

TENDENCIAS GENÉTICAS Y AMBIENTALES EN PRODUCCION DE LECHE EN VACAS LECHERAS DE COSTA RICA

B. Vargas-Leitón y C. Solano-Patiño

Proyecto Salud de Hato, Escuela de Medicina y Veterinaria,
Universidad Nacional, Heredia, Costa Rica

RESUMEN

Se analizó la tendencia genética y ambiental de la producción de leche en poblaciones Holstein (H/n = 1352 toros, 7392 vacas, 129 fincas) y Jersey (J/n = 601 toros, 2405 vacas, 70 fincas) nacidas entre los años 1979 y 1992. Se utilizó un modelo animal de repetibilidad con una matriz de parentesco reducida y clasificación de padres y madres desconocidos dentro de grupos genéticos. La variable analizada fue la producción de leche a 305 días corregida por número de lactancia y época de parto (P305). El modelo incluyó el efecto fijo de hat-año y los efectos aleatorios de ambiente permanente, hat-toro y vaca. Los estimados de heredabilidad y repetibilidad fueron 0.36 y 0.46 para H, 0.26 y 0.49 para J. La regresión lineal entre los índices de Habilidad de Transmisión Predicha (PTA) y los años de nacimiento de la hembra indicó un incremento anual ($P < 0.0001$) de 22.0 y 12.1 kg P305 para H y J, respectivamente. Los respectivos incrementos fenotípicos ($P < 0.0001$) fueron de 111.4 y 91.3 kg P305. En consecuencia, los incrementos ambientales fueron de 89.4 y 79.2 kg P305. La proporción ambiente/genética fue de aproximadamente 4/1 y 6/1 para H y J. Para toros H con al menos 10 hijas en Costa Rica (CR), se determinó un índice de correlación de 0.62 ($P < 0.0001/n = 72$) entre índices de PTA obtenidos en USA y los locales. El valor respectivo para toros J, de -0.05, no fue significativo ($P < 0.82/n = 21$). La ecuación de regresión entre ambas evaluaciones en H fue $Y(PTACR, kg) = 0.259 \times PTAUSA (kg) - 39.99$. La diferencia media entre el índice estimado por la ecuación y el real fue de 87 ± 74 kg. Se concluye que la producción de leche en ambas razas ha experimentado un incremento sostenido en los últimos años, debido mayormente a factores ambientales. Las correlaciones entre índices genéticos de USA y CR requieren confirmación, pero parecen ser de nivel medio-bajo, probablemente por causa de interacción genética-ambiente.

PALABRAS CLAVES: Evaluación genética, Modelo animal, Ganado lechero, Trópico húmedo

ABSTRACT

Genetic and Environmental Trends in Milk Production of Dairy Cattle in Costa Rica

Genetic and environmental trends for milk production were analyzed from Holstein (H/n = 1352 sires, 7392 cows, 129 herds) and Jersey (J/n = 601 sires, 2405 cows, 70 herds)

populations during the years from 1979 to 1992. A repeatability animal model with reduced relationship matrix was fitted. Genetic groups were formed for cows and sires having unknown parents. Response variable was 305-day milk production corrected for lactation number and calving year (P305). Model analyzed included herd-year fixed effect and random effects of permanent environment, herd-sire and cow. Genetic parameters of heritability and repeatability were 0.36 and 0.46 for H, and 0.26 and 0.49 for J. A linear regression of predicted transmitting ability (PTA) index on cow birth year showed an annual P305 increment ($P < 0.0001$) of 22.0 and 12.1 kg for H and J, respectively. Corresponding phenotypic increments were 111.4 and 91.3 kg ($P < 0.0001$). Consequently, environmental increments were respectively 89.4 and 79.2 kg P305. Environmental to genetic improvement ratio was approximately 4/1 and 6/1 for H and J. For Holstein I. A. sires from USA having at least 10 daughters in Costa Rica (CR), an inter-country index correlation of 0.62 ($P < 0.0001/n = 72$) was found. Corresponding value for J sires was -0.05 ($P < 0.82/n = 21$). For H, regression equation was $Y(\text{PTACR, kg}) = 0.259 \times \text{PTAUSA (kg)} - 39.99$. Mean absolute difference between actual index and index estimated by the equation was 87 ± 74 kg. It is concluded that milk production in both breeds has shown sustained increase during the past years, due mainly to improved environmental conditions. Correlations between genetic indexes of USA and CR require confirmation, but seen to be of low to intermediate level, probably because of genetic x environmental interactions.

