

EVALUACIÓN GENÉTICA CONJUNTA DEL PESO A 18 MESES DE EDAD EN LAS RAZAS CHAROLAIS Y CHACUBA

JOINT GENETIC EVALUATION OF WEIGHT AT 18 MONTHS OF AGE IN CHAROLAIS AND CHACUBA BREEDS

Alberto Menéndez-Buxadera^{1}, Manuel Rodríguez², Alina Mitat³, Marco A. Suárez⁴, Franky Ramos⁵*

¹Asesor Técnico Independiente. Estados Unidos (contact@ambuxadera.com <https://orcid.org/0000-0002-0408-4200>)

²Centro de Investigaciones para el Mejoramiento Animal de la Ganadería Tropical (CIMAGT). Departamento de Genética y Biotecnología. Cuba (manolo@cima-minag.cu <https://orcid.org/0000-01003-0370-5623>)

³ Centro de Investigaciones para el Mejoramiento Animal de la Ganadería Tropical (CIMAGT). Cuba (isamani51@gmail.com <https://orcid.org/0000-0001-8197-3063>)

⁴Universidad Agraria de La Habana “Fructuoso Rodríguez Pérez”, Departamento de Producción Animal, Mayabeque. Cuba. (marcost@cima-minag.cu <https://orcid.org/0000-0002-8040-6603>)

⁵Departamento de Genética del Ministerio de la Agricultura.

*Correo de Correspondencia: contact@ambuxadera.com

Recibido:24/01/2022

Aceptado:12/03/2022

RESUMEN. Se utilizaron 3 764 registros de las pruebas de comportamiento (PC) durante el periodo de 1981-2019 en tres empresas que correspondieron a animales Charoláis (Cha) y Chacuba (Chac). Los datos editados se estudiaron según modelo el animal univariado (M1) por cada genotipo. En un segundo paso se estudiaron de forma conjunta; incluyendo en todos los casos los coeficientes de regresión fija debida a los componentes genéticos aditivos, de heterosis y recombinación génica de los animales en modelos alternativos según los modelos aditivos univariado (M2), aditivo multivariado (M3); que asumen que el peso en animales puros y cruzados corresponden a rasgos diferentes, pero están correlacionados y finalmente, el modelo no lineal (M4). Los resultados obtenidos fueron: $h^2 = 0.28_{\pm 0.10}$ y $h^2 = 0.32_{\pm 0.13}$ para peso a 18 meses en puros y cruzados, respectivamente en M1. Para M2 $h^2 = 0.22_{\pm 0.05}$ y $h^2 = 0.28_{\pm 0.06}$ y $h^2 = 0.32_{\pm 0.13}$ en puros y cruces en M3 mientras que $h^2 = 0.28_{\pm 0.05}$ en M4. En el M3 la correlación genética (r_g) entre el mismo rasgo en ambos tipos de animales fue de $0.77_{\pm 0.30}$. Los resultados de h^2 del M4 fueron un punto intermedio respecto al M3 mientras que la precisión de los valores genéticos estimados (VG) fue ligeramente superior. Las relaciones genéticas entre los VG entre animales puros y cruzados entre los diferentes modelos fueron superiores a 0.98 en todos los casos. Los resultados demuestran que un mismo rasgo evaluado en una raza pura no corresponden con el mismo carácter en sus progenies cruzadas, aunque están correlacionados. La evaluación conjunta mediante modelos multivariados es la opción más recomendable para el programa de mejora, ya que puede brindar resultados superiores con los mismos datos disponibles respecto a la posible respuesta de un análisis individual de cada tipo de cruce.

PALABRAS CLAVE: Evaluación multirracial, Charolais, prueba de comportamiento, heredabilidad, correlación genética, modelos multivariados.

ABSTRACT. Three farms 3,764 behavioral test (PC) records were used during the period 1981-2019 that corresponded to Charolais (Cha) and Chacuba (Chac) animals. Edited data were studied according to the univariate animal model (M1) for each genotype. In a second step, they were studied jointly, including in all cases the fixed regression coefficients due to the additive genetic components, heterosis and gene recombination of the animals in alternative models according to the univariate additive model (M2), the multivariate additive model (M3) that assumes that the weight in purebred and crossbred animals correspond to different but correlated traits and finally, a nonlinear model (M4). The results obtained were: $h^2 = 0.28_{\pm 0.10}$ and $h^2 = 0.32_{\pm 0.13}$ for weight at 18 months in purebreds and crossbreds, respectively in M1. For M2 $h^2 = 0.22_{\pm 0.05}$ and $h^2 = 0.28_{\pm 0.06}$ and $h^2 = 0.32_{\pm 0.13}$ in purebreds and crosses in M3 while $h^2 = 0.28_{\pm 0.05}$ in M4. In M3, the genetic correlation (r_g) between the same trait in both types of animals was $0.77_{\pm 0.30}$. The results of h^2 of the M4 were an intermediate point with respect to the M3 while the precision of the estimated breeding values (VG) was

slightly higher. Genetic relationships between the VG purebred and crossbred animals in the different models were greater than 0.98 in all cases. The results show that the same trait evaluated in purebred does not correspond to the same character in its cross progenies, although they were correlated. Joint evaluation using multivariate models is the most recommended option for the breeding program since it can provide superior results with the same available data regarding the possible response of an individual analysis of each type of crossbreeds.

KEYWORDS: Multiracial evaluation, Charolais, performance test, heritability, genetic correlation. multivariate models.

