



Original

Selección multicarácter en bovinos lecheros cubanos

Multicharacter selection in Cuban dairy cattle

Arelis Hernández Rodríguez *, Raquel Ponce de León Sentí **

*Departamento de Rumiantes, Instituto de Ciencia Animal, Cuba.

**Departamento de Monogástricos, Instituto de Ciencia Animal, Cuba.

Correspondencia: arelishdez74@gmail.com

Recibido: Julio, 2024; Aceptado: Agosto, 2024; Publicado: Octubre, 2024.

RESUMEN

Objetivo. Realizar la selección multicarácter de rasgos de producción lechera, reproducción y longevidad, mediante la confección de índices de selección (IS) a través del análisis de componentes principales. **Materiales y métodos:** Se utilizaron los datos fenotípicos y genealógicos de hembras bovinas Mambí de Cuba (3/4 Holstein 1/4 Cebú), Siboney de Cuba (5/8 Holstein 3/8 Cebú) y Holstein con el propósito de realizar la selección multicarácter de rasgos de producción lechera, reproducción y longevidad, mediante la confección de índices de selección (IS) a través del análisis de componentes principales (CP). Se utilizó un modelo animal multicarácter para estimar los parámetros y valores genéticos (VG) de 5 445 vacas Mambí de Cuba, 6 425 Siboney de Cuba y 1 571 Holstein, para la producción de leche acumulada hasta los 305 días (VG_{L305}), duración de la lactancia (VG_{DL}), edad al primer parto (VG_{EP1}), intervalo parto gestación (VG_{IPG}), leche acumulada por vida (VG_{LTV}) y vida productiva (VG_{VP}). **Resultados:** Las correlaciones lineales entre los VG en las vacas Mambí con cada componente principal mostraron que VG_{L305} , VG_{LTV} y VG_{DL} están altamente relacionados con la CP_1 mientras que VG_{IPG} estuvo más asociado con la CP_2 . El VG_{VP} y VG_{EP1} estuvieron relacionados con la CP_3 . En el Siboney de Cuba VG_{L305} y VG_{DL} están altamente relacionados con la CP_1 mientras que el VG_{IPG} , VG_{LTV} y VG_{EP1} estuvieron más asociados con la CP_2 . El VG_{VP} estuvo relacionado con la CP_3 . En el Holstein VG_{L305} , VG_{DL} y VG_{LTV} estuvieron relacionados con la CP_1 , y VG_{IPG} y VG_{VP} con la CP_2 . **Conclusión:** En bovinos lecheros es posible construir índices de selección basados en los CP_{1-3} . Estos mostraron variación genética, por lo que podrían utilizarse en un programa de selección multicarácter.

Palabras clave: componentes principales, índices de selección, mejora genética (*Fuente: AGROVOC*)

Como citar (APA) Selección multicarácter en bovinos lecheros cubanos. (2024). *Revista De Producción Animal*, 36(2). <https://apm.reduc.edu.cu/index.php/rpa/article/view/e156>



©El (los) autor (es), Revista de Producción Animal 2020. Este artículo se distribuye bajo los términos de la licencia internacional Attribution-NonCommercial 4.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>), asumida por las colecciones de revistas científicas de acceso abierto, según lo recomendado por la Declaración de Budapest, la que puede consultarse en: Budapest Open Access Initiative's definition of Open Access.

