

Evaluación Multirracial de Bovinos en Colombia: desde la genética a la genómica

Bovine Multibreed Evaluation in Colombia: from genetics to genomics

*Mauricio A. Elzo*¹

¹ Departamento de Ciencias Animales, Universidad de Florida, Gainesville, FL 32611, Estados Unidos.
Email: maelzo@ufl.edu

Resumen

Colombia cuenta con una población bovina aproximada de 24 millones de animales dedicados a la producción de carne, leche, o en sistemas doble propósito, en su mayoría, de composición multirracial. Recientemente algunas organizaciones han iniciado evaluaciones genéticas sistemáticas de animales de raza pura en varias regiones del país. Sin embargo, la mayoría de los animales bovinos en Colombia aún no han sido evaluados genéticamente. En esta presentación se describen modelos multirraciales de evaluación genética e investigaciones de evaluaciones genéticas multirraciales realizadas en Colombia. Se analiza, además, la necesidad de implementar un sistema nacional de este tipo de evaluaciones, la situación de investigaciones genómicas y el potencial de realizar evaluaciones genético-genómicas en Colombia.

Palabras clave: Bovinos, evaluación, genética, genómica, multirracial.

Abstract

Colombia has a cattle population of near 24 million beef, dairy, and dual purpose animals, most of which are multibreed. Recently, a few organizations have implemented systematic genetic evaluations of straightbred animals in some regions of the country. However, the vast majority of animals in Colombia are still not genetically evaluated. Here, multibreed genetic evaluation models and research on multibreed genetic evaluations in Colombia are described, and the need to implement a national genetic evaluation system, the state of genomic research, and the potential to develop genetic-genomic evaluations in Colombia are discussed.

Key words: Cattle, evaluation, genetics, genomics, multibreed.

Introducción

Colombia, con una población bovina de aproximada de 24 millones de animales bovinos, ocupa el 13avo lugar en el mundo y el cuarto en América Latina después de Brasil, Argentina y México (Fedegan, 2010). La gran mayoría de los bovinos en Colombia se utiliza en sistemas de doble propósito (42%), cría (37%), ceba (16%), y leche que constituye solamente 5% (Fedegan, 2010). La composición racial de este 95% de animales bovinos involucrados en producción de carne y doble propósito (carne y leche) es multirracial y en la mayoría de los animales es conocida solamente en parte o desconocida. Esto dificulta la implementación de un sistema nacional de evaluación genética multirracial para la población bovina colombiana. No obstante en explotaciones que utilizan toros o semen de razas puras, es posible conocer esta información lo cual ayudaría a aumentar el porcentaje de animales cuyas fracciones son parcial o totalmente conocidas. Otros aspectos necesarios para la implementación de un sistema de evaluación nacional son la existencia de un sistema de recolección y de mantenimiento de datos, un centro de procesamiento de información, y un sistema de disseminación de información. Todos estos aspectos se deben compaginar con la utilización de las evaluaciones genéticas nacionales para seleccionar padres y madres apropiados en cada explotación. La utilización efectiva de las evaluaciones genéticas por los ganaderos va a determinar el grado de éxito del sistema de evaluación genética nacional. A menos que los ganaderos perciban un retorno positivo (probablemente económico), su participación en la toma de registros y en la utilización de las predicciones genéticas será probablemente baja.

En esta presentación se describirán modelos multirraciales e investigaciones de evaluaciones genéticas multirraciales en Colombia, y se discutirán la necesidad de implementar un sistema nacional de evaluaciones genéticas, la situación de investigaciones genómicas y el potencial de realizar evaluaciones poligénico-genómicas en Colombia en el futuro. Se hará referencia principalmente al sector bovino de producción de carne. Los comentarios relativos al sector lechero se harán cuando sean relevantes.