INTRODUCCIÓN

Las pruebas de comportamiento (**PC**) es el procedimiento aplicado en Cuba en los programas de mejora de animales vacunos de razas de carne (Guerra *et al.*, 2001). Estas **PC** se realizan en condiciones de pastoreo desde los 7 a 18 meses de edad y la información de cada raza son evaluados cada año. En general se aplica un modelo animal univariado (Guerra *et al.*, 2001), expresando los resultados mediante el Valor Genético para peso final a 18 meses de edad (**VG_{P18}**). Con estos valores se inicia el proceso para la selección de los sementales jóvenes de cada año, los cuales pueden ser sometidos posteriormente a una prueba de progenie (**PP**). A modo general esta es la estrategia que se lleva a cabo en los programas de mejora de cada raza pura, no obstante, en varios casos existe también el mismo esquema para algunos cruzamientos, tal es el caso del Chacuba (5/8Charolais 3/8 Cebú).

La precisión del **VG_{P18}** de los sementales jóvenes de la **PC** depende de la heredabilidad del rasgo, la cual como es de esperar, no debe ser la misma para Chacuba y Charolais, mientras que en las **PP** hay que tomar en cuenta el número de progenies controladas. Ambos genotipos están emparentados por la vía del semental Charolais, de manera que aplicando modelos estadísticos apropiados es posible alcanzar beneficios adicionales en términos de mayor precisión con la misma información disponible, aunque hay que tomar en consideración el nivel de correlación entre **VG_{P18}** de animales puros y cruzados (r_{pc}). De acuerdo con Vitezica *et al.*, (2016), los resultados de r_{pc} están lejos de la unidad, es decir son un indicador poco confiable del comportamiento de la población cruzada. Los modelos recomendados por Arnold *et al.*, (1992) y más recientemente García-Cortez y Toro (2006) pueden proporcionar una respuesta a esta interrogante.

El objetivo de este trabajo es presentar los primeros resultados de la aplicación de un modelo multi racial para la evaluación genética del ganado Charolais y Chacuba para el peso vivo a 18 meses de edad en las condiciones de Cuba.

MATERIALES Y MÉTODOS

Datos disponibles

Para este análisis se recibieron los resultados individuales de las PC realizadas a los genotipos Charolais (Cha) y de sus cruces con hembras Cebú (Z) en una proporción de 5/8C 3/8Z que se denomina Chacuba. Estas PC se realizaron entre septiembre de 1981 a noviembre de 2019

en tres empresas a lo largo del país. En total estaban disponibles 3764 registros individuales de ambos genotipos. El pedigrí general contenía 10452 animales con datos y sus antecesores (201 padres y 2887 madres). Para las comparaciones también se prepararon los pedigrí por separado para Charolais (7756 animales) y Chacuba (2899 animales). Sin embargo, hay que indicar que en todos los casos existían muchos antecesores de los cuales no se conocían información de sus progenitores, de manera que no aportan información.

El carácter básico para estudiar fue el peso vivo a 18 meses de edad (PV_{18}) el cual fue editado eliminando aquellos datos fuera ± 3 desviaciones estándar, así como 392 observaciones que pertenecían a hembras. La información de pesos vivos a edades inferiores estaba ausente en muchos casos y no se emplearon.

Estimación de los coeficientes de cruzamientos

Los coeficientes genéticos aditivos (p), de heterosis (h) y pérdidas por recombinación génica (r) para cada animal fueron estimados según la fórmula ya clásica para este tipo de estudio:

$$p_o = 0.5 (p_s + p_m); h_o = [p_s *(1- p_m) + p_m *(1- p_s)] \text{ y } r_o = [p_s *(1- p_s) + p_m *(1- p_m)]$$

donde p es la proporción de genes Charolais en el padre (s) y madre (m) de cada animal.

La tabla 1 presenta los resultados de estos coeficientes para cada genotipo. Para una generalización de las estimaciones se decidió también agrupar los animales Chacuba de primera y segunda generación en la categoría cruzados.

Tabla 1. *Coefficientes de cruzamiento* en los datos analizados.*

	N	Efectos genéticos		
		Aditividad	Heterosis	Recombinación
Coefficientes individuales esperados				
Charolais puros	2885	1.000	0	0
Chacuba G1	318	0.625	0.750	0.1875
Chacuba G2	392	0.625	0.469	0.469
Coefficientes de todos los animales				
Animales Puros	2885	1.000	0	0
Animales Cruzados	710	0.540(0.08)	0.597(0.14)	0.340(0.14)

*Chacuba G1 es el resultado del cruce entre un semental Charolais con una hembra 3/4Z1/4C mientras que Chacuba G2 es la primera o más generaciones de cruce entre animales Chacuba (5/8C3/8Z). Los animales Chacuba G1 y G2 se unen en animales cruzados. Entre paréntesis es la desviación estándar de los respectivos coeficientes de todos los animales.

Resulta evidente que la comparación directa de estos tres tipos de animales sería sesgada ya que existen diferencias importantes en su composición genética, por ello se utilizan esos coeficientes indicados en la tabla como covariables fijas.

En términos estadísticos los datos se estudiaron según modelo animal univariado muy semejante al empleado actualmente en las PC en estos genotipos, pero con algunas variaciones respecto a las estimaciones de componentes de varianza y el valor genético de los animales que serán detallados más adelante. La información de cada genotipo se analizó

por separado usando solo su pedigrí correspondiente, posteriormente se analizaron de conjunto, tomando en cuenta los coeficientes de cruzamiento de la tabla 1 o al grupo genético puro y cruzados. En cada caso se estimaron los parámetros y el valor genéticos de cada animal, así como la precisión de la estimación.