KEYWORDS: Genetic evaluation, Animal model, Dairy cattle, Humid tropic

Introducción

La evaluación genética del ganado lechero es una práctica generalizada en todos los países donde la producción lechera es una actividad económica importante. El modelo animal (Wiggans *et al.*, 1988) es el método más eficiente para la evaluación genética ya que permite, la evaluación simultánea de hembras y sementales, con corrección de los índices de los sementales por el mérito genético de la pareja.

Evaluaciones genéticas mediante modelo animal en Latinoamérica no son muy frecuentes, principalmente por carencia de información sobre los parientes. Modelos menos sofisticados han sido utilizados en el pasado (Abubakar *et al.*, 1986; Cordoví *et al.*, 1986, 1990). Se han realizado evaluaciones a través de modelo animal en

pocos casos (Powell y Wiggans, 1991; Soto *et al.*, 1994), algunas veces utilizando matrices de parentesco incompletas (Powell y Wiggans, 1990).

El análisis de las tendencias genéticas y ambientales de la producción de leche es vital para la definición de estrategias de mejoramiento a nivel poblacional. Por ejemplo, el incremento absoluto del valor genético para producción de leche de hembras Holstein en USA nacidas en el período 1965-1986 ha sido de 1600 kg por lactancia, más del doble del respectivo incremento ambiental de 700 kg (Wiggans, 1991). En México se informó un incremento de 652 kg en PTA para producción de leche en hijas de toros Holstein provenientes de USA nacidas entre 1970 y 1987 (Powell y Wiggans, 1991). Powell y Wiggans (1990) informaron un

incremento de 167 kg y 109 kg de PTA para hijas de toros de USA y Ecuador, respectivamente, nacidas en el período 1975-1984. En Costa Rica algunos resultados obtenidos previamente (Soto *et al.*, 1994) indican que el incremento anual en el valor genético para producción de leche en la raza Holstein ha sido de 1.1 kg/lactancia, mientras que el correspondiente incremento fenotípico ha sido de 72 kg. El estimado de h^2 calculado en este caso fue de 0.10.

Se han desarrollado diversos métodos para la predicción de valores genéticos locales en base a evaluaciones de países foráneos (Powell y Sieber, 1992). De acuerdo con INTERBULL para calcular estas ecuaciones se necesita una correlación mínima de 0.75 entre estimados de ambos países. Powell *et al.* (1994) han determinado correlaciones fenotípicas y genéticas que varían desde 0.73 a 0.93 y desde 0.81 a 0.99, respectivamente.

En México, la correlación estimada entre índices genéticos fue de 0.91 y la ecuación oficial de conversión de índices USA-México (Powell y Sieber, 1992) de $Y(\text{PTA México-kg})_c = 177 + 0.75 (\text{PTA USA-lb})$. La diferencia promedio entre estimados reales y predichos fue de -6 ± 127 kg. Sin embargo, en otros países esta correlación no ha sido tan alta, como es el caso de Ecuador, donde fue tan solo 0.42 (Powell y Wiggans, 1990). En Costa Rica, la única referencia al respecto indica una correlación no significativa ($P > 0.05$) de 0.02 (Soto *et al.*, 1994).

El objetivo de este trabajo es medir las tendencias genéticas y ambientales de la producción de leche en las razas Holstein y Jersey en Costa Rica y evaluar la posibilidad de calcular ecuaciones lineales de predicción de valores genéticos de un toro

en Costa Rica en base a los estimados genéticos en USA.