Modelos multirraciales lineales de evaluación genética

Los Modelos Multirraciales Lineales (Elzo, 1983; Elzo y Famula, 1985; Elzo y Bradford, 1985) son de tipo estadístico e incluyen efectos aditivos y no-aditivos genéticos y efectos ambientales intrarraciales e interraciales. En caracteres de carne, por ej., pesos o

ganancias de peso vivo, los efectos ambientales típicamente consideran grupos contemporáneos multirraciales —incluyen animales de varias razas y de grupos cruzados además de rebaño, año, sexo, grupo de manejo, y rango de edad menor a 90 días—, edad de la madre dentro de sexo del ternero (función de composición racial). En los efectos genéticos fijos se incluirían los efectos aditivos raciales directos y maternos (función de composición racial) y efectos no-aditivos directos y maternos (función de interacciones intrarraciales e interraciales intralocus e interloci). Si se refieren a efectos no-aditivos interraciales, se les denomina heterosis directa y materna. Los efectos aleatorios genéticos serían aditivos y no-aditivos multirraciales, y efectos residuales. Los efectos aleatorios genéticos aditivos multirraciales se refieren a los efectos aditivos de todos los genes de cualquier origen racial que un animal tenga, y se desviarían de un grupo racial base. Los efectos no aditivos multirraciales de un animal se refieren a la suma de todas las interacciones de un tipo en apareamientos entre un animal y un grupo de animales del sexo opuesto (modelo de regresión; por ej., heterosis aleatoria = interacciones entre alelos de diferentes razas en 1 locus) o de todos los tipos (modelo de subclase; suma de interacciones entre alelos de todos los loci que determinan un carácter). Nótese que estos valores genéticos no-aditivos se refieren a la progenie de los animales evaluados. Los efectos aleatorios residuales contendrían efectos ambientales intrarraciales e interraciales y efectos genéticos aditivos y no-aditivos, dependiendo de los efectos incluidos en el modelo multirracial. Los modelos multirraciales lineales toman en cuenta la heterogeneidad de las varianzas y covarianzas en animales de diferentes composiciones raciales (Elzo, 1990a, b). Sin embargo, por razones de disponibilidad de datos y de factibilidad de análisis se pueden hacer suposiciones de homogeneidad de varianzas y de exclusión de efectos aleatorios (por ej., efectos aleatorios genéticos no-aditivos). Los procedimientos multirraciales bayesianos fueron desarrollados por Jara et al. (2001a, b) y Cardoso y Tempelman (2004).

Los modelos multirraciales producen tres tipos de predicciones genéticas: aditivas, no-aditivas, y totales (aditivas + no-aditivas). Las predicciones multirraciales genéticas aditivas son comparables a las unirraciales, pero contienen información de animales puros y cruzados, en lugar de animales puros solamente. Las predicciones multirraciales no-aditivas de efectos únicos (modelos de regresión) se deben ponderar por la probabilidad de que estos efectos ocurran en progenies de apareamientos cruzados, y deben ser utilizados en combinación con las predicciones multirraciales aditivas

(por ej., como predicciones multirraciales totales). Las predicciones multirraciales aditivas serían de utilidad para selección. Las predicciones multirraciales totales serían una predicción de la habilidad combinatoria de animales individuales cruzados con grupos de animales del sexo opuesto (no permiten la predicción de la habilidad combinatoria de apareamientos específicos). Los criadores de razas puras y productores de ganado comercial se beneficiarían con el uso de ambos tipos de predicciones. Las predicciones multirraciales aditivas ayudarían a maximizar el progreso genético aditivo y las predicciones multirraciales totales maximizarían el fenotipo de animales producto de cruzamientos interraciales.

Investigaciones sobre evaluaciones genéticas multirraciales de bovinos en Colombia

A finales de la década de 1990 en Colombia se desarrollaron dos proyectos de investigación multirraciales en bovinos en colaboración con investigadores de la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (Corpoica), el Instituto Colombiano Agropecuario (ICA) y la Universidad Nacional de Colombia. El primer proyecto utilizó información del rebaño multirracial Romosinuano-Cebú de la estación experimental Turipaná (Elzo et al., 1998), departamento de Córdoba, y el segundo empleó datos del rebaño multirracial Sanmartinero-Cebú de la estación experimental La Libertad, departamento del Meta (Elzo et al., 2001). En ambos estudios se consideraron caracteres de crecimiento (peso al nacimiento, peso al destete, y ganancia de peso postdestete) y se utilizaron modelos de padre y abuelo materno similares al utilizado en el rebaño multirracial Angus-Brahman de la Universidad de Florida (Elzo y Wakeman, 1998). La estructura de ambos rebaños multirraciales —Romosinuano-Cebú y Sanmartinero-Cebú— era dialéctica, desbalanceada y con celdas vacías. Sin embargo, bajo ciertas suposiciones (ausencia de varianzas genéticas aditivas y ambientales interraciales) fue posible obtener predicciones aditivas, no-aditivas, y totales en ambas poblaciones. Además, fue posible confirmar que bajo las condiciones ambientales, en ambos rebaños existían animales Criollo, Cebú, y Criollo × Cebú con valores multirraciales aditivos; no-aditivos; y totales altos, medios, y bajos. No obstante, como grupo, los toros Cebú fueron en promedio superiores a los Criollo × Cebú, los cuales, a su vez, fueron superiores a los Criollos. Para efectos genéticos maternos, el ordenamiento fue lo opuesto (Criollo, Criollo × Cebú, Cebú). La ventaja de los animales Criollos y cruzados