ABSTRACT

Objective. To perform multi-trait selection for dairy production, reproduction and longevity traits by creating selection indices (SI) using principal component analysis. **Materials and methods:** Phenotypic and genealogical data from female Mambí de Cuba (3/4 Holstein 1/4 Zebu), Siboney de Cuba (5/8 Holstein 3/8 Zebu) and Holstein bovine animals were used for the purpose of multi-trait selection for dairy production, reproduction and longevity traits by creating selection indices (SI) using principal component analysis (PC). A multi-trait animal model was used to estimate the genetic parameters and values (GV) of 5 445 Mambí cows from Cuba, 6 425 Siboney cows from Cuba and 1 571 Holstein cows for cumulative milk production up to 305 days (VGL305), lactation duration (VGDL), age at first calving (VGEP1), calving-gestation interval (VGIPG), cumulative milk per lifetime (VGLTV) and productive life (VGVP). **Results:** Linear correlations between GVs in Mambí cows with each principal component showed that VGL305, VGLTV and VGDL are highly related to CP1 while VGIPG was more associated with CP2. VGVP and VGEP1 were related to CP3. In Siboney de Cuba VGL305 and VGDL are highly related to CP1 while VGIPG, VGLTV and VGEP1 were more associated with CP2. VGVP was related to CP3. In Holstein VGL305, VGDL and VGLTV were related to CP1, and VGIPG and VGVP to CP2. **Conclusion:** In dairy cattle it is possible to construct selection indices based on CP1-3. These showed genetic variation, so they could be used in a multi-trait selection program.

Keywords: principal components, selection indices, genetic improvement (*Source: AGROVOC*)

INTRODUCCIÓN

Las dos herramientas básicas con que cuenta el genetista y el ganadero para ayudar a incrementar la productividad de su hato en un programa de mejoramiento genético animal son la combinación de los sistemas de apareamiento y la selección (Ossa, 1998).

Los índices de selección tradicionales (Hazel, 1943) son utilizados para seleccionar los animales por combinaciones lineales de los valores genéticos con los pesos económicos. A pesar de que esta metodología se ha utilizado por diversos autores (Betancur-Zambrano *et al.*, 2012; Peripolli *et al.*, 2016), en ocasiones resulta difícil obtener los pesos económicos, por lo que recientemente se ha incorporado el uso del análisis de componentes principales (CP), en la construcción de índices de selección en el ganado lechero (Bignardi *et al.*, 2012; Khan *et al.*, 2013). Se plantea que el análisis de CP permite reducir la dimensionalidad de las variables, facilita la interpretación de datos en unos pocos componentes principales e identifica el tipo de relación entre las variables originales.

Los índices de selección son ampliamente utilizados, variando en cada país el énfasis que se le da a cada una de las características incluidas; por lo general se combinan características de producción, reproducción, conformación, tipo, salud, longevidad y fertilidad (Betancur-Zambrano *et al.*, 2012)

A pesar de que varios estudios demostraron que la selección solo por producción lechera causa efectos negativos en la salud de la ubre (Heringstad *et al.*, 2003) y el comportamiento reproductivo (Haile-Mariam *et al.*, 2003; Kadarmideen *et al.*, 2003), en bovinos lecheros cubanos

el criterio de selección utilizado es únicamente la producción de leche. Por ello, el objetivo del presente trabajo fue realizar la selección multicarácter de rasgos de producción lechera, reproducción y longevidad, mediante la confección de índices de selección (IS) a través del análisis de componentes principales.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se utilizó la información de la producción lechera y la reproducción, que se registró en el Sistema de Control Pecuario (SISCOP), de las vacas Mambí de Cuba ($\frac{3}{4}$ Holstein $\frac{1}{4}$ Cebú) que tuvieron sus partos entre los años 1986 al 2016, Siboney de Cuba ($\frac{5}{8}$ Hostein $\frac{3}{8}$ Cebú) con partos entre los años 1984 al 2016 y Holstein con partos entre 1984 al 2016. Estas vacas se ubicaron en tres ganaderías (Empresa Pecuaría Genética de Matanzas en la provincia de Matanzas, Los Naranjos en Mayabeque y Camilo Cienfuegos de Pinar del Río) de la región occidental de la República de Cuba.