La representación de los modelos comparados es la siguiente:

$$y_i \approx X\beta + f_{(edi,ef)} + Z_a + e_{ij} \quad \text{modelo aditivo actual (1).}$$

$$y_i \approx X\beta + f_{(edi,ef)} + Qg_o + Z_a + e_{ij} \quad \text{modelo aditivo univariado (2).}$$

$$y_i \approx X\beta + f_{(edi,ef)} + Qg_o + Z_a \cdot g_o + e_{ij:go} \quad \text{modelo aditivo multivariado (3).}$$

$$y_i \approx X\beta + f_{(edi,ef)} + [b_1p_o + b_2h_o + b_3r_o] + Z_a + e_{ij} \quad \text{modelo no lineal (4).}$$

donde, y_i es un vector del PV_{18} de cada a^{th} animal, X es una matriz de incidencia que conecta los efectos fijos de los grupos contemporáneo (β) con la variable dependiente, $f_{(edi,ef)}$ son las covariables lineales de edad inicial y final de la PC para eliminar esa fuente de variación. b_1p_o , b_2h_o y b_3r_o representan los coeficientes de regresión fija debida a los componentes genéticos aditivos, de heterosis y recombinación génica de los animales respectivamente, Z es una matriz de efectos aleatorios debido al a^{th} animal que produce el registro y sus antecesores sin datos y e_{ij} es un vector del efecto de error aleatorio común a todas las observaciones. El modelo aditivo 1 es muy similar al actualmente en uso excepto que no emplean los coeficientes de cruzamiento

En el modelo aditivo univariado 2 se incorpora la matriz de incidencia del efecto fijo de grupo genético Qg_o que es el resultante de la acción conjunta de las variaciones en la composición genética de los animales Charolais puros y cruzados (Chacuba de primera y segunda generación), finalmente en el modelo aditivo multivariado 3 se asume que PV_{18} en animales puros y cruzados corresponden a rasgos diferentes pero correlacionados. En este caso la varianza residual se considera heterogénea intragrupo genético ($e_{ij:go}$).

Los cuatro modelos estiman los mismos componentes de varianza y tienen la misma representación general:

$\text{var}(y) \approx N[0, \sigma_y^2 = (G_o \otimes A + \sigma_e^2)]$ para modelo clásico, el no lineal y el aditivo univariado.

$$\text{var}(y) \approx N[0, \sigma_y^2 = (G_o = \begin{bmatrix} \sigma_{ap}^2 & \sigma_{apc} \\ \sigma_{acp} & \sigma_{ac}^2 \end{bmatrix} \otimes A) + \sigma_{ej:go}^2] \quad \text{para el aditivo multivariado.}$$

Los componentes de varianza genético ($G_o \otimes A$) = σ_a^2 , serán calculados de la misma forma para los modelos clásicos actuales, el no lineal y univariado aditivo, A es el denominador de la matriz de parentesco. En el modelo multivariado, se obtienen los mismos componentes de varianza para animales puros (σ_{ap}^2) y cruzados (σ_{ac}^2), así como su covarianza entre los

mismos ($\sigma_{apc} = \sigma_{acp}$). Con estos resultados se puede estimar la heredabilidad de PV₁₈ en los modelos no lineales y aditivo univariado que se asume son las mismas para los dos genotipos ($h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2}$). Por su parte en el modelo multivariado la h^2 se calculan de la misma forma, pero considerando los correspondientes componentes: $h_p^2 = \frac{\sigma_{ap}^2}{\sigma_{ap}^2 + \sigma_{e;p}^2}$ para animales puros y $h_c^2 = \frac{\sigma_{ac}^2}{\sigma_{ac}^2 + \sigma_{e;c}^2}$ para los cruzados. Por otro lado, la correlación genética entre PV₁₈ medido en ambos tipos de animales será $r_g = \frac{\sigma_{apc}}{\sqrt{\sigma_{ap}^2 * \sigma_{ac}^2}}$

Los Valores Genéticos (VGE) se estiman como solución de cada modelo, mientras que para el multivariado es;

$$VGE = \tilde{a} + Q_g$$

donde \tilde{a} es el VGE general del animal a lo cual hay que añadir la desviación del correspondiente grupo genético (Qg) al cual pertenece. La precisión (Acc %) de los VGE se estiman de la misma forma en los cuatro modelos:

$$Acc = \sqrt{1 - \frac{Pev_i}{\sigma_{a_i}^2}} * 100$$

En la cual Pev_i es el cuadrado del error estándar del efecto \tilde{a}_i animal estimado en cada modelo. Todo el análisis se realizó mediante el software Asreml 3 (Gilmour *et al.*, 2009).

Todos los parámetros descritos se estimaron para los cuatro modelos y los posibles beneficios de este nuevo enfoque se presentan respecto a la evaluación genética que actualmente se lleva a cabo para cada uno de estos dos genotipos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Resultados generales

Varios análisis preliminares se realizaron para una representación general de los datos estudiados. En primer lugar, un modelo lineal de efectos fijos arrojó diferencias altamente significativas ($p < 0.001$) para las covariables de edad inicial y final, así como para el efecto grupo contemporáneo (combinación de empresa año de la prueba y trimestre con niveles 241 niveles). Los efectos de los tres genotipos no fueron significativos. Un análisis similar fue llevado a cabo para conocer la evolución del PV₁₈ a lo largo del periodo de tiempo representado en esta base de datos y los resultados se presentan en la figura 1.

