obtained were 0, 0.02, 0.03, 0.10, 0.25, and 0.29, for AFS, DO, SC, CI, FPS, and GL, respectively. The estimated genetic correlations were 1.00, 1.00, 0.90, 0.97, 0.79, 0.70, 0.99, -1.00, -0.59, -0.47, -0.36, -0.40, -0.15, -0.06, and -0.05 for CI-DO, CI-AFS, FPS-CI, FPS-DO, FPS-AFS, GL-AFS, DO-AFS, SC-AFS, GL-CI, FPS-SC, GL-SC, CI-SC, GL-DO, FPS-GL and SC-DO, respectively. The heritabilities for GL, FPS, and CI represent an opportunity to improve these traits through a selection program; conversely, for AFS, DO, and SC the values were close to zero. Genetic associations between different traits simplify the design of breeding programs accounting for correlated responses.

KEY WORDS: Reproductive traits, heritability, genetic correlations, cattle, animal model.

Introducción

La producción ganadera es una industria importante en muchos países tropicales, incluido México (Casanova-Lugo, 2022). La ganadería tropical se basa principalmente en el pastoreo y se caracteriza por limitaciones para efectuar mediciones del desempeño y llevar registros del hato (Cavani *et al.*, 2015; Eler *et al.*, 2014; Pérez-Lombardini *et al.*, 2021). Sin embargo, debido a la demanda global de productos alimenticios, es importante promover la implementación de programas sostenibles de intensificación ganadera en los sistemas tropicales, con base en la mejora genética (Fernandes Júnior *et al.*, 2022). Mejorar en términos genéticos las características reproductivas en hembras no solo puede aumentar la rentabilidad (König & May, 2019), sino que también puede contribuir a la sostenibilidad a largo plazo de la industria ganadera (Fleming *et al.*, 2019).

Las características reproductivas son indicadores importantes de la eficiencia productiva (Stevenson & Britt, 2017). Sin embargo, en las zonas tropicales el comportamiento reproductivo representa un cuello de botella para la eficiencia del ganado, lo cual afecta de forma directa la sostenibilidad de los sistemas productivos (Fernandes Júnior *et al.*, 2022). En décadas recientes,

el objetivo principal ha sido mejorar genéticamente las características reproductivas en la mayoría de los países (Miglior *et al.*, 2017; Sullivan *et al.*, 2020). El mejoramiento genético es una herramienta clave para mejorar la sostenibilidad de la producción ganadera porque los resultados son permanentes (Mueller & Eenennaam, 2022). Si embargo, la mayoría de las características reproductivas evaluadas tienen baja heredabilidad (Cavani *et al.*, 2015; López *et al.*, 2019), pero demuestran variación genética, que indica un buen potencial para la selección directa de éstas (Miglior *et al.*, 2017). A través de la selección de vacas con mérito genético superior se puede lograr este objetivo a largo plazo (Miglior *et al.*, 2017; Martin *et al.*, 2022).

La posibilidad de mejorar una característica está estrechamente relacionada con la variabilidad genética presente en la población de interés, cuanto mayor sea la variación genética, mayor será la posibilidad de mejorarla (Gebeyehu *et al.*, 2014). El conocimiento de los parámetros genéticos es esencial para garantizar el éxito de los programas de mejoramiento (Missanjo *et al.*, 2013; Gebeyehu *et al.*, 2014). La heredabilidad y las correlaciones genéticas son los principales parámetros genéticos requeridos en programas prácticos de mejoramiento genético (Valsalan *et al.*, 2022). Las estimaciones de estos parámetros permiten desarrollar criterios de selección adecuados y predecir respuestas correlacionadas con las características de interés (Oliveira *et al.*, 2021). El objetivo del estudio fue estimar la heredabilidad y correlaciones genéticas para duración de la gestación, intervalo entre partos, número de servicios por concepción, edad a primer servicio, días a primer servicio posparto y días abiertos en ganado multirracial bajo condiciones tropicales.

Material y Métodos

La información proviene de dos hatos, ubicados en Hueytamalco, Puebla, México (20°00'10" N y 97°18'22" W) y Ayotoxco de Guerrero, Puebla, México (20°05'18" N y 97°24'46" W). El clima se clasifica como subtropical húmedo Af(c) (García, 1998; Peel *et al.*, 2007). Para este estudio no fue necesaria la aprobación del Comité de bioética y protección animal, ya que todos los datos se adquirieron de una base de datos existente.

Datos y manejo

Las características reproductivas corresponden a 620 vacas de las razas Holstein, Suizo Pardo, Simmental, Brahman y diferentes grados de cruzamiento entre estas, nacidas entre 1996 y 2017 y que parieron entre 1998 y 2021. Se analizaron seis características reproductivas: edad al primer servicio (AFS), se refiere al periodo desde el nacimiento hasta la primera inseminación registrada; días a primer servicio posparto (FPS), se refiere al número de días transcurridos desde el parto hasta su primer servicio; días abiertos (DO), representa el lapso en días desde el parto hasta la concepción; intervalo entre partos (CI), es el número de días que separan dos partos consecutivos de una misma vaca; duración de la gestación (GL), se define como el número de días entre la concepción y el parto, y número de servicios por concepción (SC), se refiere a la cantidad de intentos necesarios para lograr la concepción.

Las vacas con AFS entre 515 y 1670 d, una GL entre 257 y 305 d, un CI entre 303 y 977 d, FPS entre 22 y 462 d, DO entre 22 y 574 d y SC entre 1 y 8 fueron mantenidas para los análisis finales, ya que valores fuera de estos intervalos pueden ser anormales desde el punto de vista fisiológico o resultado de registros erróneos. La Tabla 1 muestra las estadísticas descriptivas de las características estudiadas. El pedigrí fue el mismo para todas las características analizadas y constaba de 1309 animales pertenecientes a dos generaciones.

Tabla 1. Estadísticas descriptivas de características reproductivas en ganado multirracial.

