

## EVALUACIÓN GENÉTICA PRELIMINAR DE BOVINOS ANGUS EN MÉXICO MEDIANTE VALORES DE CRÍA GENÓMICOS

### Preliminary genetic evaluation of Angus cattle in Mexico using genomic breeding values

Daniela Elizabeth Briones Martín del Campo, Claudia Patricia Pérez Camacho, Felipe Alonso Rodríguez Almeida\*, Alfredo Anchondo Garay, Hipólito Hernández Cano y Alberto Flores Mariñelarena

Facultad de Zootecnia y Ecología, Universidad Autónoma de Chihuahua, Periférico Fco. R. Almada km 1. Chihuahua, Chihuahua, México.

\*frodrigu@uach.mx

**Nota científica** recibido: 30 de agosto de 2013, **aceptado:** 10 de enero de 2014

**RESUMEN.** Con el objeto de evaluar genéticamente bovinos Angus importados a México como embriones, en comparación con una población de referencia internacional y bovinos concebidos localmente, se genotificaron 143 animales Angus y Angus Rojo con la plataforma BeadChipIllumina BovineSNP50<sup>®</sup> y se predijeron sus valores de cría genómicos (MVP). En promedio fueron superiores a la media de la población de referencia para características de facilidad de parto directa y materna, habilidad lechera, crecimiento desde el destete hasta el año de edad, peso de la canal, desarrollo muscular, marmoleo y el índice económico de engorda en confinamiento. Los animales originados con germoplasma importado fueron superiores a los concebidos localmente para las características de crecimiento desde el destete hasta el año de edad, desarrollo muscular, marmoleo, terneza de la carne y el índice económico. La población de bovinos Angus evaluada mostró tener potencial genético para seleccionar y utilizar reproductores mejorados.

**Palabras clave:** Genómica, selección asistida, bovinos carne, Angus.

**ABSTRACT.** In order to genetically evaluate Angus cattle imported into Mexico as embryos, in comparison with an international reference population and cattle conceived locally, 143 Angus and Red Angus animals were genotyped with the IlluminaBovineSNP50BeadChip<sup>®</sup> platform, and their genomic breeding values (MVP) were predicted. On average, they were superior to the mean of the reference population regarding traits like direct and maternal calving ease, milking ability, growth from weaning to yearling, carcass weight, muscle development, marbling and the feed lot economic index. The animals bred from imported germplasm were superior to those conceived locally regarding the traits of growth from weaning to yearling, muscle development, marbling, meat tenderness and the economic index. The Angus population that was evaluated proved to have genetic potential from which it is possible to select and use improved breeders.

**Key words:** Genomics, assisted selection, beef cattle, Angus.

### INTRODUCCIÓN

La predicción de valores de cría mediante información genómica ofrece la posibilidad de aumentar la precisión de las evaluaciones genéticas para características para las que no existe o hay poca información fenotípica disponible (Swan et al. 2012), siempre y cuando se tenga una relación genética de pedigrí cercana entre los animales a evaluar y la población de referencia utilizada para generar las predicciones de los valores de

cría genómicos o valores moleculares (MVP; Habier et al. 2010). La evaluación consiste en la genotipificación de los animales de interés a través de paneles de alta densidad de marcadores del tipo polimorfismo de nucleótido simple (Single Nucleotide Polymorphism-SNP), como es el caso del IlluminaBovineSNP50BeadChip<sup>®</sup>, con el que se pueden genotipificar para alrededor de 50 mil marcadores simultáneamente (Swan et al. 2012). El MVP del animal genotipificado se obtiene al sumar los efectos de todos sus SNP, estimados en

la población de referencia (Habier *et al.* 2010). La disponibilidad de esta información ha hecho posible en los Estados Unidos de América la evaluación genética de bovinos Angus (Weber *et al.* 2012).