Materiales y Métodos

Esta investigación se realizó con información contenida en la base de datos generada por el Proyecto Salud de Hato de la Escuela de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional, Costa Rica (Pérez *et al.*, 1989; Dwinger *et al.*, 1994). Se usaron registros diarios de producción de leche recolectados por los productores y digitados en el programa de cómputo VAMPP (Noordhuizen, 1984). Estos registros fueron recopilados y centralizados para su análisis posterior.

Edición de la base de datos

Las razas incluidas fueron Holstein y Jersey. Se agruparon los registros individuales de producción por raza y número de lactancia. Dentro de cada grupo, estos registros se subagruparon en períodos de 10 días desde el parto. Para cada subgrupo se calculó la media aritmética y la desviación estándar. Se eliminaron las observaciones que presentaron desviación mayor a 2.5 unidades estándares con respecto a la media aritmética del respectivo subgrupo, presumiendo que fueron valores erróneos con base en una distribución normal (Miller *et al.*, 1992).

Se exigió al menos un registro de producción ubicado dentro de cada etapa de 40 días a partir del parto (0-40, 40-80, etc). En el caso de lactancias en progreso una longitud mínima de 160 días fue requerida. Así en el peor de los casos se contó con una lactancia de 160 días con cuatro pesajes de leche distribuidos a lo largo del período.

Debido a la alta variación en el número de registros de pasajes disponibles

para cada lactancia se procedió al cálculo por inter y extrapolación de la producción a días fijos de la lactancia, siguiendo el método utilizado por Wilmink (1987). Se calcularon las producciones a intervalos de 20 días iniciando desde el día 10 y finalizando en el período correspondiente al último registro. Una vez calculados los interpolados se obtuvieron las producciones parciales o totales multiplicando cada registro por el número de días en el intervalo y sumando las producciones de todos los intervalos.

Posteriormente se proyectaron todas las lactancias en progreso además de las lactancias terminadas antes de 305 días por descarte o por parto y las lactancias terminadas por secado con un intervalo de días abiertos para el presente parto menor de 35. No se proyectaron las lactancias terminadas por secado con un intervalo de días abiertos mayor de 95. Las lactancias terminadas por secado y con un intervalo de días abiertos entre 35 y 95 días se proyectaron si el resultado de restar 60 a la suma de los días en lactancia y los días secos fue menor a 305 días.

Las lactancias terminadas después de los 305 días fueron cortadas. Las producciones a 305 días, en cada región, fueron corregidas a tercera lactancia y a época seca para obtener finalmente la producción corregida a 305 días (*P305*). Los factores de proyección y de corrección fueron generados localmente (Vargas-Leitón y Solano-Patiño, 1995).

Evaluación genética

La evaluación genética se realizó utilizando un modelo animal con una matriz de parentesco incompleta. Las soluciones al

modelo fueron calculadas por medio del programa PEST (Groeneveld, 1990). La variable analizada fue P305 utilizando el modelo 1.

$$Y_{ijkl} = hy_i + his_j + pe_k + anim_l + e_{ijkl} \quad (1)$$

donde:

Y_{ijk} = Producción de leche 305 días
 { corregida por efectos
 ambientales (*P305*). 4?

hy_i = Efecto fijo del la *i*-ésima clase de hato-año de parto.

his_j = Efecto aleatorio de la *j*-ésima clase hato-toro.

pe_k = Efecto aleatorio del *k*-ésimo ambiente permanente.

$anim_l$ = Efecto aleatorio del *l*-ésimo animal.

e_{ijklmn} = Error aleatorio.