Criollo-Cebú es un aspecto posible de verificar en las poblaciones colombianas actuales, y puede ser utilizada para aumentar la productividad de cruzamientos en rebaños comerciales.

Necesidad de un sistema nacional de evaluación genética en Colombia

La posibilidad de una comparación genética apropiada de animales a través del país, es una razón clara a favor de la creación de un sistema nacional de evaluación genética para bovinos de carne y de doble propósito en Colombia. No obstante, la variabilidad geográfica y ambiental y la naturaleza multirracial de la población bovina colombiana hacen que este sea un objetivo complejo. En Colombia las evaluaciones de animales de carne de raza pura existen solamente para Cebú (Asocebu, 2010). En el futuro, las evaluaciones conducidas por asociaciones ganaderas de animales puros podrían aceptar registros de animales cruzados y eventualmente evaluar animales puros y cruzados. Otra alternativa es crear un sistema nacional multirracial que involucre toda la población bovina colombiana, incluyendo animales puros y cruzados provenientes de criadores de raza pura y comerciales, que mantengan registros apropiados y se adhieran a las especificaciones de los registros nacionales.

Durante el primer semestre de 2011 UNAGA (Unión Nacional de Asociaciones Ganaderas Colombianas) y Fedegan (Federación Colombiana de Ganaderos) organizaron varias reuniones con el objeto de desarrollar una serie de pasos tendientes al desarrollo de un programa nacional de mejoramiento bovino. Esta evaluación nacional no excluye la existencia de evaluaciones genéticas dentro de asociaciones de criadores o dentro de conglomerados comerciales, además de evaluaciones regionales. El modelo multirracial utilizado en evaluaciones nacionales en Colombia deberá necesariamente ser diferente para animales clasificados como de carne, doble propósito o de leche. Varios modelos para animales de carne y de doble propósito, serán probablemente más similares entre sí que con modelos para leche. Para este propósito será necesario realizar investigaciones preliminares con datos existentes y recolectados durante los años iniciales, antes de decidir la forma del modelo de evaluación. Igualmente será necesario evaluar interacciones genético-ambientales, definir razas y grupos raciales, estimar parámetros genéticos aditivos y no-aditivos (si el modelo considera estos efectos), y realizar análisis de revalidación y de consistencia de las evaluaciones en el tiempo.

Situación actual y potencial de las evaluaciones poligénico-genómicas de bovinos en Colombia

Hasta 2011 la investigación con marcadores genómicos en Colombia se ha concentrado en el uso de microsátélites para caracterizar variabilidad genotípica de genes específicos, principalmente leptina (Guerra et al., 2005), calpaina (Moreno et al., 2009), y kappa caseína (Zambrano et al., 2010) o caracterización de razas criollas y foráneas de carne y leche (Barrera et al., 2006a,b; Montoya et al., 2010), que en el uso de polimorfismos de nucleótidos únicos (SNP) para estudiar asociaciones con caracteres de importancia económica (Ríos et al., 2009, 2010).