Se utilizaron los registros de los animales vivos y también los de aquellos que habían causado baja. A partir del fichero de datos de la producción lechera (vivas + bajas) se obtuvieron los rasgos: producción de leche acumulada hasta los 305 días (L305), duración de la lactancia (DL) y edad al primer parto (EP1). Mientras que, del fichero de datos de la reproducción (vivas + bajas) se calculó el intervalo parto gestación (IPG). Del fichero de bajas de la producción lechera se calculó la leche acumulada por vida (LTV); así como el rasgo de longevidad denominado vida productiva (VP) determinada como los meses del primer al último parto.

Edición de los datos y grupos de contemporáneos

Para garantizar una mayor precisión en la estimación de los parámetros genéticos, se eliminaron aquellos datos con bajas frecuencias, como las lactancias con menos de 30 días, las edades al primer parto inferiores a los 24 meses, las producciones de leche con menos de 100 kg, los IPS e IPG inferiores a los 24 días y los IPP inferiores a los 300 días. Las lactancias superiores a la décima se agruparon en esta última. El fichero de pedigrí quedó conformado por un total de 153 963 individuos.

Se utilizó el método de mínimos cuadrados en un modelo lineal general (GLM) mediante el paquete estadístico SAS (2010) versión 9.3 (SAS Institute, Cary, NC, USA) para definir los efectos fijos significativos ($P < 0.01$) a incluir en el grupo de contemporáneos (GC). Se consideró la combinación de rebaño-año-época de parto, como GC y se eliminaron aquellos grupos conformados por menos de 3 animales. Se determinaron dos épocas de parto: la lluviosa (de mayo a octubre) y la poco lluviosa (de noviembre a abril).

En la tabla 1 se muestra el número de observaciones utilizado en cada fichero de datos, la cantidad de animales, el número de grupos de contemporáneos (GC), los años de parto (AP), las medias y desviaciones estándar para cada rasgo.

Tabla 1. Número de observaciones (N), años de parto (AP), media y desviación estándar (DE) en rasgos de la producción de leche, la reproducción y la longevidad de vacas Mambí de Cuba, Siboney de Cuba y Holstein.

Rasgos	N	Vacas	Toros	GC	AP	Media	DE
Mambí de Cuba							
L305 (kg)	46 260	13 945	249	4 410	1987-2016	1861,19	857,06
DL (días)	46 260	13 945	249	4 410	1987-2016	280,83	93,20
LTV (kg)	10 549	10 549	242	2 951	1984-2015	5591,95	4904,87
EP1(meses)	10 542	10 542	226	2 509	1987-2015	51,48	19,75
IPG (días)	54 113	15 339	271	6 104	1985-2016	201,80	150,12
VP (meses)	8 072	8 072	235	2 474	1984-2014	49,84	29,19
Siboney de Cuba							
L305 (kg)	47 567	17 235	348	3 292	1987-2016	1545,55	805,62
DL (días)	47 567	17 235	348	3 292	1987-2016	271,89	83,07
LTV (kg)	13 171	13 171	339	2 553	1984-2015	3894,70	3741,95
EP1(meses)	14 383	14 383	332	1 899	1987-2016	45,10	15,07
IPG (días)	47 032	14 118	313	3 915	1986-2016	232,51	170,70
VP (meses)	8 437	8 437	228	1 586	1984-2014	47,46	26,77
Holstein							
L305 (kg)	29 480	25 959	672	4 110	1987-2015	2415,99	1160,94
DL (días)	29 480	25 959	672	4 110	1987-2015	290,99	78,74
LTV (kg)	31 386	31 386	718	5 235	1984-2015	2833,75	1566,29
EP1(meses)	21 695	21 695	585	3 025	1987-2015	34,81	12,00
IPG (días)	12 060	3 721	353	2 786	1986-2015	262,25	187,79
VP (meses)	1 920	1 920	284	897	1984-2013	46,83	28,70

L305: Producción de leche acumulada hasta los 305 días; DL: Duración de la lactancia; LTV: Leche acumulada por vida; EP1: Edad al primer parto; IPG: Intervalo parto gestación; VP: Vida productiva