Un número mínimo de tres lactancias por clase de hato-año fue requerido. Una matriz de parentesco reducida fue aplicada sobre el factor *anim*. Solamente se contó con identificación plena de los padres de las vacas evaluadas. Sin embargo, para obtener estimados de valor genético más precisos, las madres de las vacas, así como los padres y madres de los sementales evaluados fueron clasificados en grupos genéticos de acuerdo con su año estimado de nacimiento (Westell *et al.*, 1988). El modelo utilizado equivalió a un modelo paterno, con la ventaja adicional de

que los estimados obtenidos fueron corregidos por los efectos de los grupos genéticos involucrados.

Los componentes de varianza para producción de leche fueron calculados con base en este mismo modelo por el método de máxima verosimilitud, mediante el programa SAS (SAS Institute, 1988). Para su cálculo, se utilizó una subbase de datos restringiendo el número de hijas por semental a un mínimo de 15 en Holstein y 10 en Jersey. Se obtuvieron las proporciones de la varianza correspondientes a cada factor y se estimaron los parámetros genéticos de heredabilidad (h^2) y repetibilidad (r) por medio de las fórmulas 2 y 3 (Powell y Wiggans, 1991).

$$h^2 = \sigma_{\text{anim}} / \sigma_{\text{total}} \quad (2)$$

$$r = (\sigma_{\text{anim}} + \sigma_{\text{his}} + \sigma_{\text{pe}}) / \sigma_{\text{total}} \quad (3)$$

Las soluciones para el factor hy fueron obtenidas por estrategias de iteración sobre coeficientes (IOC) y para los factores aleatorios de his , pe y $anim$ por iteración sobre los datos (IOD) utilizando la estrategia Gauss-Seidel (Groeneveld, 1990). El criterio de convergencia utilizado fue la diferencia máxima absoluta entre las soluciones obtenidas en rondas sucesivas de iteración. Se obtuvo convergencia cuando esta diferencia fue menor de 0.001. El parámetro de relajación establecido para el procedimiento de iteración fue de 0.80.

Tendencias genéticas y ambientales

Las soluciones obtenidas para las vacas, equivalentes a su valor genético para producción de leche, fueron divididas entre 2 para obtener el índice de Habilidad de Transmisión Predicha (PTA). La base genética utilizada fue el promedio de PTA de todas las hembras nacidas durante el año

Tabla 1. Estructura de la base de datos analizada

Parámetro	Holstein	Jersey
Modelo analizado		
Clases del factor hy	436	222
Clases del factor his	2042	792
Clases del factor pe	7392	2405
Clases del factor $anim$	8798	3057
Número total de ecuaciones resueltas	18668	6476
Grupos genéticos identificados	54	51
Lactancias analizadas	11845	3803
Padres identificados	1352	601
Padres de Inseminación Artificial (I.A.)	542	147
Padres de I.A. con más de 10 hijas	82	24
Número de hatos incluidos	129	70
Promedio de P305	5733.1	4365.9
s.d. (c.v.)	1860.8 (32)	1170.6 (27)

1990, el cual fue sustraído de los índices individuales de PTA. Una vez realizado este ajuste, se calculó una regresión lineal de los índices de PTA sobre los años de nacimiento para estimar las tendencias genéticas en producción de leche a través de los años. Adicionalmente, se calculó también una regresión lineal de los índices de P305 sobre los años de nacimiento para estimar las tendencias fenotípicas de la población. Las tendencias ambientales fueron obtenidas por diferencia entre los coeficientes de regresión obtenidos en ambas regresiones.

Cálculo de ecuaciones de predicción para estimados de valor genético

Se seleccionaron los sementales de I.A. provenientes de USA y con un mínimo de 10 hijas en Costa Rica. Se calcularon las correlaciones entre estimados de PTA de ambos países. Se evaluó la significancia estadística del coeficiente estimado y en caso de ser significativo se ajustó un modelo de regresión lineal entre estimados de ambos países y se calculó la

ecuación de predicción (KgUSA a KgCR.). Posteriormente se calcularon los valores absolutos de las diferencias entre los valores reales de PTA en Costa Rica y los valores estimados de acuerdo con la ecuación de predicción.