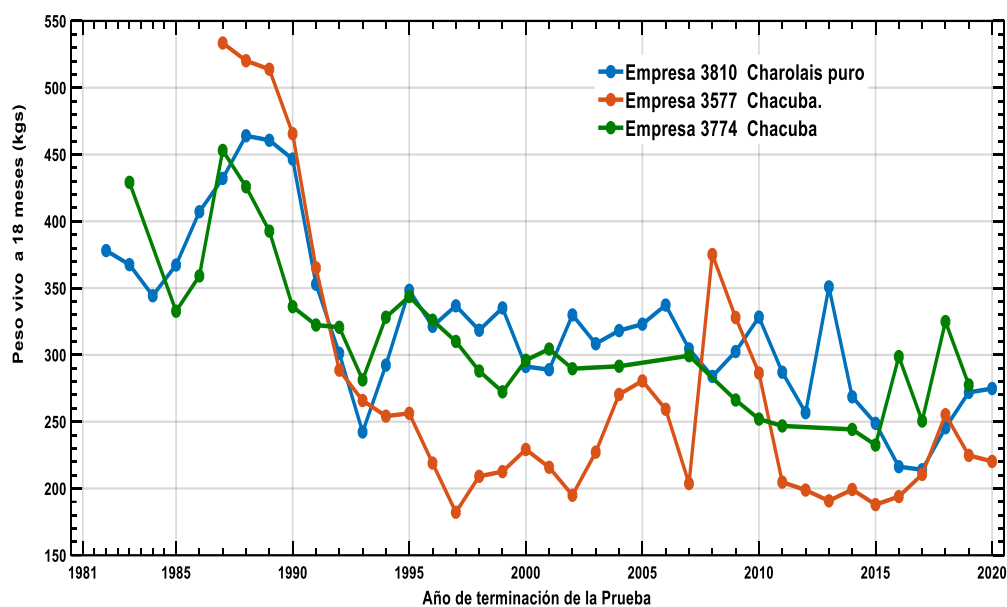


Figura 1. Evolución del Peso vivo a 18 meses de edad de las Pruebas de comportamiento del Charolais y Chacuba.

Los resultados demuestran que el PV₁₈ ambos genotipos manifiestan una tendencia decreciente en las tres empresas donde se realiza la PC, de manera que el PV₁₈ se redujo aproximadamente un -40% en los 38 años analizados. Las dificultades económicas actuales del país han imposibilitado mantener los mismos recursos empleados entre 1982 a 1990 durante el cual la respuesta fue favorable.

Parámetros genéticos

Los resultados de los componentes de varianza y la precisión del VGE de los datos según el procedimiento actual que analiza por separado los resultados del Charolais y Chacuba se muestran en la tabla 2.

Tabla 2. Parametros genéticos de los datos de cada raza (modelo aditivo actual).

Genotipo	N*	V		V total	h ²	CV**	Acc
		Genética	residual				
Charolais puro	2885(5226)	353.925	917.297	1271.1	0.278±0.10	6.1	46.2
Chacuba	716(1346)	384.486	817.039	1201.5	0.320±0.13	6.3	46.6

*Número de animales con datos y sus antecesores entre paréntesis. ** Coeficiente de variación genético.

Los estimados de h² y varianzas genéticas de ambos genotipos fueron superiores a otros parámetros similares en las condiciones de Cuba en ganado Cebú h²=0.10 a h²=0.19 (Espinoza-Villavicencio *et al.*, 2008, Guillen Trujillo *et al.*, 2011); Santa Gertrudis, h²=0.21 (Morales *et al.*, 2013) y Chacuba h²=0.21 (Ceró Rizo *et al.*, 2011). Explicar estas diferencias no es lo más recomendado ya que por definición el parámetro h² es aplicable solo a las

condiciones y periodo de tiempo en que se estimaron los cuales son diferentes al de este estudio. Los coeficientes de variación genética de PV_{18} variaron entre 4.1% a 4.9% en las publicaciones antes citadas mientras que el valor en este análisis fue de 6.2% lo cual indica mayores posibilidades para el trabajo de selección y mejora. La precisión (Acc) fue muy similar para ambos genotipos.

Los resultados de este modelo univariado clásico es similar al usado actualmente (Guerra *et al.*, 2001) y permitió estimar de manera independiente los VGE de cada animal en cada genotipo y se identificaron que existían 24 sementales Charolais comunes entre los cuales la correlación entre ambos fue de 0.321 (NS), por otro lado la regresión del VGE estimado en Charolais puro y su equivalencia en Chacuba fue de 0.266(± 0.15)/kg, es decir aproximadamente el 25%, lo cual indica poca capacidad predictiva en base a los VGE en raza pura y su expresión en cruzamiento, en correspondencia con la tendencia sugerida por Vitezica *et al.*, (2016). Para brindar una preliminar respuesta a esta interrogante los resultados de ambos genotipos, así como su pedigrí fueron unidos en una sola base de datos que fue analizada según los modelos 2, 3 y 4. Los parámetros se presentan en la tabla 3.

Tabla 3. Parámetros genéticos de los datos de ambos genotipos según diferentes modelos*.

Modelo	N	V Genética	V residual	V total	h^2	CV	Acc
Aditivo univariado	3601(6548)	229.119	820.291	1049.4	0.218 \pm 0.05	4.9	41.5
Aditivomultivariado	Puros**	356.488	914.634	1271.1	0.281 \pm 0.06	6.5	44.4
	Cruce**	382.844	816.091	1198.9	0.319 \pm 0.13	6.4	38.1
Aditivo no lineal	3601(6548)	347.411	909.031	1256.4	0.276 \pm 0.05	6.0	45.8

*Los datos totales (Charoláis + Chacuba) fueron 3601 y el pedigrí total fue de 6548 animales. ** El número de animales es el mismo presentado en la tabla 2.

Estos modelos tratan el mismo rasgo, pero la comparación formal con el método actual reflejado en la tabla 2 no es posible, ya que el número de observaciones no es el mismo ni tampoco el número de animales con datos y sus antecesores. En el modelo aditivo 1 se asume que las varianzas son las mismas para ambos genotipos los cuales se consideran como un efecto fijo y las diferencias entre puros y cruzados fueron no significativas, aunque la tendencia es que el **VGE** de los Charolais puros fueron -7.4kg inferiores a los cruzados. Por otro lado, los estimados de h^2 , **CV** y **Acc** de este modelo fueron inferiores a los presentados en la tabla 2, de manera que no existe ninguna ventaja en este enfoque.