Aunque actualmente, la evaluación genética y selección de bovinos Angus en México está basada en registros fenotípicos del individuo y de sus parientes, mediante la metodología de las mejores predicciones lineales insesgadas, se tienen condiciones como el tamaño pequeño de la población, la falta de sistematización en la definición y manejo de los grupos contemporáneos, la reducida conectividad entre hatos y entre grupos contemporáneos (Magaña-Valencia *et al.* 2012), los registros de producción se limitan sólo a características de crecimiento y no consideran talla madura, eficiencia alimenticia, reproducción, características de la canal y de calidad de la carne, que limitan su confiabilidad y uso. Por otra parte, debido a la importación de animales, semen y embriones desde Canadá y los Estados Unidos de América, 53 % de los bovinos de criaderos pertenecientes a la Asociación Angus Mexicana tienen padre extranjero (Núñez-Domínguez 2013), con lo que se infiere que existe una relación genética de pedigrí cercana entre la población Angus registrada nacional y la de referencia utilizada para generar los MVP para bovinos Angus en esos países y, por tanto, se pudieran utilizar como una herramienta de selección en México.

Por otra parte, en núcleos abiertos de selección es altamente recomendable que el germoplasma importado cuente con una evaluación genética en su lugar de origen y en conjunto con el germoplasma local. La evaluación de los bovinos obtenidos a través de embriones importados puede ser a través de los valores de cría de los progenitores en su lugar de origen (Van Vleck *et al.* 1987), pero se puede lograr una evaluación con mayor precisión con MVP obtenidos con la plataforma IlluminaBovineSNP50BeadChip<sup>®</sup> (Pollak *et al.* 2010).

El objetivo fue evaluar, mediante valores de cría genómicos, el potencial genético de germoplasma Angus importado a Chihuahua, México, en comparación con la población de referencia utilizada

por Pfizer Animal Genetics, Inc., y a bovinos Angus concebidos localmente mediante inseminación artificial y monta natural.

## MATERIALES Y MÉTODOS

En el estudio se incluyeron 143 bovinos Angus y Angus Rojo de diferentes municipios del estado de Chihuahua, México, candidatos a ser utilizados como reproductores en criaderos de ganado de registro miembros de la Asociación Angus Mexicana. Ciento ocho se importaron como embriones (TE) de Estados Unidos de América y Canadá; 20 fueron concebidos por inseminación artificial (IA) con padres de origen norteamericano; y 15 por monta natural (MN).

Los animales se genotipificaron con la plataforma IlluminaBovineSNP50BeadChip<sup>®</sup> versión Global, para lo cual se obtuvieron muestras de sangre de la parte interna de la oreja y se colocaron en tarjetas FTA Whatman<sup>®</sup> por duplicado para cada animal. Estas tarjetas se enviaron al laboratorio de Pfizer Animal Health Inc.<sup>©</sup>, Animal Genetics, ubicado en Kalamazoo, Michigan, E.U.A., para su análisis.

Los efectos de sustitución alélica para cada marcador se derivaron por Pfizer usando un método de ponderación Bayesiano denominado BayesC, disponible en la aplicación GenSel (Fernando y Garriick 2009), para lo cual la fracción de marcadores con efecto de valor conocido cero ( $\pi$ ) que se excluyeron en el modelo estadístico en cada iteración de muestreo Gibbs se fijó a 0.95. El total de iteraciones de la Cadena Markov de Monte Carlo para estimar las medias posteriores de los efectos de los marcadores y las varianzas fue de 45,000, de las cuales las primeras 5,000 se desecharon en el proceso de quemado. Para cada característica evaluada, los valores de cría estimados de los animales en la población de referencia se usaron como variables de respuesta y las precisiones respectivas como los factores de ponderación. La base de datos utilizada para la evaluación de entrenamiento y de validación incluyó registros de bovinos Angus de Norteamérica (Estados Unidos de América y Canadá), Australia, Nueva Zelanda, Reino Unido y Sudamérica, por lo

que el uso de las predicciones se recomiendan para las poblaciones Angus de estos países y otras poblaciones con relaciones estrechas de pedigrí. La precisión de predicción corresponde a la correlación entre los MVP y los valores de cría predichos con información fenotípica en la población de validación para la característica asociada (Pfizer Animal Genetics 2010).