Resultados y Discusión

Se identificó un alto número de sementales, tanto para Holstein como para Jersey, probablemente por el número relativamente alto de fincas (Tabla 1). El número de padres I.A. con más de 10 hijas con respecto al total fue solamente 6.1% y 4.0%, respectivamente, en Holstein y Jersey. Los promedios de hijas por semental fueron 5.5 y 4.0, respectivamente. Los promedios de lactancias por vaca fueron de 1.6 y 1.58 y de lactancias por hy fueron 27.2 y 17.1, con 57.3 y 34.4 vacas por finca, respectivamente. Los valores de P305 reflejaron el nivel de producción de los sistemas semi-intensivos de lecherías especializadas de donde provienen la mayoría de los datos.

Tabla 2. Componentes de varianza para producción de leche (P305) y estimados de parámetros genéticos de heredabilidad (h^2) y repetibilidad (r) para las razas Holstein y Jersey

Factor	Raza Holstein				Raza Jersey			
	n	varianza	%	proporción	n	varianza	%	proporción
hy	34				62			
his	128	181410	10.6	9.43	150	62564	9.2	10.87
pe	665	126198	7.4	13.51	573	90274	13.3	7.52
anim	665	613938	36.0	2.78	573	179356	26.4	3.79
residual		784060	46.0	2.17		347898	51.1	1.96
Total	2297	1705606	100.0		1030	680092	100.0	
h^2		0.36				0.26		
r		0.46				0.49		

Los componentes de varianza estimados obtenidos (Tabla 2) indicaron una proporción relativamente alta de varianza aditiva, muy superior a la estimada anteriormente por Soto *et al.* (1994). Probablemente, las diferencias en los modelos utilizados y en los métodos de estimación pueden haber causado parte de esta variación.

La convergencia del modelo se logró con un número relativamente alto de iteraciones, tomando aproximadamente 2.5 más tiempo para Holstein que para Jersey (Tabla 3), probablemente debido al tamaño relativo de ambas bases de datos.

Tabla 3. Diferencia absoluta entre soluciones finales y anteriores, número de iteraciones finales y tiempo requerido total hasta el momento de convergencia del modelo para las razas Holstein y Jersey

Factor	Holstein	Jersey
	Diferencia Absoluta	Diferencia Absoluta
hy	0.00016	0.00028
his pe	0.00037	0.00035
anim	0.00100	0.00100
Total de iteraciones	3540	2252
Tiempo total	2h 27m.	57m.

La regresión de P305 sobre el año de nacimiento (Tabla 4) presentó un r^2 bastante bajo en ambas razas. Sin embargo, el F del modelo fue bastante alto ($P < 0.0001$) y los coeficientes de regresión fueron significativos ($P < 0.0001$). Como se observa en la Figura 1 las tendencias fenotípicas muestran un incremento de P305 a través de los años evaluados. La tasa de incremento anual ha sido considerable (111.3 y 91.3 kg/lactancia). Este índice es más alto que el informado por Soto *et al.*