Los resultados del modelo aditivo multivariado 2 fueron similares a los estimados originales de la tabla 1 mientras que la correlación genética (r_g) entre el mismo rasgo en ambos tipos de animales que fue de $r_g = 0.771 \pm 0.30$ muy superior al estimado previo de 0.321 aunque es necesario apuntar que las correlaciones entre los **VGE** se relacionan, pero no son equivalente a las correlaciones genéticas. No se han encontrado resultados similares de r_g , en animales puros y cruzados en Cuba, no obstante, estos valores medios están dentro del rango de las publicaciones de USA (Lukaszewicz, *et al.*, 2015) y Australia (Newman *et al.*, 2001). En el modelo aditivo multivariado 2 se incorporó la matriz de parentesco entre todos los animales, de manera que se establece una conexión entre los datos, independientemente de si son puros o cruzados o del lugar de donde se ha realizado la prueba de **PC** y ese es precisamente el mecanismo que posibilita estimar las (co)varianzas de manera más precisa respecto a los análisis por separado para cada raza y es la base de los mayores niveles de r_g . Ese es el mismo

principio que se utiliza en la evaluación de animales de carne en USA (Quaas & Zhang 2006). En términos estadísticos para este tipo de estudio con animales puros y cruzados, el modelo no lineal 4 es el que reúne las mejores propiedades y permitió estimar que la heterosis (**h**) fue $h = 19.6\text{ks}$ que representa el 6.3% del PV_{18} , los efectos de pérdidas por recombinación génica fueron **NS** y los efectos de aditividad debida a la proporción de genes de Charolais puro en el animal cruzado fue de $p = -4.9 \text{ kg}$ en correspondencia con las diferencias mencionadas del modelo 2. Los resultados de h^2 y **CV** de este modelo 4 fueron un punto intermedio respecto al modelo 3 mientras que la **Acc** fue ligeramente superior de manera que se utilizaran sus resultados para comparar las diferentes estimaciones de VGE.

El nuevo enfoque de análisis conjunto de los resultados de las **PC** puede aportar varios beneficios:

1. Respecto al método actual en uso el número total de animales evaluados (6548) fue 20% superior que en el Charolais puro (5226) y 80% superior a los resultados del Chacuba (1346), lo cual representa un mayor margen para incrementar la intensidad de selección.
2. Aun cuando la **PC** se realiza solamente en sementales jóvenes, los resultados del nuevo enfoque utilizan las matrices de parentesco entre todos los animales, lo cual permite estimar los **VGE** y la **Acc** de antecesores de ambos sexos que pueden ser usados en el programa de mejora como herramienta auxiliar (tabla 4). Obsérvese la similitud de resultados entre el modelo no lineal y los alcanzados por el método actual en la raza Charolais. Aparentemente es poco el beneficio, pero como se apuntó previamente es muy baja y no significativa, su relación con animales Chacuba por el contrario el modelo no lineal posibilita una mayor relación entre todos los **VGE** como se mostrará más adelante y la precisión de este modelo es muy superior al del modelo multivariado.

Tabla 4. Precisión (%) de los Valores Genéticos Estimados en diferentes tipos de animales y diferentes modelos de evaluación.

	Tipo de animal			
	Animal	Padre	Madre	
Charolais	57.8	64.5	29.4	Modelo univariado actual
Chacuba	58.4	54.7	30.9	
Puros	55.8	46.4	28.2	Modelo Aditivo
Cruzados	48.0	44.3	24.1	Multivariado
Todos	57.4	61.8	29.3	Modelo No lineal

3. Se pueden comparar el mérito genético aditivo de todos los animales lo cual puede ser empleado en la estrategia del programa de mejora, según los criterios de selección que se han establecido en estos genotipos. En términos prácticos este nuevo enfoque permite disponer de cuatro estimaciones de **VGE** de cada animal y las relaciones entre los mismos se muestra en la tabla 5.

Tabla 5. Relaciones entre los VGE* para peso a 18 meses de animales puros y cruzados estimados por diferentes modelos y con los resultados actual del Charolais.

	Modelo Multivariado		Modelo No lineal	Charolais puro
	Cruzados	Puros	Total	Actual
Cruzados	1	0.990	0.992	0.976
Puros		1	0.998	0.996
Total			1	0.993
Actual				1

*El número de animales comparados es de 5226 debido a que se pretende relacionar con el posible impacto sobre los resultados de la prueba actual de la raza pura, el Chacuba se incluye en animales cruzados.

Los resultados son prácticamente igual a la unidad, luego cualquiera de ellos estimados puede ser usados en el proceso de selección, no obstante, lo más adecuado es una generalización combinando los cuatro VGE, el cual puede lograrse simplemente por la media de esos estimados. No obstante, un procedimiento más formal es mediante un análisis de componentes principales (ACP) el cual hace una reducción de variables maximizando las varianzas de los rasgos básicos. La tabla 6 presenta los resultados.

Tabla 6. Coeficientes de eigenvector (ev_i) del ACP de los VGE de animales puros y cruzados y de los resultados de la prueba actual del Charolais.