Característica	n	Media	SD	Min	Max
AFS	341	1123.17	241.8	515	1670
CI	1124	480.2	101.22	303	977
DO	1344	173.33	105.16	22	574
FPS	1461	125.94	85.83	22	462
GL	1069	283.52	6.8	257	305
SC	1662	1.97	1.4	1	8

n: número de observaciones; SD= desviación estándar; Min= mínimo; Max= Máximo; AFS= edad al primer servicio; CI= intervalo entre partos; DO= días abiertos; FPS= días a primer servicio posparto; GL= duración de la gestación; SC= número de servicios por concepción.

Fuente: Elaboración propia.

Se consideraron tres temporadas que correspondieron a sequía (noviembre-febrero), lluvia (marzo-junio) y nortes (julio-octubre). El grupo contemporáneo (CG) se definió por separado para cada característica. Para AFS, el CG se formó con hato, año de nacimiento y temporada de nacimiento. Para DO y FPS, el CG se formó con el hato, año de parto y temporada de parto. Para CI y GL, el CG fue el hato, año de concepción y temporada de concepción. Para el SC, el CG fue el hato, año de servicio y temporada de servicio. Para todas las características sólo se retuvieron CG con al menos cuatro animales.

Análisis estadístico

La edición de los datos, así como las pruebas de significancia de los efectos fijos agregados al modelo y la formación de CG, se realizó en SAS (SAS Institute, 2007). Para estimar los componentes de varianza y parámetros genéticos de AFS, DO, FPS, CI, GL y SC, se asumió el siguiente modelo animal univariado (ecuación 1): $y = X\beta + Za + e$, y bivariado (ecuación 2):

$$\begin{bmatrix} y1 \\ y2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} * \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}. \text{ Donde } y, y1, y2 \text{ son vectores de observaciones}$$

para cada una de las diferentes características. β, β_1, β_2 son vectores de efectos fijos (CG y edad de la vaca al parto en forma lineal y cuadrática). a, a_1, a_2 son vectores aleatorios desconocidos de efectos genéticos aditivos directos. e, e_1, e_2 son vectores aleatorios desconocidos de efectos ambientales. X, X_1, X_2 son matrices conocidas de incidencia que relacionan las medidas fenotípicas con los efectos fijos en β, β_1 y β_2 , respectivamente. Z, Z_1, Z_2 son matrices conocidas de incidencia que relacionan los registros con los efectos genéticos aditivos en a, a_1 y a_2 , respectivamente. Se asumió que los efectos genético aditivo y residual se distribuyeron normalmente con media 0. Para AFS, DO, FPS, CI, GL y SC, se asumió la siguiente estructura de valores esperados (E) y (co)varianzas (ecuación 3):

$$E \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 \\ 0 \end{bmatrix}, \text{ y } V \begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_a^2 & 0 \\ 0 & I_n \sigma_e^2 \end{bmatrix}. \text{ Donde } A \text{ es la matriz de relaciones aditivas de Wright}$$

entre todos los animales en el pedigrí, σ_a^2 es la varianza genética aditiva, σ_e^2 es la varianza del ambiente temporal, e I_n es una matriz identidad de dimensión igual al número de vacas y número de observaciones.

Los efectos de cruzamiento se incluyeron en el modelo como el efecto directo de raza, que se expresó como el porcentaje de la raza Holstein, el coeficiente de heterocigocidad (ecuación 4):

$HT = P_D * (1 - P_D) + P_D * (1 - P_S)$, y el coeficiente de pérdidas por recombinación (ecuación 5):

$RC = P_S * (1 - P_S) + P_D * (1 - P_D)$, para cada raza europea por separado. Donde P_S y P_D son las proporciones de Holstein en el padre y la madre, respectivamente (Akbas et al., 1993; Román-Ponce et al., 2013).

Estimación de componentes de varianza

Las estimaciones de las varianzas se realizaron utilizando el enfoque de Máxima Verosimilitud Restringida Libre de Derivadas (Smith & Graser, 1986) a través del software MTDFREML (Boldman et al., 1995). Se asumió que la convergencia se alcanzó cuando la varianza de menos dos veces el logaritmo de la verosimilitud en el simplex fue menor que 10^{-8} . Después de que el programa alcanzara la convergencia inicial, se llevaron a cabo varios reinicios para asegurar la obtención de un máximo global. En cada iteración subsiguiente, se emplearon como valores iniciales los estimadores de los parámetros obtenidos en el análisis anterior. Las soluciones correspondientes a los efectos aleatorios se derivaron del último ciclo de iteración en el que se logró alcanzar el máximo global.

Estimadores de parámetros genéticos

Se obtuvieron estimadores para la varianza fenotípica ($\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_e^2$), heredabilidad para efectos genéticos aditivos ($h^2 = \sigma_a^2 / \sigma_p^2$), y varianza residual como proporción de la varianza fenotípica ($e = \sigma_e^2 / \sigma_p^2$). Los errores estándar de los estimadores de los parámetros genéticos fueron aproximados y fueron calculados usando la matriz de información promedio y el método Delta (Dodenhoff *et al.*, 1998), tanto en modelos univariados como bivariados (Johnson & Thompson, 1995).

Resultados y Discusión

La heredabilidad (h^2) es considerada uno de los conceptos más importantes para planificar y establecer programas de cría exitosos, ya que representa la proporción de la variación en la expresión de un fenotipo que se atribuye a factores genéticos aditivos. En la Tabla 2 se presentan los componentes de varianza y las heredabilidades estimadas para las características reproductivas con modelos univariados. En general, las heredabilidades para las diferentes características estuvieron en un rango de 0 a 0.29.

Se calculó una heredabilidad de 0.29 para GL, este resultado es superior a 0.14 (0.01) reportado por López *et al.* (2019), estimado a partir de 49,748 observaciones en ganado Hanwoo en Corea del Sur. Por otro lado, Kumar *et al.* (2016) dieron a conocer una heredabilidad de 0.24 ± 0.08 en ganado multirracial en India, valor similar al del presente estudio. Sin embargo, Domínguez-Castaño *et al.* (2021) registraron un valor inferior (0.11 ± 0.02) calculado en vacas Holstein, en Brasil. Inoue *et al.* (2020) obtuvieron 0.11 ± 0.03 en ganado negro japonés, sin embargo, este valor se estimó con datos del primer parto. De hecho, Zhu *et al.* (2024) informaron un valor de heredabilidad diferente para duración de la gestación en vacas (0.12 ± 0.01) y novillonas (0.04 ± 0.03) de la raza Holstein en China.