Los MVP obtenidos fueron para características de (1) Facilidad de parto: directo (CED) y materno (CEM); (2) crecimiento y talla: peso al nacimiento (BW), peso al destete (WW), peso al año (YW), talla al año (YH), peso (MW) y talla madura (MH); (3) eficiencia alimenticia: consumo de materia seca (DMI) y consumo residual de alimento (RFI); (4) características maternas, reproductivas y de temperamento: habilidad lechera (MA), circunferencia escrotal (SC) y docilidad (DOC); (5) características de la canal y calidad de la carne: peso de la canal (CW), espesor de grasa dorsal entre la 12va. y 13va. costilla (FAT), área (REA), marmoleo según USDA (MS) y terneza (TND) del músculo *Longissimus dorsi*; y (6) índice económico de engorda en confinamiento (\$MVPFL). Este último se desarrolló con un modelo bioeconómico para retorno neto durante la engorda, que considera el valor de la canal e incluye componentes de crecimiento, consumo de materia seca, peso, calidad y rendimiento de la canal (Pfizer Animal Genetics 2010).

Los animales sobresalientes se seleccionaron en conjunto con los criadores cooperantes en el estudio y se clasificaron en grupos de selección con características de línea paterna ( $n = 6$ ) y línea materna ( $n=11$ ). Los criterios de selección de bovinos para la línea paterna fueron potencial de crecimiento rápido, eficiencia alimenticia de moderada a alta y valores altos para las características de la canal, excepto para espesor de grasa. Para la línea materna se eligieron animales con bajo peso al nacimiento y rápido crecimiento al año, pero de peso y talla madura intermedia, con MVP para producción de leche intermedios y valores intermedios para el resto de las características.

#### **Análisis de datos**

Las medias de los MVP para las diferentes

características en la población evaluada y de los animales seleccionados como línea paterna y línea materna se compararon con la media de la población de referencia mediante una prueba de t de Student. Asimismo, se realizó un análisis de varianza por cada característica para los MVP de los animales evaluados en los que se incluyó el factor origen (TE, IA y MN) en el modelo ajustado con PROC GLM de SAS (version 9.2; SAS Institute, Inc. 1999). Las medias fueron comparadas con la prueba de rango múltiple de Duncan cuando existió significancia ( $\alpha = 0.05$ ).

## **RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

La precisión de predicción de MVP para las características evaluadas en la población de validación usada por Pfizer fue entre 0.50 y 0.67, a excepción de DMI y RFI, para las cuales se tuvieron precisiones menores (0.30 y 0.28). Los MVP promedio para CED y CEM en la población evaluada y animales seleccionados para línea materna fueron mayores en comparación con la población de referencia ( $p < 0.01$ ; Tabla 1), indicando potencial para menos asistencia al parto por distocia (Bennett y Gregory 2001). El MVP promedio para MA en la población evaluada, la línea de selección materna ( $p < 0.01$ ) y la línea paterna ( $p < 0.05$ ), así como para la SC en la población evaluada y DOC de la línea materna ( $p < 0.05$ ) fueron superiores con respecto a la población de referencia. Esto implica una mayor habilidad potencial para producción de leche, aunque con mayores requerimientos de mantenimiento (Montaño-Bermúdez *et al.* 1990), potencial genético para edad a la pubertad más temprana (Vargas *et al.* 1998) y buena disposición al manejo (Hall *et al.* 2011). En el caso de las características de crecimiento, los MVP promedio para WW de los animales evaluados y seleccionados para la línea materna y paterna fueron mayores comparados con la población de referencia ( $p < 0.01$ ). Los MVP promedio de YW de los animales evaluados y seleccionados para línea paterna y materna fueron superiores a la población de referencia ( $p < 0.01$ ). Esto indica genética para crías con mayores pesos al destete y al año, que puede resul-

**Tabla 1.** Predicciones de valores moleculares promedio ( $\pm$ EE) de las poblaciones de referencia y evaluada y de los animales seleccionados para la línea paterna y materna para cada característica.