		Análisis de Componentes Principales			
		PC1	PC2	PC3	PC4
Modelo Multivariado	Cruzados-VGE₁	0.4981	0.7489	-	-0.0440
	Puros-VGE₂	0.5014	-0.1330	0.4347	0.8134
Modelo no lineal	Total-VGE₃	0.5014	0.0341	0.2630	-0.5255
	Charolais puro	Actual-VGE₄	0.4989	-0.6482	-
				0.5201	
	Varianza explicada %	99.3	0.06	0.01	0
	Varianza Acumulada %		99.9	100	

Los resultados indican que el primer componente principal (PC1) explica la mayor parte de la varianza de las cuatro estimaciones (99.3%), luego pueden combinarse y sintetizar en un solo valor el mérito genético de todos los animales en correspondencia con lo antes indicado en la tabla 5 sin pérdidas de información. El biplot de este ACP se presenta en la figura 2.

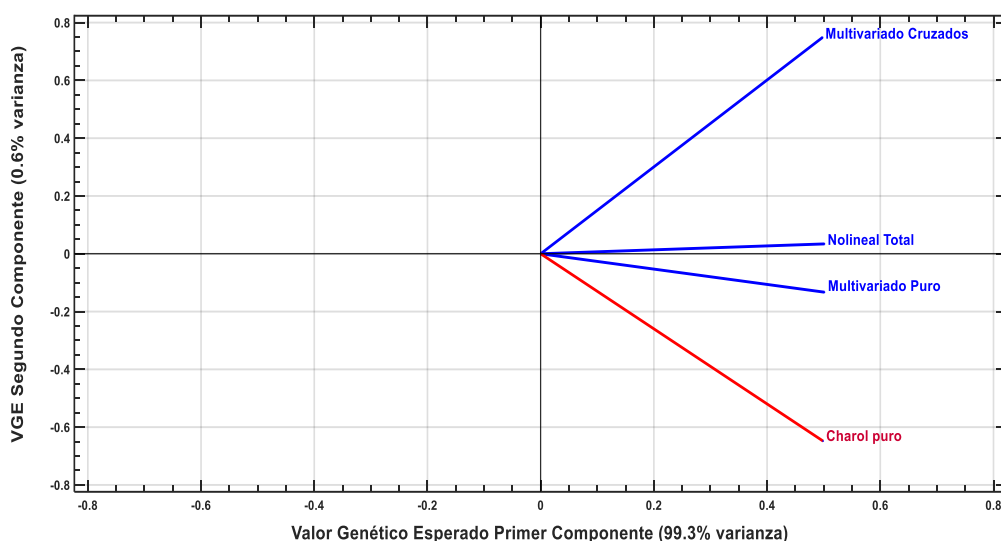


Figura 2. Biplot de las cuatro estimaciones del VGE en la muestra de animales puros, cruzados y del Charolais puro.

El biplot es una forma gráfica de expresar las tendencias y direcciones de los ev_i que determinan la varianza general de las cuatro estimaciones de **VGE** en la población estudiada. En este caso observe que los cuatro ev_i están ubicados en el primer PC1 que como se apuntó absorbe la mayor proporción de la varianza de los **VGE**, en otras palabras, deja fuera muy poca información relacionada con diferencias entre los métodos de estimación es por ello por lo que se considera como el vector del nivel genético general. Sin embargo, note que los ev_i correspondientes a los animales puros y el Charolais ocupan un cuadrante inferior dejando una pista de muy poco margen a posibles diferencias entre las relaciones de las pruebas en Charolais puros y el Chacuba sobre el cual se hicieron comentarios previamente. Esta posible influencia no debe pasarse por alto y debe estudiarse, utilizando un pedigrí más abarcador.

4. Los ev_i pueden emplearse como factor de ponderación de los **VGE** originales y conformar un nuevo índice subyacente (**IPC**), de la siguiente forma:

$$IPC = ev'_1 * VGE_1 + ev'_2 * VGE_2 + ev'_3 * VGE_3 + ev'_4 * VGE_3$$

en el cual los ev_i son los correspondientes eigenvector representados en la tabla 6, mientras que los VGE_i son los valores genéticos originales estandarizados (**std**). Este **IPC** es el indicador más representativo del mérito genético de cada animal cualquiera sea el método de estimación y el genotipo a que pertenece y retiene la mayor parte de la variabilidad genética de este rasgo y esto se ilustra en la figura 3.

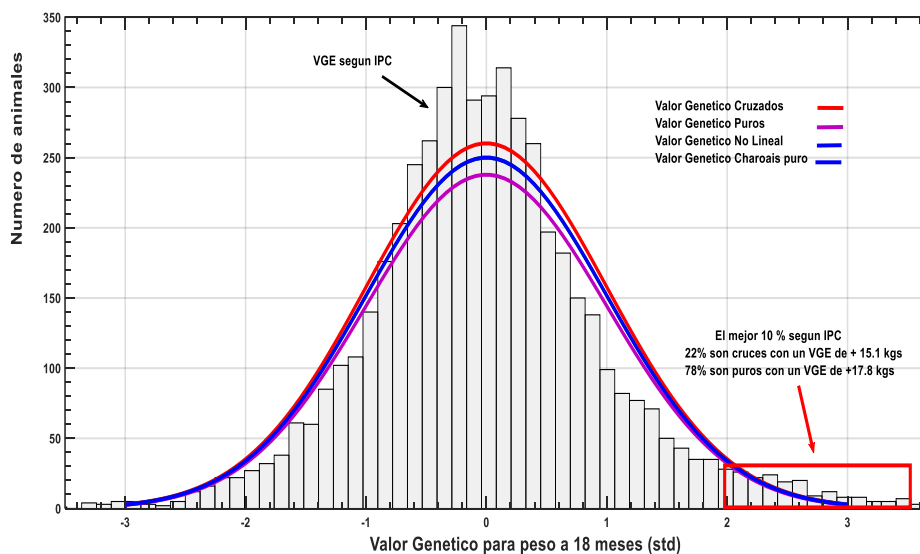


Figura 3. Distribución de frecuencia del VGE de los animales Charolas y Chacuba estimados por diferentes modelos y sintetizados en un Índice (IPC) y superioridad del mejor 10% de los animales.