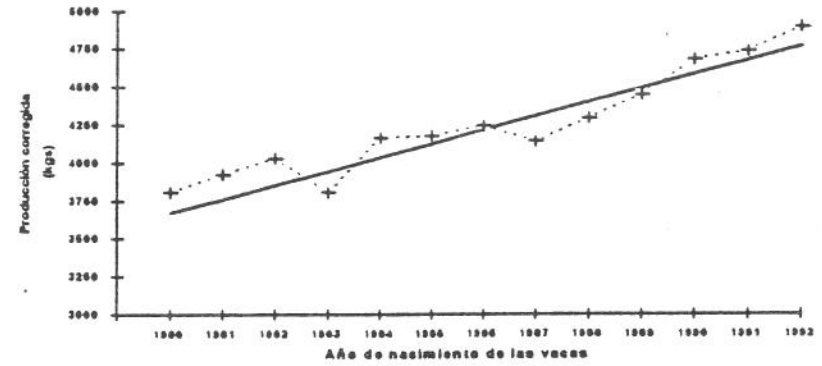
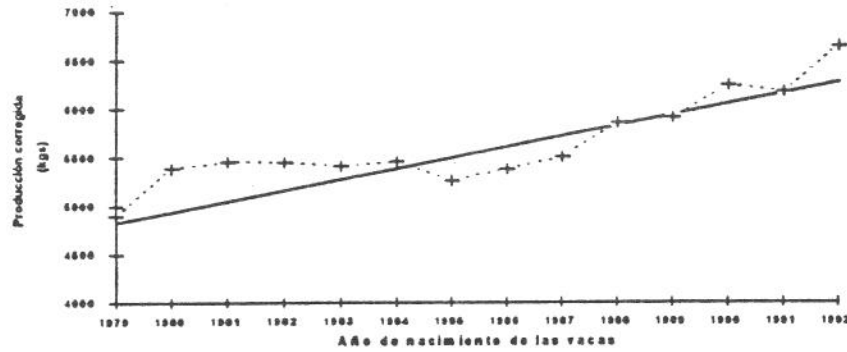
(1994) de 72 kg, para la raza Holstein. Para las hembras nacidas en el 1992 la P305 fue de 6644.4 y 4894 kg, para H y J, mientras que para las nacidas en 1979 (1980 en J) este valor fue de 4899.6 y 3808 kg, respectivamente. Este incremento se ha logrado gracias a mejoras en factores ambientales y genéticos. El modelo de regresión de PTA sobre los años de nacimiento (Tabla 4) tuvo un alto r^2 y un alto valor de F ($P < 0.0001$) en ambas razas. Los coeficientes de regresión fueron significativos ($P < 0.0001$). En la Figura 1 se muestran las tendencias genéticas para producción de leche durante estos mismos años. Los estimados fueron negativos en su mayoría debido a que la base genética utilizada fue el promedio de PTA de las vacas nacidas en el año 90. La tasa anual de incremento fue de aproximadamente 21.9 y 12.1 kg/lactancia para Holstein y Jersey, respectivamente. Este resultado también es superior al encontrado previamente por Soto *et al.* (1994), quienes señalan un incremento de 1.1 kg/año para Holstein. Las diferencias se originan probablemente en los distintos estimados de varianza aditiva y en los distintos modelos analizados. En USA (Wiggans, 1991) para la raza Holstein, la tasa de incremento en PTA obtenida durante un período de 20 años fue de 750 kg, o sea aproximadamente 37.5 kg PTA/año. En México se ha calculado un incremento de 652 kg en PTA para el período 1970-1987, o sea aproximadamente 36 kg PTA/año (Powell y Wiggans, 1991).

Estos resultados indican que el incremento debido a factores ambientales ha sido mucho mayor que el obtenido por factores genéticos (Tabla 5). Las mejoras ambientales para H y J, equivalen aproximadamente a 4 y 6 veces, respectivamente, las mejoras obtenidas por

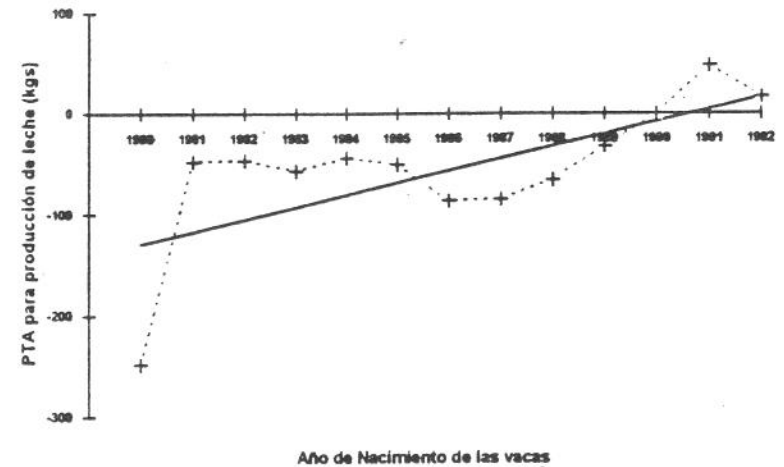
RAZA HOLSTEIN

RAZA JERSEY

TENDENCIAS FENOTIPICAS



TENDENCIAS GENETICAS



Legendas :

— Estimado lineal

---+--- Medias aritméticas de PTA

Figura 1. Tendencias fenotípicas y genéticas en producción de leche en ganado Holstein y Jersey en Costa Rica.