Se empleó el programa ASREML (Gilmour *et al.*, 2003) para estimar los valores genéticos. Se empleó el siguiente modelo animal multicarácter:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \\ y_4 \\ y_5 \\ y_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & x_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & x_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & x_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & x_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & x_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \\ b_4 \\ b_5 \\ b_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} z_1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & z_2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & z_3 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & z_4 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & z_5 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & z_6 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ a_4 \\ a_5 \\ a_6 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \\ e_4 \\ e_5 \\ e_6 \end{bmatrix}$$

Donde:

y_i = vector de las observaciones para el i -ésimo rasgo, b_i = vector de los efectos fijos (rebaño-año-época de parto y la edad al parto como covariable lineal y cuadrática) para el i -ésimo rasgo, a_i = vector de los efectos aleatorios del animal para el i -ésimo rasgo,

e_i =vector de los efectos residuales aleatorios para el i -ésimo rasgo, x_i y Z_i = matrices de diseño que relacionan los datos con los efectos fijos y aleatorios, respectivamente

Los VG estimados se importaron al paquete estadístico SAS (2010) versión 9.3 (SAS Institute, Cary, NC, USA) y posteriormente se unieron todos los ficheros dejando solo aquellas vacas que tuvieron información de los VG para todos los rasgos estudiados. El fichero final presentó un total de 5 445 vacas Mambí de Cuba, 6 425 Siboney de Cuba y 1 571 Holstein.

El análisis de componentes principales se realizó mediante el paquete estadístico SPSS (2002) versión 11.5. Este análisis se realizó como una vía para condensar o resumir la información contenida en varias variables originales (en este caso los VG) en un conjunto más pequeño de nuevas dimensiones compuestas o variantes llamadas componentes principales, con una pérdida mínima de información, y para explorar las relaciones entre los VG obtenidos (VGL305, VGDL, VGLTV, VGEP1, VGIPG, VGVP,) para explicar la estructura de los datos (Hair *et al.*, 2009).

Debido a las diferencias en las unidades de medida, los VG para todos los rasgos se estandarizaron usando la distribución normal estándar ('z'). Se utilizó el criterio de Kaiser (1960) para seleccionar el componente principal que explica la mayor variación genética de los datos. Este criterio toma en consideración solo aquellos componentes principales con valores propios por encima de la unidad. El valor propio de un componente principal está asociado con la varianza de todos los rasgos incluidos en el componente principal. Cada valor propio está asociado con un vector unitario llamado vector propio. Los vectores propios representan la fortaleza y dirección de la varianza de cada rasgo con el componente principal. En el presente trabajo se utilizó una matriz de correlación de variables para obtener los valores propios.

Al utilizar los VG estandarizados en este análisis, cada componente principal puede generar un nuevo valor denominado puntuación del componente principal, el cual es la suma de los VG estandarizados del peso de cada rasgo por su respectivo coeficiente de puntuación estandarizado (SSC). De esta forma, el componente principal puede ser usado como un índice para evaluar animales, para múltiples rasgos. Los coeficientes de puntuación estandarizados de cada VG en cada componente principal se obtuvieron utilizando la siguiente fórmula:

$$SSC_{ij} = \frac{\text{vector propio } ij}{\sqrt{\text{valor propio } j}}$$

Donde:

SSC_{ij} = Coeficientes de puntuación estandarizados de los VG de cada rasgo en el *j*-ésimo componente principal

La puntuación del componente principal (índice) se calculó como: $CP_{jl} = \sum SSC_{ij} VG_{il}$

Donde:

CP_{jl} = Puntuación del componente principal (puntuación del índice) para el l -ésimo animal en el j -ésimo componente principal, SSC_{ij} = Coeficientes de puntuación estandarizados de los VG del i -ésimo rasgo en el j -ésimo componente principal,

VG_{il} = Valor genético estimado estandarizado del i -ésimo rasgo en el l -ésimo animal