Este procedimiento ha sido empleado con éxito en varios escenarios de ganado de carne, leche y es altamente recomendable en situaciones de análisis de poblaciones puras y cruzadas.

5. Durante el periodo de tiempo de realización de las PC los VGE han manifestado una tendencia global decreciente, pero con dos etapas con respuestas diferentes (figura 4).

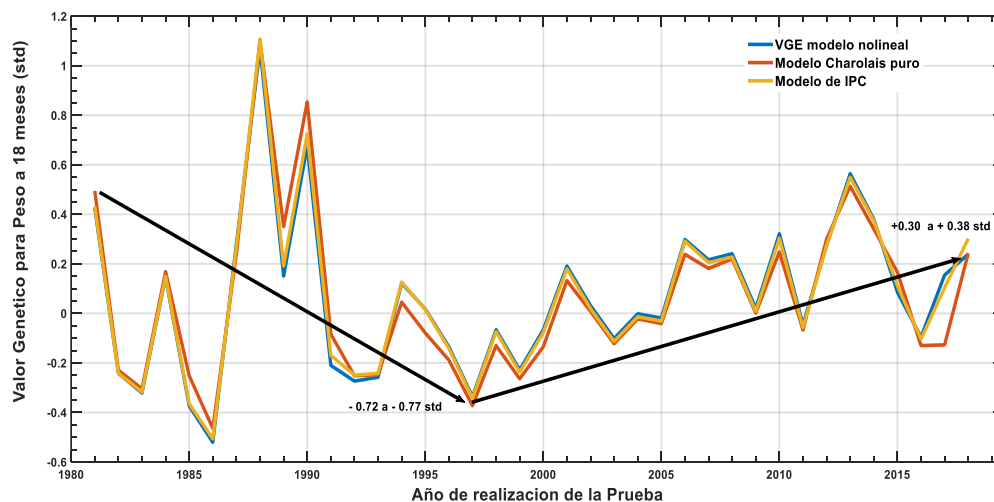


Figura 4. Evolución del VGE para peso a 18 meses de los animales llevados a la PC.

Entre 1981 y 1997 decreció el nivel del **VGE** en -0.76 std (equivalente a -4.01 kg) pero posteriormente la tendencia cambio y los animales nacidos en 2018(junto a 2019) manifestaron un modesto incremento de +0.39 std (+2.03 kg), analizado globalmente el **VGE** de los animales probados decrecieron en -0.41 std (-2.08 kg). Esta tendencia no es exactamente progreso genético el cual se debe medir en función del año de nacimiento, pero este indicador de momento no estaba disponible para todos los antecesores, no obstante, es alentador los resultados de los últimos 20 años.

Como generalización de estos resultados podemos decir que los mismos indican que cualquiera de los procedimientos empleados puede ser aplicados en el programa de mejora, luego vale la pena cuestionarse las posibles ventajas. En primer término, se ha demostrado que en un contexto de poblaciones cruzadas el **VGE** estimado independientemente en la raza pura mejoradora (Charolais), tiene poco efecto directo en el **VGE** de los cruzados tipo Chacuba. Sin embargo, cuando se incorporó el pedigrí de ambos genotipos y se utilizaron modelos no lineales y multivariado, no solo se estimó la correlación genética entre animales puros y cruzados ($r_g = 0.771$) que puede representar una herramienta de mucha importancia en función de la estrategia del programa de estos genotipos. Por otro lado, este enfoque posibilitó estimar el nivel de la heterosis para este rasgo en esta población que resultó ser **h** = +19.6ks que representa el 6.3% del **PV₁₈** estos dos parámetros son los primeros de este tipo obtenidos en Cuba, las pérdidas por recombinación génica no fueron significativamente diferentes de cero, aunque estos resultados deben ser tomado con cautela debido al estrecho rango de variación de los coeficientes de cruzamiento (tabla 1).

El aumento en el número de animales evaluados puede tener repercusión en la posible respuesta a la selección. Considérese por ejemplo que se requieren seleccionar 160 animales para reemplazo (130 para Charolais y 30 para Chacuba) según los resultados de la **PC** y el propósito es maximizar el progreso genético en las dos poblaciones. En tales condiciones y utilizando los resultados de este estudio los resultados se muestran en la tabla 7.

Tabla 7. Respuesta Directa y Correlacionadas en peso vivo (kg) a 18 meses de edad.

Raza	N	seleccionados	i	DSg	R Directa*	R Correlacionada
Charolais	5226	130	1.96	18.8	19.42(6.3%)	12.48(4.1%)
Chacuba	1346	30	2.01	19.6	22.28(7.1%)	
Total**	6548	160	1.97	18.6	19.25(6.3%)	17.41(5.7%)

*Entre paréntesis es el efecto respecto a la media en %. ** Se refiere al modelo multivariado.