**Table 1.** Predictions of mean molecular values ( $\pm$ EE) for the reference and the evaluated populations and for the animals selected for the paternal and maternal lines for each characteristic.

Característica A	Unidades	MVP promedio <sup>B</sup>			
		Población referencia	Población evaluada	Línea paterna	Línea materna
CED	%	5.5	6.2 $\pm$ 0.4*	7.5 $\pm$ 1.9	9.90 $\pm$ 1.3**
BW	lb	0.0	-0.0 $\pm$ 0.1	0.07 $\pm$ 0.4	-1.20 $\pm$ 0.4
WW	lb	45	51.4 $\pm$ 1.0**	71.0 $\pm$ 3.4**	60.40 $\pm$ 2.8**
YW	lb	70	79.3 $\pm$ 1.8**	109.5 $\pm$ 4.9**	94.20 $\pm$ 4.7**
YH	pulg	0.0	0.0 $\pm$ 0.0	0.0 $\pm$ 0.07	-0.02 $\pm$ 0.08
MW	lb	32	32.5 $\pm$ 2.0	46.0 $\pm$ 11.02	9.40 $\pm$ 6.6
MH	pulg	0.4	0.42 $\pm$ 0.03	0.6 $\pm$ 0.1	0.40 $\pm$ 0.07
DMI	lb por día	-0.22	-0.42 $\pm$ 0.09	-0.53 $\pm$ 0.6	-0.80 $\pm$ 0.4
RFI	lb MS día <sup>-1</sup>	-0.10	-0.15 $\pm$ 0.04	-0.34 $\pm$ 0.3	-0.45 $\pm$ 0.2
CEM	%	3.0	3.85 $\pm$ 0.31**	5.1 $\pm$ 1.1	7.30 $\pm$ 0.6**
MA	lb	20	21.7 $\pm$ 0.7**	25.5 $\pm$ 2.5*	27.40 $\pm$ 1.1**
SC	cm	0.40	0.48 $\pm$ 0.05*	0.4 $\pm$ 0.2	0.70 $\pm$ 0.2
DOC	%	9.0	9.6 $\pm$ 0.8	13.5 $\pm$ 3.5	13.90 $\pm$ 2.1*
CW	lb	31	34.5 $\pm$ 0.8**	37.3 $\pm$ 3.9	33.60 $\pm$ 2.1
FAT	pulg	0.0	0.0 $\pm$ 0.0	0.005 $\pm$ 0.0	0.01 $\pm$ 0.0
REA	pulg	0.33	0.38 $\pm$ 0.02*	0.38 $\pm$ 0.07	0.40 $\pm$ 0.07
MS	puntaje USDA	0.41	0.47 $\pm$ 0.03	0.62 $\pm$ 0.15	0.60 $\pm$ 0.1
TND	lb	-0.39	-0.39 $\pm$ 0.01	-0.48 $\pm$ 0.04	-0.46 $\pm$ 0.02
\$MVPFL	DLS <sup>C</sup>	125	146.1 $\pm$ 3.5**	181.7 $\pm$ 15.3**	171.1 $\pm$ 12.2**

<sup>A</sup>CED, Facilidad de parto directo; BW, Peso al nacimiento; WW, Peso al destete; YW, Peso al año; YH, Talla al año; MW, Peso maduro; MH, Talla madura; DMI, Consumo de materia seca; RFI, Consumo residual de alimento; CEM, Facilidad de parto materno; MA, Habilidad lechera; SC, Circunferencia escrotal; DOC, Docilidad; CW, Peso de la canal; FAT, Espesor de grasa; REA, Área del ojo de la costilla; MS, Puntaje de marmoleo; TND, Terneza; \$MVPFL, Índice económico de engorda en confinamiento. <sup>B</sup>El número de bovinos en la población evaluada fue de 143, de los cuales se seleccionaron seis para la línea paterna y 11 para la línea materna. CDLS, Dólares americanos. \*p < .05. \*\*p < .01.