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La confección de los índices de selección tradicionales en ocasiones resulta difícil por no disponer de los pesos económicos, además estos están sujetos a constantes variaciones del mercado. Una alternativa fue incorporar el análisis de componentes principales en la construcción de índices de selección. Buzanskas *et al.* (2013) expusieron que el uso de los CP es una metodología para construir combinaciones lineales entre los valores genéticos de los rasgos disponibles en una base de datos, tomando en consideración los valores propios del componente principal y los vectores propios de los rasgos en cada componente principal, los cuales son medidas de variabilidad. Dentro de las ventajas de su uso se destaca que rasgos con bajos estimados de heredabilidad, que raramente son tomados en consideración en un proceso de selección directa, pueden incluirse en el componente principal.

En el Mambí de Cuba los componentes principales 1 y 2 (CP_1 , CP_2) fueron los que obtuvieron el criterio de Kaiser (tabla 2) y el componente 3 (CP_3) presentó un valor cercano a 1 por lo que también se seleccionó. De las 6 dimensiones originales (por ejemplo: VG_{L305} , VG_{DL} , VG_{LTV} , VG_{EP1} , VG_{IPG} , VG_{VP}), el 69.6 % de la varianza total de los VG fue explicada por los CP_1 al CP_3 . El CP_1 fue el de mayor aporte, este explicó el 33.5% de la varianza total. En el Siboney de Cuba los tres primeros componentes principales (CP_1 , CP_2 , CP_3) fueron los que obtuvieron el criterio de Kaiser. El 70.8 % de la varianza total de los VG fue explicada por los CP_{1-3} , siendo el CP_1 el de mayor aporte pues explicó el 32.4 % de la varianza total. Mientras que, en el Holstein los dos primeros componentes principales (CP_1 , CP_2) fueron los que obtuvieron el criterio de Kaiser. Estos explicaron el 53.7 % de la varianza total de los VG.

Tabla 2. Valores propios para cada componente principal, proporción total y acumulada de la varianza genético aditiva, del primer al sexto componente principal (CP_{1-6}), en vacas Mambí de Cuba, Siboney de Cuba y Holstein.

Componentes	Valores propios		
	Total	% de la varianza genético aditiva	% acumulado
Mambí de Cuba			
CP₁	2,015	33,5	33,5
CP₂	1,173	19,5	53,1
CP₃	0,988	16,4	69,6
CP₄	0,869	14,4	84,0
CP₅	0,589	9,82	93,9
CP₆	0,366	6,09	100
Siboney de Cuba			
CP₁	1,945	32,414	32,414

CP₂	1,252	20,862	53,276
CP₃	1,055	17,585	70,861
CP₄	0,765	12,743	83,604
CP₅	0,662	11,038	94,642
CP₆	0,321	5,358	100,000
Holstein			
CP₁	2,098	34,972	34,972
CP₂	1,127	18,781	53,753
CP₃	0,974	16,232	69,985
CP₄	0,938	15,632	85,617
CP₅	0,509	8,479	94,096
CP₆	0,354	5,904	100,000

Khan *et al.* (2013) en el ganado Vrindavani (de 50 a 75% de Holstein-Friesian, Brown Swiss, Jersey - 25 a 50% de ganado Hariana) de la India, apreciaron que los 3 primeros componentes principales explicaron el 93.08% de la varianza total. En la raza Nelore, los tres primeros CP explicaron el 100% de la varianza genética aditiva de nueve rasgos relacionados con la producción de carne (Boligon *et al.*, 2013). Estos resultados probablemente se deban a que, en el primer caso, sólo se utilizaron rasgos de la producción lechera (producciones de leche parciales a 100, 170 y 240 días en la primera lactancia, en la segunda lactancia y sus respectivas producciones totales), y en el segundo caso, solamente rasgos de la producción de carne.