La heredabilidad estimada para FPS fue de 0.25; valor que es superior a lo reportado en estudios anteriores con datos de ganado Holstein (0.057 ± 0.011) y Rojo Nórdico (0.049 ± 0.011) de Dinamarca, Finlandia y Suecia (Muuttoranta *et al.*, 2019). También en ganado Holstein (0.10 ± 0.008) de China (Liu *et al.*, 2017) y en ganado Holstein, Suizo Pardo y Simmental (0.10 , 0.10 y 0.08 , respectivamente) del noreste de Italia (Martínez-Castillero *et al.*, 2020). Sin embargo, Muuttoranta *et al.* (2019) sugieren que el rendimiento reproductivo entre novillas y vacas no debería ser considerado en un análisis conjunto, sino que deberían diferenciarse (Þórarinsdóttir *et al.*, 2021; Liu *et al.*, 2017; Muuttoranta *et al.*, 2019). No obstante, en el presente estudio no se pudo considerar esta diferenciación debido al limitado número de observaciones disponibles. Así mismo, en el estudio de Muuttoranta *et al.* (2019) se utilizó un rango más restringido de FPS, manteniendo solo datos entre 20 y 230 días y fijando los valores por encima de 181, en 180 d. Mientras que en este estudio se consideraron todos los valores que estuvieron entre 22 y 462 días postparto, de modo que esta diferencia en la selección del rango de FPS pudo generar variación en las estimaciones de heredabilidad.

Tabla 2. Componentes de varianza y estimaciones de heredabilidad de las características reproductivas del ganado multirracial bajo condiciones tropicales, estimado mediante modelos univariados.

Característica	σ_a^2	σ_{pe}^2	σ_p^2	$h^2(ee)$
AFS	0.10	517338.73	517338.83	0 (0.00)
CI	913.19	8633.47	9546.66	0.10 (0.3)
DO	3867.32	219659.88	223527.20	0.02 (0.015)
FPS	1636.79	5025.90	6662.70	0.25 (0.03)
GL	12.66	31.57	44.23	0.29 (0.03)
SC	1583.46	45516.31	47099.77	0.03 (0.017)

σ_a^2 : varianza genética aditiva; σ_{pe}^2 : varianza ambiental permanente; σ_p^2 : varianza fenotípica; h^2 : heredabilidad; ee: error estándar; AFS: edad al primer servicio; CI: intervalo entre partos; DO: días abiertos; FPS: días a primer servicio; GL: duración de la gestación; SC: número de servicios por concepción.

Fuente: Elaboración propia.

La heredabilidad estimada para CI fue de 0.10 (0.3), valor similar a lo reportado para ganado Brahman en Colombia (0.11 ± 0.03) (Duitama *et al.*, 2013). En ese estudio, la heredabilidad estimada fue para el intervalo entre el primer y segundo parto, mientras que para el presente estudio se consideraron en conjunto todos los registros de intervalos entre uno y ocho partos, lo cual podría explicar las diferencias en los resultados obtenidos. En otro estudio, con ganado multirracial, se estimó la heredabilidad para CI y se obtuvo 0.20 (Kumar & Mandal, 2021), el cual es el doble que la heredabilidad estimada en el presente estudio. En investigaciones más recientes, se han reportado valores de h^2 de 0.04 (0.05) en ganado Simmental de Colombia (Amaya *et al.*, 2020) y 0.02 (0.01) en ganado Hanwoo de Corea (López *et al.*, 2019), esta última estimada a partir de una base de datos mucho más grande, con 32,599 registros de CI. El presente estudio cuenta con una base de datos limitada, con información de solo 620 vacas y 1124 registros de CI.

La heredabilidad estimada para SC fue de 0.03. Esta estimación es inferior a 0.11(0.03) reportado en ganado cebú de Cuba por Palacios *et al.* (2019), pero es similar a 0.02 (0.002) reportado en ganado Brahman en Brasil (Cavani *et al.*, 2015). Es importante destacar que Cavani *et al.* (2015) atribuyeron la baja estimación de la heredabilidad al bajo número de observaciones disponibles para esta característica. Recientemente, Þórarinsdóttir *et al.* (2021) reportaron heredabilidad de 0.01 (0.005) y 0.02 (0.008), basándose en datos de novillonas y vacas de hasta tres partos, respectivamente. La heredabilidad estimada en el presente estudio se encuentra dentro de este rango de valores reportados por Þórarinsdóttir *et al.* (2021), teniendo en cuenta que en el presente estudio no se distinguieron entre novillonas y vacas.

La heredabilidad estimada para DO fue de 0.02 (0.015), valor similar a 0.02 (0.01) reportado por López *et al.* (2019) en ganado de carne Hanwoo en Corea del Sur, estimado en 15,355 datos reproductivos recopilados entre 1997 y 2016. Sin embargo, es inferior a 0.04 (0.004) reportada en vacas Holstein en Irán (Solemani-Baghshah *et al.*, 2014) y a 0.09 (0.121) obtenido a partir de una base de datos con distintas razas bovinas (Holstein Friesian, Sahiwal x Friesian, Jersey, Jersey x Achai y Achai) en condiciones subtropicales de Pakistán (Ali *et al.*, 2019), ambos estudios previos utilizaron datos de vacas lecheras como en el presente estudio, aun así, sus heredabilidades son superiores. También se han obtenido valores superiores a estos (0.09 ± 0.12) en ganado Multirracial bajo la condición subtropical de Pakistan (Ali *et al.*, 2019) y en ganado Karan-Fries (0.07 ± 0.02) de Karnal, India (Worku *et al.*, 2021). Así mismo, se estimó una heredabilidad de 0.10 (0.03) en ganado Cebú en Cuba, pero utilizando una amplia base de datos con 55, 220 registros de partos provenientes de 21,909 vacas (Palacios *et al.*, 2019), muy superior al número de datos utilizados en este estudio. Además, se demostró que combinar un carácter con alto nivel de heredabilidad, como el peso al destete, con alguna característica reproductiva, puede tener beneficios significativos ya que aumenta los valores de h^2 y, con ello, se obtienen valores genéticos más precisos (Fernandes *et al.*, 2015; Palacios *et al.*, 2019), inclusive se plantea como una propuesta para mejorar las evaluaciones genéticas de las características reproductivas (Johnston, 2014). En otro estudio, López *et al.* (2019) reportaron una heredabilidad de 0.02 ± 0.01 , en ganado Hanwoo de Corea del Sur y Kumar & Mandal (2021) reporta 0.14 en ganado multirracial de Bengala Occidental, India.