tar en mayores ingresos económicos por la venta de becerros al destete y mayores ganancias de peso en el crecimiento de los animales (Koch *et al.* 2004). En la población evaluada, los MVP promedio para las características de la canal CW, REA y MS fueron más altos que en la de referencia ( $p < 0.05$ ), lo que implica potencial genético para mayor cantidad de carne vendible (Koch *et al.* 2004) y una mejora en la jugosidad de la carne (Wheeler *et al.* 2010). En el caso del índice \$MVPFL, los valores fueron altos y superiores en la población evaluada y animales seleccionados para la línea materna y paterna ( $p < 0.01$ ), indicando un buen mérito genético combinado para ganancia de peso en animales confinados en corral, consumo de materia seca, peso de la canal, y grados de calidad de la canal. Sin embargo, este índice está diseñando con base a las condiciones del mercado

de los Estados Unidos de América, por lo que debe de tomarse en cuenta sólo cuando esas condiciones apliquen. Para la línea paterna, se seleccionaron tres machos y una hembra Angus, y dos machos Angus Rojo, todos provenientes de TE. Para la línea materna, se seleccionaron ocho machos y dos hembras Angus, y una hembra Angus Rojo, de los cuales uno corresponde a IA y otro a MN, los restantes son producto de TE.

Los bovinos de TE representaron 72 % de la población evaluada y en promedio tuvieron una mejor evaluación en comparación a los grupos de IA y MN ( $p < 0.01$ ; Tabla 2) para WW, YW, REA, MS, TDN y \$MVPFL, lo que en general reflejó potencial genético para mayores ingresos por cantidad, rendimiento y calidad del producto (Lamb *et al.* 1990; Wheeler *et al.* 2010). Esto se puede inter-

**Tabla 2.** Medias de cuadrados mínimos ( $\pm$ EE) de las predicciones de valores moleculares (MVP) por origen para cada característica.

**Table 2.** Least squares means ( $\pm$ EE) of the predictions of molecular values (MVP) considering the origin for each characteristic.

Característica <sup>A</sup>	Unidades	Origen <sup>B</sup>		
		TE	IA	MN
CED	%	6.5 $\pm$ 0.4	5.9 $\pm$ 1.0	5.1 $\pm$ 1.2
BW	lb	0.05 $\pm$ 0.17	-0.4 $\pm$ 0.4	-0.03 $\pm$ 0.4
WW	lb	53.6 $\pm$ 1.1 <sup>a</sup>	43.3 $\pm$ 2.7 <sup>b</sup>	46.0 $\pm$ 3.1 <sup>b</sup>
YW	lb	82.7 $\pm$ 2.0 <sup>a</sup>	65.6 $\pm$ 4.6 <sup>b</sup>	73.0 $\pm$ 5.4 <sup>ab</sup>
YH	pulg	-0.006 $\pm$ 0.025 <sup>a</sup>	-0.08 $\pm$ 0.06 <sup>a</sup>	0.15 $\pm$ 0.07 <sup>b</sup>
MW	lb	30.4 $\pm$ 2.3	34.7 $\pm$ 5.4	44.2 $\pm$ 6.2
MH	pulg	0.4 $\pm$ 0.03	0.33 $\pm$ 0.08	0.48 $\pm$ 0.09
DMI	lb por día	-0.4 $\pm$ 0.1	-0.7 $\pm$ 0.2	-0.0 $\pm$ 0.27
RFI	lb MS día <sup>-1</sup>	-0.18 $\pm$ 0.05	-0.12 $\pm$ 0.12	0.07 $\pm$ 0.14
CEM	%	4.2 $\pm$ 0.3	2.0 $\pm$ 0.8	3.9 $\pm$ 0.9
MA	lb	22.3 $\pm$ 0.7	18.8 $\pm$ 1.7	20.9 $\pm$ 2.0
SC	cm	0.52 $\pm$ 0.05 <sup>a</sup>	0.18 $\pm$ 0.13 <sup>b</sup>	0.61 $\pm$ 0.15 <sup>a</sup>
DOC	%	9.5 $\pm$ 0.9	8.1 $\pm$ 2.1	12.0 $\pm$ 2.5
CW	lb	35.5 $\pm$ 1.0	30.7 $\pm$ 2.2	32.5 $\pm$ 2.6
FAT	pulg	0.0 $\pm$ 0.0	0.0 $\pm$ 0.0	0.0 $\pm$ 0.0
REA	pulg	0.42 $\pm$ 0.03 <sup>a</sup>	0.34 $\pm$ 0.06 <sup>a</sup>	0.14 $\pm$ 0.07 <sup>b</sup>
MS	puntaje USDA	0.52 $\pm$ 0.03 <sup>a</sup>	0.31 $\pm$ 0.0 <sup>b</sup>	0.29 $\pm$ 0.09 <sup>b</sup>
TND	lb	-0.41 $\pm$ 0.01 <sup>b</sup>	-0.33 $\pm$ 0.02 a	-0.36 $\pm$ 0.03 <sup>ab</sup>
\$MVPFL	DLS <sup>C</sup>	154.1 $\pm$ 3.8 <sup>a</sup>	126.6 $\pm$ 8.9 <sup>b</sup>	113.7 $\pm$ 10.2 <sup>b</sup>