Los métodos actuales de evaluación genómica (Meuwissen et al., 2001; Legarra y Misztal, 2008; VanRaden, 2008; VanRaden et al., 2009; Misztal et al., 2009; Aguilar et al., 2010) utilizan información genotípica obtenida con base en chips de alta densidad (por ej., Affimetrix Axiom Genome-Wide BOS 1; Affimetrix, 2011; Illumina 3K, 50K, 720K; Illumina, 2011a, b, c) combinada con información fenotípica y de pedigrí obtenida en rebaños de animales puros y comerciales. Estos procedimientos han sido probados a nivel poblacional en varios países con datos provenientes principalmente de animales *Bos taurus* de leche: en Estados Unidos con Holstein, Pardo Suizo, Jersey (VanRaden et al., 2009; Wiggans y Cooper, 2010); en Francia con Holstein, Montbéliarde, Normando (Ducrocq et al., 2009); en Nueva Zelandia con Holstein, Jersey, Holstein × Jersey (Harris y Montgomerie, 2009); y en Australia con Holstein (Nieuwhof et al., 2010). Sin embargo, las condiciones ambientales en Colombia y la composición genética de la población bovina son diferentes a la de estos países. Por ello es aconsejable realizar investigación sistemáticas en las diferentes subpoblaciones (puras y multirraciales) con modelos poligénico-genómicos antes de considerar su uso extensivo, más aún, Colombia tiene muy pocas poblaciones con suficientes registros para poder conducir evaluaciones genéticas. La única población de bovinos en Colombia que se evalúa genéticamente de manera sostenida y con alta exactitud para muchos de sus animales es Cebú (<http://www.asocebu.com/Inicio/Servicios/Programas/Mejoramiento-Genetico.aspx>). Las evaluaciones de poblaciones regionales sólo han sido realizadas por la Universidad de Antioquia (<http://geneticaholstein2010.webnode.es/los-mejores/>) con ganado Holstein en el 2010, y la Universidad de Nariño con animales Holstein, Normando, Pardo Suizo, Jersey, y cruzamientos de Holstein con estas cuatro razas (<http://promegalac.udenar.edu.co>) también en el 2010. Por tanto, antes de considerar el

uso extensivo de metodologías genómicas es necesario expandir la capacidad de las organizaciones ganaderas existentes de criadores puros y productores comerciales e incentivar la creación de nuevas organizaciones donde no existan.

La experiencia y la infraestructura generada en las tres poblaciones evaluadas mencionadas anteriormente serán de enorme utilidad para desarrollar evaluaciones regionales y nacionales en Colombia. Será necesario expandir los sistemas actuales de recolección de información fenotípica a nivel de explotación, regional, y nacional; crear centros de recolección y de análisis de datos a nivel regional y nacional, centros de evaluaciones genéticas, y sitios de diseminación de información y de predicciones genéticas, particularmente en la Internet. En otras palabras, se necesita crear la infraestructura subyacente necesaria para que las evaluaciones genéticas, y posteriormente genómicas, funcionen.

La decisión de utilizar información genómica en evaluaciones genéticas regionales o nacionales en Colombia requerirá un estudio de factibilidad. Este estudio deberá considerar todos los costos asociados con evaluaciones genómicas, como son los costos de muestreo de tejidos (sangre, pelo, etc.) y del repositorio de mantención de muestras, costo del sistema a utilizar (chips de marcadores de polimorfismos de nucleótidos únicos (i.e., SNP) densos (e.g., Affimetrix Axiom Genome-Wide BOS 1; Illumina 3K, 50K, 720K; chips con completa secuenciación del genoma en el futuro; chips diseñados con un de marcadores escogidos en Colombia), y el sitio donde se analizarían las muestras (e.g., laboratorios en Colombia o en el exterior). Si este estudio considerara que los análisis genómicos son económicamente viables en Colombia, se deberá decidir el tipo de evaluación (genómica-poligénica, genómica solamente) y los programas automatizados a utilizar. Considerando que la cantidad de registros fenotípicos actuales representa un porcentaje extremadamente bajo de la población bovina en Colombia, y que probablemente se genotipificará una fracción aún menor de animales —por razones de costo, probablemente con chips de relativa baja densidad como el Illumina 3K — Inicialmente una evaluación de tipo genómica-poligénica podría ser una alternativa razonable. La implementación de este sistema inicial permitirá realizar una proyección más realista de los próximos pasos que serán necesarios para implementar evaluaciones multirraciales genético-genómicas regionales y nacionales en Colombia. El éxito de estos esfuerzos iniciales dependerá en gran medida de que el sistema de evaluación con información genómica tenga ventajas económicas. Los ganaderos deberán percibir

estas ventajas económicas y ser los beneficiarios directos. Las entidades gubernamentales deberán apoyar financieramente el sistema de evaluación, al menos durante el período crítico de su implementación inicial. Sin embargo, en últimas serán los ganaderos y las entidades encargadas de la toma y procesamiento de muestras de tejidos y de datos los que determinarán la sobrevivencia de este sistema en el largo plazo. Finalmente, se debe recordar que los sistemas de evaluación genética y genómica son, y seguirán siendo, dinámicos. Ello implica que la investigación y el desarrollo deberán ser hechos de manera continua, y la implementación de modificaciones y de nuevos sistemas deberán tener lugar en la medida que sea necesario.