La AFS es un indicador de la edad a la pubertad; sin embargo, la heredabilidad obtenida a través del análisis univariado fue 0 (0.00). Este resultado es inferior a lo reportado por Gathura *et al.* (2020) en un metaanálisis de parámetros genéticos en ganado vacuno de carne. El metaanálisis incluyó datos publicados entre 1986 y 2018 sobre 32 razas en zonas tropicales, y se reportó una heredabilidad promedio de 0.03 (0.04). En comparación, Ríos-Utrera *et al.* (2013) reportaron una heredabilidad de 0.31 (0.152), que es considerada alta, en características reproductivas; es importante tener en cuenta que estos autores analizaron el intervalo entre partos en meses, a diferencia del presente estudio donde se analizó en días. Este factor podría haber influido en la estimación de la heredabilidad, ya que el intervalo en días aporta mayor variabilidad. Por lo tanto, el cambio en la magnitud de la heredabilidad no es una indicación de un cambio real en la influencia genética en la variación de la variable, sino más bien una consecuencia de la escala de la variable usada.

El tipo de modelo utilizado ya sea univariado o multivariado, puede tener un impacto en la estimación de las heredabilidades. El análisis univariado considera una única característica a la vez, mientras que el análisis multivariado involucra dos o más características de manera simultánea. El uso de un análisis multivariado puede tener ventajas, ya que permite estimar las correlaciones genéticas entre características relacionadas, lo cual puede resultar en estimaciones de heredabilidad más precisas. Sin embargo, también puede introducir complejidad en el análisis y requerir un mayor número de datos para obtener estimaciones confiables. Por lo tanto, es importante tener en cuenta el tipo de modelo utilizado al interpretar y comparar estimaciones de heredabilidad en diferentes estudios (Domínguez-Castaño *et al.*, 2021). En la Tabla 3 se presentan las heredabilidades obtenidas a través del modelo bivariado en el presente estudio.

Las heredabilidades incrementaron en todas las características. Esto pudo deberse al número desbalanceado de observaciones entre las características analizadas, por ejemplo, para AFS existen 341 datos vs 1662 para SC. Por otro lado, Worku *et al.* (2021) reportan heredabilidades de 0.07 ± 0.02 y 0.06 ± 0.01 para DO e CI, respectivamente, estimadas a partir de un modelo multivariado. Es importante destacar que pocos estudios y sobre todo actuales, realizan estimaciones de heredabilidad a través de modelos multivariados utilizando solo características reproductivas. Por ejemplo, Ali *et al.* (2019) reportan una heredabilidad de 0.09 (0.121) y 0.14 (0.211) para DO e CI, respectivamente. Los valores son aproximados a los estimados en este estudio, pero, así como este, la gran mayoría analizan características reproductivas en conjunto con características de crecimiento (Amaya *et al.*, 2020; Eler *et al.*, 2014; Palacios *et al.*, 2019), relacionados con la producción y características de la leche (Ali *et al.*, 2019; Recinos *et al.*, 2017), e inclusive con características de supervivencia (Heise *et al.*, 2018) y nuevos rasgos reproductivos (Martin *et al.*, 2022). Por otro lado, estimar las correlaciones genéticas entre características reproductivas es de suma importancia, sobre todo si se busca conocer el comportamiento conjunto con características de fácil medición (Júnior *et al.*, 2018). A continuación, se presentan las covarianzas genéticas y fenotípicas entre las características reproductivas (Tabla 4).

Tabla 3. Componentes de varianza y estimaciones de heredabilidad de las características reproductivas de ganado multirracial en condiciones tropicales, estimados mediante un modelo bivariado.

Característica	σ_a^2	σ_{pe}^2	σ_p^2	$h^2(ee)$
AFS	1154.79	8894.42	8700.02	0.09 (0.25)
CI	613.33	6841.70	7009.72	0.26 (0.10)
DO	1317.21	7930.80	9177.99	0.13 (0.03)
FPS	2349.16	4222.24	6571.39	0.34 (0.17)
GL	652.82	629.15	1281.97	0.47 (0.25)
SC	0.13	1.51	1.64	0.08 (0.08)

σ_a^2 : varianza genética aditiva; σ_{pe}^2 : varianza ambiental permanente; σ_p^2 : varianza fenotípica; h^2 : heredabilidad; ee: error estándar; AFS: edad al primer servicio; CI: intervalo entre partos; DO: días abiertos; FPS: días a primer servicio; GL: duración de la gestación;

SC: número de servicios por concepción.

Fuente: Elaboración propia.

Tabla 4. Covarianzas genéticas (sobre la diagonal) y fenotípicas (bajo la diagonal) entre las características reproductivas de ganado bovino multirracial en condiciones tropicales, estimados mediante un modelo bivariado.

Característica	AFS	CI	DO	FPS	GL	SC
AFS		9.69	8.65	2100.94	34.69	-19.99
CI	9087.03		1629.62	1107.78	-128.70	-17.94
DO	ne	8230.37		1465.66	-17.13	-0.74
FPS	6413.06	4185.47	5432.17		-8.33	-7.37
GL	13.06	-198.91	3.76	-14.25		-0.44
SC	52.35	49.34	60.07	-12.49	-0.13	

AFS: edad al primer servicio; CI: intervalo entre partos; DO: días abiertos; FPS: días a primer servicio; GL: duración de la gestación; SC: número de servicios por concepción; ne=no estimado.

Fuente: Elaboración propia.