TE, Transferencia de embriones; IA, Inseminación artificial; MN, Monta natural. <sup>A</sup>CED, Facilidad de parto directo; BW, Peso al nacimiento; WW, Peso al destete; YW, Peso al año; YH, Talla al año; MW, Peso maduro; MH, Talla madura; DMI, Consumo de materia seca; RFI, Consumo residual de alimento; CEM, Facilidad de parto materno; MA, Habilidad lechera; SC, Circunferencia escrotal; DOC, Docilidad; CW, Peso de la canal; FAT, Espesor de grasa; REA, Área del ojo de la costilla; MS, Puntaje de marmoleo; TND, Terneza; \$MVPFL, Predicción de Valor Molecular Índice económico de engorda en confinamiento. <sup>B</sup>El número de bovinos en la población evaluada con origen de TE fue de 108, 20 de IA y 15 por MN. CDLS, Dólares americanos. <sup>ab</sup>Medias con letras distintas dentro de fila son diferentes (Prueba de rango múltiple de Duncan,  $p < 0.05$ ).

pretar como un mayor énfasis que ponen en países como Estados Unidos de América y Canadá para la mejora de estas características, mientras que en México se valora más el tamaño de los animales al año de edad y en la edad adulta, de acuerdo a los promedios superiores para los MVP de YH, MW y MH en los grupos IA y MN que en el grupo TE, lo cual es un indicador de genética para vacas con mayores requerimientos de mantenimiento (Owens *et al.* 1993).

Las diferencias observadas entre poblaciones y/o grupos evaluados se pueden deber no únicamente a las diferencias genéticas existentes *per se*, sino también a los criterios de selección usados, tanto al adquirir los embriones como al seleccionar

los animales a evaluar. Así mismo, se pueden presentar interacciones de genotipo x ambiente en el desempeño de los animales evaluados bajo condiciones locales, que con la información disponible en el presente estudio, no fue posible evaluarlas.

En conclusión, con base en los valores de cría genómicos predichos, en la población de bovinos Angus evaluada en Chihuahua, México, se mostró tener potencial genético para seleccionar y utilizar reproductores mejorados. En promedio, el potencial genético de los embriones de bovinos Angus importados en años recientes a Chihuahua, México, fue mayor en comparación al de los animales concebidos mediante IA y MN, pero ello requiere una selección cuidadosa de los progenitores con base a evalua-

ciones genéticas precisas para las características de importancia económica.