0.91 obtenido por Powell y Wiggans (1991) en México, pero más alto que el 0.42 calculado en Ecuador por Powell *et al.* (1990) y aún mucho mayor que el local de Soto *et al.* (1994), de 0.01. Según Schaeffer (1994), bajos coeficientes de correlación pueden ser originados por varias causas, tales como interacciones genético ambientales, diferencias en los métodos de evaluación utilizados o diferencias en los índices de confiabilidad de los estimados.

Tabla 7. Criterios de evaluación de la regresión de estimados genéticos de toros Holstein en USA sobre estimados genéticos en Costa Rica

Criterio	Valor
F del modelo total	44.4
Probabilidad $F > 0$	0.0001
r^2	0.38
n	72
Intercepto del modelo lineal	-39.99
Coefficiente de regresión (b)	0.119
s.d.	0.0178
Probabilidad de $b > 0$	0.0001

Como se observa en la Tabla 7, los promedios de PTA en Costa Rica para los toros incluidos en el análisis de correlación son ligeramente menores a los obtenidos en USA; pero la desviación estándar es de aproximadamente la mitad, indicando que probablemente la varianza aditiva es menor. Soto *et al.* (1994) encontraron un promedio de 2 ± 50 kg de PTA, mucho menor al calculado en esta investigación, probablemente por la diferencia en los estimados de varianza aditiva (0.36 vs. 0.10).

Al calcular la regresión entre estimados de ambos países para la raza Holstein el resultado indica diferencias altas

(Tabla 7). Un índice de 460.8 kg (1000 lb) en USA resultaría en un estimado de 79 kg en Costa Rica. El mismo índice, en México, equivaldría a 927 kg, según la ecuación de conversión oficial (Powell y Sieber, 1992). El promedio de los valores absolutos de las diferencias entre los índices de PTA estimados a través de la ecuación y los índices reales fue de 87.2 ± 75.0 kg. Considerando que el promedio de los valores absolutos de los índices de PTA reales es de 114 ± 105 esto significaría errores de estimación de hasta un 75%. Estos resultados, sin embargo, no pueden considerarse definitivos debido a la inadecuada estructura de la matriz de parentesco y a la ausencia de estimados de confiabilidad para las evaluaciones en Costa Rica.

Conclusiones

Dentro de las limitaciones establecidas por el tamaño de la base de datos que puede ser generada en un país pequeño como Costa Rica, los resultados permiten establecer que se ha logrado un ligero incremento en el potencial genético para producción de leche de la raza Holstein y Jersey. Asimismo, se establece que los factores ambientales han tenido un mayor efecto sobre la producción que los genéticos, lo que ha permitido que el aumento total en los niveles de producción sea considerable. La utilización de ecuaciones de conversión de índices genéticos, de acuerdo con estos resultados, no parece ser una opción viable debido a que las correlaciones entre estimados, aunque significativos en Holstein, no son suficientemente altos. Sin embargo, estos resultados deben ser confirmados

posteriormente con bases de datos más completas que permitan una conclusión definitiva.