La estimación de las covarianzas permite cuantificar el grado de relación entre las características que se evalúan, y a través de las covarianzas se pueden estimar la correlación genética. En la Tabla 5 se presentan las correlaciones genéticas entre las características reproductivas.

En general las correlaciones genéticas entre las características están entre -1 a 1.00. Se observaron correlaciones positivas y fuertes entre CI con DO (1.00) y AFS (1.00), lo cual indica que a medida que se prolonguen los DO, también se incrementará el CI, y a medida que incremente la AFS, también se incrementarán los DO. Esto es comprensible, ya que el intervalo entre partos también incluye los días que transcurren desde el parto hasta que se logra una nueva gestación, similarmente Worku *et al.* (2021) reportaron 0.99 ± 0.00 , entre CI y DO. Las correlaciones genéticas altas indican que ambas características pueden ser reguladas por un número similar de genes (Easa *et al.*, 2022).

Tabla 5. Estimadores de correlaciones genéticas y error estándar (en paréntesis) entre características reproductivas de ganado bovino multirracial en condiciones tropicales.

Característica	GL	CI	SC	DO	AFS
FPS	-0.06 (0.13)	0.90 (0.42)	-0.47 (0.22)	0.97 (0.37)	0.79 (1.91)
GL		-0.59 (0.77)	-0.36 (0.21)	-0.15 (0.16)	0.70 (0.09)
CI			-0.40 (0.25)	1.00 (0.46)	1.00 (ne)
SC				-0.05 (0.21)	-1.00 (1.52)
DO					0.99 (ne)

AFS: edad al primer servicio; DO: días abiertos; FPS: días a primer servicio; CI: intervalo entre partos; GL: duración de la gestación; SC: número de servicios por concepción; ne: no estimado.

Fuente: Elaboración propia.

La correlación genética entre SC y AFS también es fuerte pero negativa (-1.00), lo cual indica que a medida que aumenta la AFS se disminuirá los SC. Desde un punto de vista fisiológico, esto es coherente, ya que una hembra madura tiene más probabilidades de quedar gestante, sobre todo en condiciones tropicales, donde rara vez las hembras jóvenes alcanzan el tamaño corporal deseado y, por lo tanto, requieren más tiempo para alcanzar la madurez.

Los FPS mostraron una correlación positiva fuerte con CI (0.90), DO (0.97) y AFS (0.79). Estos resultados son convenientes, ya que implica que a medida que los FPS disminuyen, también disminuyen los DO, y a su vez lleva a una disminución en el intervalo entre partos. El resultado obtenido es consistente con el valor de 0.7 reportado por Liu *et al.* (2017) en un estudio previo realizado en ganado Holstein en China. La correlación genética entre AFS y FPS (0.79) indica que a medida que la hembra aumenta la edad para recibir su primer servicio también aumentaran los días al primer servicio después del parto.

La GL también tuvo una correlación negativa moderada con CI (-0.59), lo cual indica que a medida que incrementa el CI se disminuye la GL, sin embargo, también se han reportado correlaciones negativas de baja magnitud (-0.02) (López *et al.*, 2019). La correlación genética positiva y fuerte de AFS y GL (0.70), indica que a menor AFS menor será la GL. Las correlaciones genéticas de SC fueron moderadas y negativas con FPS (-0.47), GL (-0.36) y CI (-0.40), estas correlaciones indican que cuanto menor sean los FPS, la GL y el CI, mayor será el número de servicios necesarios para gestar a la vaca. Los resultados parecen lógicos, ya que a medida que aumenta el número de días al primer servicio después del parto, mayor será el tiempo para que el tracto reproductivo se recupere por completo y esté listo para una nueva gestación. Los resultados de Þórarinsdóttir *et al.* (2021) muestran una correlación genética de 0.56 entre SC e CI, la cual es similar en magnitud, pero diferente en dirección con respecto a los resultados (-0.40). De manera similar, en estudios anteriores se han reportado correlaciones genéticas que varían desde moderadas y positivas (0.35) según Liu *et al.* (2017), hasta débiles y negativas

(-0.17) según Þórarinsdóttir *et al.* (2021), entre FPS y SC. También se estimaron correlaciones débiles y negativas entre DO y GL (-0.15), y cercanas a cero para DO y SC (-0.05) y GL y FPS (-0.06). La correlación genética de DO y GL es similar en dirección, pero inferior en magnitud a -0.03 ± 0.0 reportado por Domínguez-Castaño *et al.* (2021) en ganado Holstein en Brasil.

Cuando se emplea una aproximación asintótica inapropiada, especialmente en muestras de tamaño reducido, es probable que la varianza muestral muestre un sesgo (Thai *et al.*, 2013), lo cual potencialmente pudo influir en las estimaciones realizadas en este estudio, particularmente en casos donde las características contaron con un número limitado de datos, como en el caso de AFS. Sin embargo, aún no está claro qué cantidad de datos constituye un tamaño de muestra suficientemente grande (Walsh & Lynch 2018). En muchas ocasiones, no se cuenta con suficientes datos para cumplir con las condiciones necesarias para realizar estimaciones de verosimilitud óptimas, aun así, las estimaciones de los parámetros son fundamentales, para la mejora genética de las características reproductivas (Roy *et al.*, 2024). Por otro lado, siempre se debe considerar que los componentes de varianzas y las heredabilidades son estimaciones puntuales de la población bajo estudio (Rameez *et al.*, 2022). De hecho, si se comparan los resultados del presente estudio con valores reportados en la literatura científica se puede observar que los valores de los parámetros genéticos son heterogéneos, esto se atribuye a que son obtenidos de diferentes lugares, diferentes tamaños de muestra y distintos métodos de estimación (Akanno *et al.*, 2013; Ndung'u *et al.*, 2020), así como por efectos de las variaciones biológicas entre diferentes poblaciones (Zhang & Schumacher, 2021). Aun así, al ser un parámetro poblacional, las estimaciones tienen un impacto directo en los avances genéticos dentro de la población bajo estudio (Gathura *et al.*, 2020).