Bibliografía consultada

- Affimetrix, 2011. Development of a high-throughput, high-density bovine genotyping array. Affimetrix, Inc.
http://media.affymetrix.com/support/technical/whitepapers/axiom_gw_bos1_arrayplate_whitepaper.pdf.
- Aguilar, I., I. Misztal, D. L. Johnson, A. Legarra, S. Tsuruta, y T. J. Lawlor. 2010. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J. Dairy Sci.* 93:743-752.
- ASOCEBU, 2010. Evaluación Genética – Toros Brahman 2010.
http://asocebu.com/evaluaciongenetica/Evaluacion_genetica_2010.html.
- Barrera, G. P., R. Martínez, J. E. Pérez, N. Polanco y F. Ariza. 2006a. Evaluación de la variabilidad genética en ganado criollo colombiano mediante marcadores microsatélites. *Anim. Genet. Resources Information* 38: 35-45.
- Barrera, G. P., R. Martínez, R. Torrijos, y F. Ramón. 2006b. Caracterización molecular de una población de ganado Caqueteño y su relación filogenética con razas bovinas criollas colombianas. *Rev. Corpoica* 7:33-41.
- Cardoso, F. F., y R. J. Tempelman. 2004. Hierarchical Bayes multiple-breed inference with an application to genetic evaluation of a Nelore-Hereford population. *J. Anim. Sci.* 82:1589-1601.
- Ducrocq, V., S. Fritz, F. Guillaume, y D. Boichard. 2009. French report on the use of genomic evaluation. *Interbull Bulletin* 39:17-21.
- Elzo, M. A. 1983. Multibreed sire evaluation within and across countries. Ph. D. Dissertation, Univ. of California, Davis, CA.
- Elzo, M. A. 1990a. Recursive procedures to compute the inverse of the multiple trait additive genetic covariance matrix in inbred and noninbred multibreed populations. *J. Anim. Sci.* 68:1215-1228.
- Elzo, M. A. 1990b. Covariances among sire by breed group of dam interaction effects in multibreed sire evaluation procedures. *J. Anim. Sci.* 68:4079-4099.
- Elzo, M. A., y G. E. Bradford. 1985. Multibreed sire evaluation procedures across countries. *J. Anim. Sci.* 60:953-963.
- Elzo, M. A., and T. R. Famula. 1985. Multibreed sire evaluation procedures within a country. *J. Anim. Sci.* 60:942-952.
- Elzo, M. A., y D. L. Wakeman. 1998. Covariance components and prediction for additive and nonadditive preweaning growth genetic effects in an Angus-Brahman multibreed herd. *J. Anim. Sci.* 76:1290-1302.
- Elzo, M. A., C. Manrique, G. Ossa, y O. Acosta. 1998. Additive and nonadditive genetic variability for growth traits in the Turipaná Romosinuano-Zebu multibreed herd. *J. Anim. Sci.* 76:1539-1549.