Literatura citada

- Abubakar, B. Y., R. E. McDowell and L.D. Van Vleck. 1986. Genetic evaluation of Holsteins in Columbia. *J. Dairy Sci.* 69:1081.
- Cordoví, J., A. de los Reyes y J. Pribyl. 1990. Procedimiento BLUP para evaluar vacas lecheras. *Rev. Cubana Reprod. Anim.* 16:76.
- Cordoví, J., D. Guerra y A. Menéndez. 1986. Estimaciones del valor genético de toros lecheros en Cuba. *Rev. Cubana Reprod. Anim.* 12:41.
- Dwinger, R. H., E. Cappella, E. Pérez, M. Baaijen and E. Müller. 1994. Application of a computerized herd management and production control program in Costa Rica. *Tropical Agriculture* 71:74.
- Groeneveld, E. 1990. PEST user's manual. Institute of Animal Husbandry and Animal Behavior. Federal Agricultural Research Centre (FAL), Germany. 80 p.
- Miller, Y., J. Freund, y R. Johnson. 1992. Probabilidad y estadística para ingenieros. 4. ed. Edit. Prentice-Hall Hispanoamericana. México D. F. 624 p.
- Noordhuizen, J. P. T. M. 1984. Veterinary herd health and production control on dairy farms. Ph. D. Thesis. University of Utrecht, The Netherlands, 206 p.
- Pérez, E., M. T. Baayen, E. Cappella and H. Barkema. 1989. Development of a livestock information system for Costa Rica. En: H. Kuil, R. W. Paling and J. E. Huhn (Ed.). *Livestock Production and Diseases in the Tropics. Proceed. VIth Intl. Conf. Institutes for Tropical Veterinary Medicine.* Utrecht, Holanda, pp. 221-224.
- Powell, R.L. and M. Sieber. 1992. Direct and indirect conversion of bull evaluations for yield traits between countries. *J. Dairy Sci.* 75:1138.
- Powell, R.L. and G.R. Wiggans. 1990. Evaluations of Holstein bulls and cows in Ecuador. *J. Dairy Sci.* 73: 3330.
- Powell, R.L. and G.R. Wiggans. 1991. Animal model evaluations for Mexican Holsteins. *J. Dairy Sci.* 74:1420.
- (4)
Powell, R.L., G.R. Wiggans and P.M. Van Raden. 1994. Factors affecting calculation and use of conversion equations for genetic merit of dairy bulls. *J. Dairy Sci.* 77:2679.
- SAS Institute, Inc. 1988. SAS/STAT User's guide, release 6.03 Edition. Cary, NC:1028 p.
- Schaeffer, L.R. 1994. Multiple-country comparison of dairy sires. *J. Dairy Sci.* 77: 2671.

- Soto, H., A. Aragón and E. Beck. 1994. Genetic analysis of milk yield of Holstein cattle in Costa Rica. Proceed. 5th World Congress Genetics Applied to Livestock Production, Guelph, Canadá. Vol. 18. pp. 352-354.
- Stanton, T. L., R. W. Blake, R. L. Quaas and L.D. Van Vleck. 1991. Response to selection of United States Holstein sires in Latin America, *J. Dairy Sci.*, 74:651.
- Vargas-Leitón, B. y C. Solano-Patiño. 1995. Factores de proyección y de corrección para producción por lactancia en vacas lecheras de Costa Rica. *Arch. Latinoam. Prod. Anim.* 3(2):149.
- Westell, R. A., R. L. Quaas and L. D. Van Vleck. 1988. Genetic groups in an animal model. *J. Dairy Sci.* 71:1310.
- Wiggans, G. R. 1991. National genetic improvement programs for dairy cattle in the United States. *J. Dairy Sci.* 69:3853.
- Wiggans, G. R., I. Miztal and L. D. Van Vleck. 1988. Implementation of an animal model for genetic evaluation of dairy cattle in the United States. *J. Dairy Sci.* 71 (Suppl. 2):54.
- Wilmink, J. B. M. 1987. Comparison of different methods of predicting 305-day milk yield using means calculated from within herd lactation curves. In: *Studies on test-day lactation milk, fat and protein yield of dairy cows.* PhD. Thesis Royal Dutch Cattle Syndicate, Arnhem. pp. 41-60.