Conclusiones

Las heredabilidades obtenidas para GL, FPS e CI se consideran moderadas, esto representa una oportunidad de lograr mejorar las características reproductivas a través de un programa de selección, mientras que, para SC, DO y AFS las h^2 son consideradas bajas e implicaría una menor respuesta a la selección. Las correlaciones genéticas entre las características reproductivas hacen factible el planteamiento de programas de mejoramiento genético que puedan tomar en cuenta a las diferentes características estudiadas de manera simultánea. Se recomienda estimar los valores genéticos de los animales y observar la respuesta correlacionada a la selección.

Contribución de los autores

Conceptualización del trabajo, LAGB, VVEM; desarrollo de la metodología, LAGB; manejo de software, LAGB, VEVM; validación experimental, JAVC, ORLO, JPZM, RCCR, ARU, MMB, GMV; análisis de resultados, LAGB, VEVM; Manejo de datos, LAGB, VEVM, ARU; escritura y preparación del manuscrito, LAGB, JAVC; redacción, revisión y edición, LAGB, VEVM, JAVC, ORLO, JPZM, RCCR, ARU, MMB, GMV; administrador de proyectos, VEVM, JAVC; adquisición de fondos, VEVM, JPZM, RCCR, ARU, MMB, GMV.

“Todos los autores de este manuscrito han leído y aceptado la versión enviada del mismo.”

Agradecimientos

Se agradece al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por la beca proporcionada al autor, con número de apoyo 781818. Al INIFAP por aportar los datos para el cumplimiento del estudio.

Conflicto de interés

Los autores declaran no tener conflicto de interés.

Referencias

- Akanno, E. C., Schenkel, F. S., Quinton, V. M., Friendship, R. M., & Robinson, J. A. B. (2013). Meta-analysis of genetic parameter estimates for reproduction, growth and carcass traits of pigs in the tropics. *Livestock Science*, 152(2–3), 101–113. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.07.021>
- Ali, I., Muhammad Suhail, S., & Shafiq, M. (2019). Heritability estimates and genetic correlations of various production and reproductive traits of different grades of dairy cattle reared under subtropical condition. *Reproduction in Domestic Animals*, 54(7), 1026–1033. <https://doi.org/10.1111/rda.13458>
- Amaya, M., Martínez, S., & Cerón-muñoz, M. (2020). Parámetros genéticos para crecimiento y reproducción en ganado Simmental mediante parentesco por pedigrí y genómico. *Revista MVZ Córdoba*, 25(1), 51–58. <https://doi.org/10.21897/rmvz.1520>
- Akbas, Y., Brotherstone, S., & Hill, W. G. (1993). Animal model estimation of non-additive genetic parameters in dairy cattle, and their effect on heritability estimation and breeding value prediction. *Journal of Animal Breeding And Genetics*. 110(1–6), 105–113. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.1993.tb00721.x>
- Boldman, K. G., Kriese, L. A., Van Vleck, L. D., Van Tassell, C. P., & Kachman, S. D. (1995). A manual for use of MTD-FREML: A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [Draft]. Washington (DC): ARS, USDA.
- Casanova-Lugo, F., Villanueva-López, G., Alcudia-Aguilar, A., Nahed-Toral, J., Medrano-Pérez, O. R., Jiménez-Ferrer, G., Alayón-Gamboa, J. A. & Raj Aryal, D. (2022). Effect of tree shade on the yield of *Brachiaria brizantha* grass in tropical livestock production systems in Mexico. *Rangeland Ecology & Management*, 80, 31-38. <https://doi.org/10.1016/j.rama.2021.09.006>
- Cavani, L., García, D. A., Carreño, L. O. D., Ono, R. K., Pires, M. P., Farah, M. M., Ventura, H. T., Millen, D. D., & Fonseca, R. (2015). Estimates of genetic parameters for reproductive traits in Brahman cattle breed. *Journal of Animal Science*, 93(7), 3287–3291. <https://doi.org/10.2527/jas.2015-8970>
- Dodenhoff, J., Van Vleck, L. D., Kachman, S.D., & Koch, R. M. (1998). Parameter estimates for direct, maternal, and grandmaternal genetic effects for birth weight and weaning

- weight in Hereford cattle. *Journal of Animal Science*, 76(10),2521-2527. <https://doi.org/10.2527/1998.76102521x>
- Domínguez-castaño, P., Toro-Ospina, A., El Faro, L., & Vasconcelos-Silva, J. (2021). Genetic principal components for reproductive and productive traits in Holstein cows reared under tropical conditions. *Tropical Animal Health and Production*, 53,193. <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/s11250-021-02639-w>
- Duitama, O.C., González, L. H., Garcia, D., Farah, M., & Da Fonseca, R. (2013). Productividad acumulada y su relación genética con características reproductivas en hembras brahman. *Revista MVZ Cordoba*, 18(SUPPL.), 3658–3664. <https://doi.org/10.21897/rmvz.132>
- Easa, A. A., El-Aziz, A. H. A., Barbary, A. S. A. E., Kostomakhin, N. M., Nasr, M. A. F., & Imbabi, T. A. (2022). Genetic parameters of production and reproduction traits of Egyptian buffaloes under subtropical conditions. *Tropical Animal Health and Production*, 54(5). <https://doi.org/10.1007/s11250-022-03251-2>
- Eler, J. P., Bignardi, A. B., Ferraz, J. B. S., & Santana, J. L. (2014). Genetic relationships among traits related to reproduction. And growth of Nelore females. *Theriogenology*, 82(5), 708–714. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2014.06.001>
- Fernandes Júnior, G. A., Silva, D. A., Mota, L. F. M., de Melo, T. P., Fonseca, L. F. S., Silva, D. B. d. S., Carvalheiro, R., & Albuquerque, L. G. (2022). Sustainable intensification of beef production in the tropics: the role of genetically improving sexual precocity of heifers. *Animal*, 12(2),174. <https://doi.org/10.3390/ani12020174>
- Fernandes, A. F. A., Neves, H. H. R., Carvalheiro, R., Oliveira, J. A., & Queiroz, S. A. (2015). Body condition score of Nelore beef cows: A heritable measure to improve the selection of reproductive and maternal traits. *Animal*, 9(8), 1278–1284. <https://doi.org/10.1017/S1751731115000154>
- Fleming, A., Baes, C. F., Martin, A. A. A., Chud, T. C. S., Malchiodi, F., Brito, L. F., & Miglior, F. (2019). Symposium review: The choice and collection of new relevant phenotypes for fertility selection. *Journal of Dairy Science*, 102(4), 3722–3734. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15470>
- García, E. (1998). Modificaciones al sistema de clasificación climática de Köppen. Universidad Nacional Autónoma de México. México. 59-75. <http://www.publicaciones.igg.unam.mx/index.php/ig/catalog/view/83/82/251-1>
- Gathura, D. M., Muasya, T. K., & Kahi, A. K. (2020). Meta-analysis of genetic parameters for traits of economic importance for beef cattle in the tropics. *Livestock Science*, 242, 104306. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104306>
- Gebeyehu, G., Harpal, S., Karl-J, P., & Nils, L. (2014). Heritability and correlation among first lactation traits in Holstein Friesian cows at Holeta Bull Dam Station, Ethiopia. *International Journal of Livestock Production*, 5(3):47-53. <https://doi.org/10.5897/IJLP2013.0165>
- Heise, J., Stock, K. F., Reinhardt, F., Ha, N. T., & Simianer, H. (2018). Phenotypic and genetic relationships between age at first calving, its component traits, and survival of heifers up to second calving. *Journal of Dairy Science*, 101(1), 425–432. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-12957>
- Inoue, K., Hosono, M., Oyama, H., & Hiroyuki, H. (2020). Genetic associations between reproductive traits for first calving and growth curve characteristics of Japanese Black cattle. *Animal Science Journal*, 91(e13467), 1–8. <https://doi.org/10.1111/asj.13467>