- Elzo, M. A., G. Martinez, F. Gonzalez, y H. Huertas. 2001. Additive, nonadditive, and total genetic variation and genetic predictions for growth traits in the Sanmartinero-Zebu multibreed herd of La Libertad. *J. Corpoica* 3:123-139.
- Fedegan. 2010. Sector Cárnico en Colombia. [http://www.inviertaencolombia.com.co/Adjuntos/294_\(Microsoft%20Word%20-%20PerfilCarnicoEspa.pdf](http://www.inviertaencolombia.com.co/Adjuntos/294_(Microsoft%20Word%20-%20PerfilCarnicoEspa.pdf).
- Guerra, M. T., E. Trujillo, y M. Cerón-Muñoz. 2005. Estimación de polimorfismos del gen leptina bovino en poblaciones de las razas criollas Hartón del Valle, Blanco Orejinegro (BON) y en la raza Brahman. *Rev. Col. Cienc. Pecu.* 18:215-221.
- Harris, B. L. y W. A. Montgomerie. 2009. Current status of the use of genomic information in the national genetic evaluation of New Zealand. *Interbull Bulletin* 39: 35-37.
- Illumina, 2011a. GoldenGate Bovine3K Genotyping BeadChip. Illumina, Inc., San Diego, CA, USA. http://www.illumina.com/documents/products/datasheets/datasheet_bovine3k.pdf.
- Illumina, 2011b. BovineSNP50 Genotyping BeadChip. Illumina, Inc., San Diego, CA, USA. http://www.illumina.com/documents/products/datasheets/datasheet_bovine_snp50.pdf.
- Illumina, 2011c. BovineHD Genotyping BeadChip. Illumina, Inc., San Diego, CA, USA. http://www.illumina.com/documents/products/datasheets/datasheet_bovineHD.pdf.
- Jara, A., M. Elzo, y N. Barría. 2001a. Una aproximación bayesiana para la estimación de varianza en un modelo aditivo heterocedástico. I. Aspectos teóricos. Mem. XVII Reunión ALPA, La Habana, Cuba. G36: 1964-1967.
- Jara, A., M. Elzo, y N. Barría. 2001b. Una aproximación bayesiana para la estimación de varianza en un modelo aditivo heterocedástico. II. Un estudio de simulación. Mem. XVII Reunión ALPA, La Habana, Cuba. G43:1936-1939.
- Legarra, A., e I. Misztal. 2008. Technical Note: Computing strategies in genome-wide selection. *J. Dairy Sci.* 91:360-366.
- Misztal, I., A. Legarra, e I. Aguilar. 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *J. Dairy Sci.* 92:4648-4665.
- Montoya, A. E., M. F. Cerón-Muñoz, E. Martínez, J. D. Corrales, J. F. Tirado, y S. J. Calvo. 2010. Genetic characterization of the Hartón del Valle, Angus, Brangus, Holstein, and Senepol cattle breeds in Colombia, using ten microsatellite markers. *Rev. Col. Cienc. Pecu.* 23:283-291.
- Moreno, M. A., A. M. Gallón, W. A. Mesa, A. E. Montoya, y M. F. Cerón-Muñoz. 2009. Polymorphisms of calpain gene in Colombian Creole cattle. *Livest. Res. Rural Devel.* 21:6. <http://www.lrrd.org/lrrd21/6/more21086.htm>.
- Nieuwhof, G. J., K.T. Beard, K. V. Konstantinov, P. J. Bowman, and B. J. Hayes. 2010. Implementation of genomics in Australia. *Interbull Bulletin* 42: 35-39.
- Ríos, R. M., R. Barahona, D. Moreno, S. Castro, M. Santana, P. Medina, y B. F. Ariza. 2009. Detección de QTL asociados a características de crecimiento medidas por ultrasonido en la raza Romosinuano. X Simposio Iberoamericano Sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos, pp 521-524.
- Ríos, R. M., S. L. Castro., D. J. Moreno, J. S. Moncaleano, M. O. Santana, R. Barahona, y B. F. Ariza. 2010. Regiones del cromosoma 5 asociadas a características de crecimiento en ganado criollo Romosinuano.
- VanRaden, P. M. 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. *J. Dairy Sci.* 91:2297-2288.
- VanRaden, P. M., C. P. Van Tassell, G. R. Wiggans, T. S. Sonstegard, R. D. Schnabel, J. F. Taylor, y F. S. Schenkel. 2008. Invited Review: Reliability of Genomic Predictions for North American Holstein Bulls. *J. Dairy Sci.* 92:16-24.
- Wiggans, G. R. y T. A. Cooper. 2010. Genomic evaluations: Past, Present, and Future. Dairy Cattle Reproduction Conference, St Paul, MN. pp 45-52
- Zambrano, G. L., Y. M. Eraso, C. E. Solarte, y C. Y. Rosero. 2010. Kappa casein genotypes and curd yield in Holstein cows. *Rev. Col. Cienc. Pecu.* 23:422-428.