Con los resultados de las **PC** de cada genotipo y el total del modelo multivariado, la respuesta directa a la selección se estima por $R_x = ih_x DS_{gx}$ en la cual **i** es la intensidad de selección, **h_x** es la raíz cuadrada de la heredabilidad y **DS_g** es la desviación estándar genética de cada **x** genotipo (tablas 2 y 3). En términos porcentuales los resultados esperados oscilaron entre +6.3% a +7.1%, tómesese en cuenta que los animales seleccionados solo transmiten la mitad de su **VGE**, de todas formas, un incremento en modo alguno despreciable. La respuesta directa del Charolais y Chacuba solo son aplicables a sus propias poblaciones, si esa es la estrategia de selección entonces tal como se apuntó previamente, no se puede predecir con precisión el impacto en el conjunto de ambos genotipos. En tal sentido se necesitará medir la respuesta

correlacionada la cual se estima por $RC_y = ih_x h_y r_g \sigma_{p_y}$ donde los términos tienen el mismo significado anterior pero relacionados con animales puros (\mathbf{x}) y cruzados (\mathbf{y}), σ_{p_y} es la raíz cuadrada de la varianza fenotípica total de los animales cruzados (tabla 3) y r_g es la correlación genética entre animales puros y cruzados.

Con tales elementos se estimó la respuesta correlacionada en animales puros y cruzados y los resultados indicaron (tabla 7) que el método de selección considerando los **VGE** de cada genotipo resultó el 61.1% de la respuesta directa con un estimado de +12.48 kg (esto es el resultado de la regresión $b=0.266$ del **VGE** del Charolais sobre el Chacuba que se indicó previamente). Por su parte, cuando se aplica el enfoque multi racial la respuesta fue +17.41 kg que equivale a un incremento del 39.5% respecto al método de análisis separado de cada genotipo.

CONCLUSIONES

- 1- El procedimiento de aplicar un modelo multi racial ha demostrado que puede producir múltiples beneficios adicionales, aunque en este ejemplo se ha limitado todas sus posibilidades pues la información disponible no contenía datos de pesos vivos a diferentes edades, los cuales pueden proporcionar una respuesta más amplia sobre la curva de crecimiento de estos genotipos.
- 2- Los resultados de este estudio han demostrado que un mismo rasgo evaluado en raza pura no corresponden con el mismo carácter en sus progenies cruzadas, aunque están correlacionados.
- 3- En programas de mejora genética donde se trata de incrementar la productividad de los animales locales mediante cruzamiento con razas especializadas, deben tomar en cuenta que los resultados del **VGE** en raza pura y en cruzamiento no son proporcionalmente equivalentes, en otras palabras, es una evidencia de interacción genotipo ambiente.
- 4- En un escenario en el cual las poblaciones cruzadas están emparentadas en diferente grado por antecesores comunes de la raza mejoradora, la evaluación conjunta mediante modelos multi variados es la opción más recomendable, la cual puede brindar resultados muy superiores con los mismos datos disponibles, respecto a la posible respuesta de un análisis individual de cada tipo de cruce.

REFERENCIAS

- Arnold J. W., J. K. Bertrand and L. L. Benyshek, (2002). Animal model for genetic evaluation of multibreed data. *J Anim Sci* 1992. 70:3322-3332.
- Ceró Rizo, M., Guerra, D., González, D., Corvisón, R., Rodríguez, M., González, F., y Bebert, G. (2011). Crecimiento postdestete en los machos del genotipo vacuno Chacuba. *Rev. Prod. Anim.*, 23 (2): 6.

- Espinoza-Villavicencio, L., Palacios-Espinosa, A., Guerra-Iglesias, D., González-Peña, D., Ortega-Pérez, R., y Rodríguez-Almeida, F. (2008). Comparación de dos modelos para la estimación de parámetros y valores genéticos del peso en ganado Cebú. *Agrociencia* 42: 29-36.
- García Cortez, L., and Ángel Toro, M. (2006). Multibreed analysis by splitting the breeding values. *Genet. Sel. Evol.* 38 (2006) 601–615
- Gilmour, A.R.; Gogel, R.B.J.; Cullis, B.R.; Thompson, R. (2009). *Asreml User Guide Release 3.0*; VSN International Ltd.: Hemel Hempstead, UK.
- Guerra, D., Rodríguez, M., Planas, T., Ramos, F., Ortiz, J., Torres, J., y Falcón, R. (2001). Evaluación genética de las razas vacunas de carne en Cuba. *Memorias. XVII Reunión de la Asociación Latinoamericana de Producción Animal (ALPA)*. La Habana, Cuba. p.1756-1759.
- Guillén Trujillo A., Guerra Iglesias, D., Ávila Serrano, N., González-Peña D., Palacios, A., de Luna, R. and Espinoza, J. (2011). Genetic parameters of growth traits in Cuban Zebu. *Cuban Journal of Agricultural Science*, Volume 45, Number (2):117-120
- Lukaszewicz M., Davis, R., Bertrand, J. K., Misztal, I., and Tsuruta S. (2015). Correlations between purebred and crossbred body weight traits in Limousin and Limousin–Angus populations. *J. Anim. Sci.*93:1490–1493
- Morales, Y., Guerra, D., Suárez, M.A., Rodríguez, M., González-Peña, D., y Ramos, F. (2013). Parámetros y tendencia genética en rasgos de crecimiento post destete de machos de la raza Santa Gertrudis. *Revista Cubana de Ciencia Agrícola*, Tomo 47, (1)7-13.
- Newman, S., Reverter, A., and Johnston D.J. (2002). Purebred crossbred performance and genetic evaluation of postweaning growth and carcass traits in *Bos indicus* × *Bos taurus* crosses in Australia. *J. Anim. Sci.* 80:1801–1808.
- Quaas, R.L., and Zhang, Z. (2006). Multibreed genetic evaluation in the US beef cattle context: Methodology. *Proc. 8th World Congr. Appl. Livest. Prod., Belo Horizonte, Brazil*. Communication 24-12 in CD.
- Vitezica, Z., Varona, L., Elsen, J.L., Misztal, I., Herring, W. and Legarra A. (2016). Genomic BLUP including additive and dominant variation in purebreds and F1 crossbreds, with an application in pigs. *Genet Sel Evol* 48:6 Page 2-8.