- Johnson, D. L. & Thompson, R. (1995). Restricted maximum likelihood estimation of variance components for uni-variate animal models using sparse matrix techniques and average information. *Journal of Dairy Science*, 78(2),449-456. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(95\)76654-1](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(95)76654-1)
- Johnston, D. J. (2014). Genetic improvement of reproduction in Beef Cattle. Proceedings, 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. Vancouver, BC, Canada, 17-22 August. https://www.researchgate.net/publication/268110361_Genetic_Improvement_of_Reproduction_in_Beef_Cattle/citations
- Júnior, R. J. F., Bonilha, S. F. M., Monteiro, F. M., Cyrillo, J. N. S. G., Branco, R. H., Silva, J. A. V., & Mercadante, M. E. Z. (2018). Evidence of negative relationship between female fertility and feed efficiency in Nellore cattle. *Journal of Animal Science*, 96(10), 4035–4044. <https://doi.org/10.1093/jas/sky276>
- König, S., & May, K. (2019). Invited review: Phenotyping strategies and quantitative-genetic background of resistance, tolerance and resilience associated traits in dairy cattle. *Animal*, 13(5), 897–908. <https://doi.org/10.1017/S1751731118003208>
- Kumar, A., Mandal, A., Gupta, A. K., & Ratwan, P. (2016). Genetic and environmental causes of variation in gestation length of Jersey crossbred cattle. *Veterinary World*, 9(4), 351–355. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2016.351-355>
- Kumar, A., & Mandal, A. (2021). Evaluation of animal models to explore the influence of maternal genetic and maternal permanent environment effect on reproductive performance of Jersey crossbred cattle. *Reproduction in Domestic Animals*, 56(3), 511–518. <https://doi.org/10.1111/rda.13889>
- Liu, A., Lund, M.S., Wang, Y., Guo, G., Dong, G., Madsen, P., & Su, G. (2017). Variance components and correlations of female fertility traits in Chinese Holstein population. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 8, 56. <https://doi.org/10.1186/s40104-017-0189-x>
- López, B. I., Son, J. H., Seo, K., & Lim, D. (2019). Estimation of genetic parameters for reproductive traits in Hanwoo (Korean Cattle). *Animals*, 9(10), 1–7. <https://doi.org/10.3390/ani9100715>
- Martin, A. A. A., de Oliveira G Jr., Madureira, A. M. L., Miglior, F., Leblanc, S. J., Cerri, R. L. A., Baes, C. F., & Schenkel, F. S. (2022). Reproductive tract size and position score: Estimation of genetic parameters for a novel fertility trait in dairy cows. *Journal of Dairy Science*, 105(10), 8189–8198. <https://doi.org/10.3168/jds.2021-21651>
- Martínez-Castillero, M., Toledo-Alvarado, H., Pegolo, S., Vazquez, A. I., de los Campos, G., Varona, L., Finocchiaro, R., Bittante, G., & Cecchinato, A. (2020). Genetic parameters for fertility traits assessed in herds divergent in milk energy output in Holstein-Friesian, Brown Swiss, and Simmental cattle. *Journal of Dairy Science*, 103(12), 11545–11558. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-18934>
- Miglior, F., Fleming, A., Malchiodi, F., Brito, L. F., Martin, P., & Baes, C. F. (2017). A 100-Year Review : Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 100(12), 10251–10271. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-12968>
- Missanjo, E., Imbayarwo-Chikosi, V., & Halimani, T. (2013). Estimation of genetic and phenotypic parameters for production traits and somatic cell count for jersey dairy cattle in zimbabwe. *ISRN Veterinary Science*, 11,470585. <https://doi.org/10.1155/2013/470585>
- Mueller, M. L., & Eenennaam, A. L. V. (2022). Synergistic power of genomic selection assisted reproductive technologies and gene editing to drive genetic improvement of cattle. *CABI*