Se agradece el apoyo financiero otorgado por la Fundación PRODUCE Chihuahua A.C. y las sugerencias valiosas hechas por los dos revisores asignados por el comité editorial de la revista para la mejora del contenido del documento.

## AGRADECIMIENTOS

## LITERATURA CITADA

- Bennett GL, Gregory KE (2001) Genetic (co)variances for calving difficulty score in composite and parental populations of beef cattle. II. Reproductive, skeletal, and carcass traits. *Journal of Animal Science* 79(1): 52-59.
- Fernando RL, Garrick DJ (2009) GenSel User Manual of Genomic Selection Related Analyses. Iowa State University. Ames, IA. 24 p.
- Habier D, Tetens J, Seefried FR, Lichtner P, Thaller G (2010) The impact of genetic relationship information on genomic breeding values in German Holstein cattle. *Genetics Selection Evolution* 42(5): 1-12.
- Hall NL, Buchanan DS, Anderson VL, Ilse BR, Carlin KR, Berg EP (2011) Working chute behavior of feedlot cattle can be an indication of cattle temperament and beef carcass composition and quality. *Meat Science* 89(1): 5257.
- Koch RM, Cundiff LV, Gregory KE, Van Vleck LD (2004) Genetic response to selection for weaning weight or yearling weight and muscle score in Hereford cattle: Efficiency of gain, growth, and carcass characteristics. *Journal of Animal Science* 82(3): 668-682.
- Lamb MA, Robison OW, Tess MW (1990) Genetic parameters for carcass traits in Hereford bulls. *Journal of Animal Science* 68(1): 64-69.
- Magaña-Valencia F, Núñez-Domínguez R, Ramírez-Valverde R, Rodríguez-Almeida FA (2012) Conectividad en evaluaciones genéticas de animales. 1. Metodologías. *Agrociencia* 46(7): 677-692.
- Montaño-Bermudez M, Nielsen MK, Deutsche GH (1990) Energy requirements for maintenance of crossbred beef cattle with different genetic potential for milk. *Journal of Animal Science* 68(8): 2279-2288.
- Owens FN, Dubeski P, Hanson CF (1993) Factors that alter the growth and development of ruminants. *Journal of Animal Science* 71(11): 3138-3150.
- Pfizer Animal Genetics (2010) Technical summary: High-density (HD) 50K MVPs. <https://online.zoetis.com/US/EN/PublishingImages/Genetics%20Assets/HD50K/50K%20Tech%20Summary%204-13-10.pdf>. Fecha de consulta 17 de diciembre de 2013.
- Pollak EJ, Bennett GL, Snelling WM, Thallman RM, Kuehn LA (2010) Genomics and the global beef cattle industry. *Animal Production Science* 52(2): 92-99.
- SAS Institute, Inc. (1999) SAS users guide: Statistics. Version 9.2, SAS Institute, Inc., Cary, NC.
- Swan, AA, Johnston DJ, Brown DJ, Tier B, Graser HU (2012) Integration of genomic information into beef cattle and sheep genetic evaluations in Australia. *Animal Production Science* 52(2): 126-32.
- Van Vleck DL, Pollak EJ, Oltenacu EAB (1987) Genetics for the animal sciences. W. H. Freeman and Company. New York. USA. 391 p.
- Vargas CA, Elzo MA, Chase Jr CC, Chenoweth PJ, Olson TA (1998) Estimation of genetic parameters for scrotal circumference, age at puberty in heifers and hip height in Brahman cattle. *Journal of Animal Science* 76(10): 2536-2541.

- Weber KL, Drake DJ, Taylor JF, Garrick DJ, Kuehn LA, Thallman RM, et al. (2012) The accuracies of DNA-based estimates of genetic merit derived from Angus or multibreed beef cattle training populations. *Journal of Animal Science* 90(12): 4191-4202.
- Wheeler TL, Cundiff LV, Shackelford SD, Koohmaraie M (2010) Characterization of biological types of cattle (Cycle VIII): Carcass, yield, and Longissimus palatability traits. *Journal of Animal Science* 88(9): 3070-3083