- Agriculture and Bioscience*, 3(13). <https://doi.org/10.1186/s43170-022-00080-z>
- Muuttoranta, K., Tyrisevä, A. M., Mäntysaari, E. A., Pösö, J., Aamand, G. P., & Lidauer, M. H. (2019). Genetic parameters for female fertility in Nordic Holstein and Red Cattle dairy breeds. *Journal of Dairy Science*, 102(9), 8184–8196. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-15858>
- Ndung'u, C. W., Okeno, T. O., & Muasya, T. K. (2020). Pooled parameter estimates for traits of economic importance in indigenous chicken in the tropics. *Livestock Science*, 239(May), 104102. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104102>
- Oliveira, J. G. A., Schenkel, F. S., Alcantara, L., Houlihan, K., Lynch, C., & Baes, C. F. (2021). Estimated genetic parameters for all genetically evaluated traits in Canadian Holsteins. *Journal of Dairy Science*, 104(8), 9002–9015. <https://doi.org/10.3168/jds.2021-20227>
- Palacios, E. A., Espinoza, V. J. L., & Menéndez, B. A. (2019). Parámetros genéticos para peso al destete y rasgos reproductivos en ganado cebú de Cuba. *Nova Scientia*, 11(22), 1–25. <https://doi.org/10.21640/ns.v11i22.1672>
- Peel, M. C., Finlayson, B. L., & McMahon, T. A. (2007). Hydrology and Earth System Sciences Updated world map of the Köppen-Geiger climate classification. *Hydrology and Earth System Sciences*, 11(5), 1633–1644. <https://doi.org/10.5194/hess-11-1633-2007>
- Pérez-Lombardini, F., Mancera, K. F., Suzán, G., Campo, J., Solorio, J., & Galindo, F. (2021). Assessing sustainability in cattle silvopastoral systems in the Mexican tropics using the SAFA framework. *Animals*, 11(1), 109. <https://doi.org/https://doi.org/10.3390/ani11010109>
- Rameez, R., Jahageerdar, S., Jayaraman, J., Chanu, T. I., Bangera, R., & Gilmour, A. (2022). Evaluation of alternative methods for estimating the precision of REML-based estimates of variance components and heritability. *Heredity*, 128(4), 197–208. <https://doi.org/10.1038/s41437-022-00509-1>
- Recinos, C. A., Ibáñez, E. M. A., Arce, M. M. O., Garduño, R. G., Díaz Rivera, P., & Cuellar, J. A. H. (2017). Productive and reproductive parameters in dual-purpose Zebu x Holstein cattle in Tabasco, Mexico. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 8(1), 83–91. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v8i1.4347>
- Ríos-Utrera, Á., Hernández-Hernández, V. D., Villagómez Amezcua-Manjarréz, E., & Zárate-Martínez, J. P. (2013). Heredabilidad de características reproductivas de vacas Indubrasil. *Agronomía Mesoamericana*, 24(2), 293-300. <https://doi.org/10.15517/am.v24i2.12529>
- Román-Ponce, S.I., Ruiz-López, F.J., Montaldo, V.H.H., Rizzi, Román-Ponce, H. (2013). Efectos de cruzamiento para producción de leche y características de crecimiento en bovinos de doble propósito en el trópico húmedo. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 4(4), 405-416. <https://cienciaspecuarias.inifap.gob.mx/index.php/Pecuarias/article/view/3197>
- Roy, I., Rahman, M., Karunakaran, M., Gayari, I., Baneh, H., & Mandal, A. (2024). Genetic relationships between reproductive and production traits in Jersey crossbred cattle. *Gene*, 894(147982). <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.gene.2023.147982>
- SAS, 2007. SAS OnlineDoc 9.1.3. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA. https://www.sas.com/es_mx/home.html
- Smith, S. P., & Graser, H. U. (1986). Estimating variance components in a class of mixed models by restricted maximum likelihood. *Journal of Dairy Science*, 69(4), 1156-1165. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(86\)80516-1](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(86)80516-1)
- Solemani-Baghshah, S., Ansari-Mahyari, S., Edriss, M. A., & Nanaei, H. A. (2014). Estimation of genetic and phenotypic trends for age at first calving, calving interval, days open and

- number of insemination to conception for Isfahan Holstein cows. *International Journal of Advanced Biological and Biomedical Research*, 2(5), 1307–1314. <http://www.ijabbr.com>
- Stevenson, J. S., & Britt, J. H. (2017). A 100-Year Review : Practical female reproductive management. *Journal of Dairy Science*, 100(12), 10292–10313. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-12959>
- Sullivan, M. O., Butler, S. T., Pierce, K. M., Crowe, M. A., Sullivan, K. O., & Fitzgerald, R. (2020). Reproductive efficiency and survival of Holstein-Friesian cows of divergent economic breeding index, evaluated under seasonal calving pasture-based management. *Journal of Dairy Science*, 103(2), 1685–1700. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17374>
- Thai, H. T., Mentré, F., Holford, N. H. G., Veyrat-Follet, C., & Comets, E. (2013). A comparison of bootstrap approaches for estimating uncertainty of parameters in linear mixed-effects models. *Pharmaceutical Statistics*, 12(3), 129–140. <https://doi.org/10.1002/pst.1561>
- Worku, D., Ravi, G. R. G., Pooja, K., Gupta, J. I. D., & Verma, A. (2021). Estimation of genetic parameters for production and reproductive traits in Indian Karan-Fries cattle using multi-trait Bayesian approach. *Tropical Animal Health and Production*, 53(369), 1–9. <https://doi.org/10.1007/s11250-021-02806-z>
- Pórarinsdóttir, Þ., Eriksson, S., & Albertsdóttir, E. (2021). Genetic parameters and genetic trends of female fertility in Icelandic dairy cattle. *Livestock Science*, 251. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2021.104628>
- Valsalan, J., Sadan, T., Anilkumar, K., & Aravindakshan, T.V. (2022). Estimation of co-variance components and genetic parameters of fertility and production traits in crossbred cattle of Kerala. *Theriogenology*, 181, 126-130. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2022.01.004>
- Walsh, B., & Lynch, M. (2018). Evolution and selection of quantitative traits. *Oxford University Press*. <https://doi.org/10.1093/oso/9780198830870.001.0001>
- Zhang, J., & Schumacher, F. R. (2021). Evaluating the estimation of genetic correlation and heritability using summary statistics. *Molecular Genetics and Genomics*, 296(6), 1221–1234. <https://doi.org/10.1007/s00438-021-01817-7>
- Zhu, K., Li, T., Liu, D., Wang, S., Wang, S., Wang, Q., Pan, Y., Zan, L., & Ma, P. (2024). Estimation of genetic parameters for fertility traits in Chinese Holstein of south China. *Frontiers in Genetics*, 14, 1288375. <https://doi.org/10.3389/fgene.2023.1288375>