Los resultados del presente trabajo se corresponden con otros donde también se demostró que con el uso del análisis de CP se puede reducir la dimensionalidad de los rasgos. De acuerdo a los estudios Bignardi *et al.* (2012) en vacas Holstein, solo se requerían dos CP para resumir la variación genética de los toros entre los 10 rasgos evaluados (10 producciones mensuales de leche). También en vacas Canchim, Buzanskas *et al.* (2013) reportaron que el 73.37% de la varianza total de los VG de tres rasgos reproductivos y uno de crecimiento era explicada por dos CP. Por su parte, Agudelo-Gómez *et al.* (2015) observaron que los tres primeros CP explicaron el 65.78% de la varianza original de los valores genéticos para la producción lechera a 270 días, la edad al primer parto, el peso al destete y el peso a diferentes edades (12, 18 y 24 meses).

Las correlaciones lineales entre los VG de los rasgos estudiados con cada componente principal (tabla 3) mostraron que en el Mambí de Cuba los rasgos relacionados con la producción de leche y la duración de la lactancia están altamente relacionados con la CP₁ mientras que el rasgo reproductivo estuvo más asociado con la CP₂. La VP y la EP1 estuvieron relacionadas con la CP₃. Así el CP₁ pudiera ser interpretado como un índice genético relacionado a los rasgos de producción lechera y duración de la lactancia, mientras que el CP₃ pudiera ser un índice genético relacionado a la longevidad y la edad al primer parto. En este sentido, pudiera ser mejor seleccionar los animales para IPG considerando solo su VG en vez de usar el índice del CP₂.

Tabla 3. Correlaciones lineales de los VG estandarizados con el componente principal 1 al 3 (CP₁₋₃), en vacas Mambí de Cuba, Siboney de Cuba y Holstein.

VG	CP ₁	CP ₂	CP ₃
Componentes en el Mambí de Cuba			
VG _{L305}	0,843	0,067	0,030
VG _{DL}	0,842	0,189	-0,034
VG _{LTV}	0,641	-0,457	0,027
VG _{IPG}	0,368	0,633	0,066
VG _{VP}	0,141	-0,572	0,635
VG _{EP1}	-0,169	0,444	0,760
Componentes en el Siboney de Cuba			
VG	CP ₁	CP ₂	CP ₃
VG _{L305}	0,867	-0,100	0,004
VG _{DL}	0,881	-0,005	-0,043
VG _{LTV}	0,405	0,586	-0,320
VG _{IPG}	0,448	-0,654	0,039
VG _{VP}	0,083	-0,015	0,917
VG _{EP1}	0,214	0,686	0,331
Componentes en el Holstein			
VG	CP ₁	CP ₂	CP ₃
VG _{L305}	0,842	-0,159	
VG _{DL}	0,717	0,337	
VG _{LTV}	0,728	-0,478	
VG _{IPG}	0,284	0,564	
VG _{VP}	0,255	0,639	
VG _{EP1}	-0,446	0,184	

Las correlaciones lineales entre los VG de los rasgos estudiados en las vacas Siboney de Cuba con cada componente principal mostraron que los rasgos relacionados con la producción de leche y la duración de la lactancia están altamente relacionados con la CP₁ mientras que el IPG, LTV y EP1 estuvieron más asociados con la CP₂. La VP estuvo relacionada con la CP₃. Así el CP₁ pudiera ser interpretado como un índice genético relacionado a los rasgos de producción lechera y duración de la lactancia, mientras que el CP₂ pudiera ser un índice genético relacionado a la reproducción y la producción lechera por vida. En el caso del CP₃ sería mejor seleccionar los animales considerando solo su VG para VP, en vez de usar un índice, dado que las correlaciones de los VG del resto de los rasgos con esta componente fueron bajas.

Las correlaciones lineales entre los VG de los rasgos estudiados en las vacas Holstein con cada componente principal mostraron que los rasgos relacionados con la producción de leche y la duración de la lactancia están altamente relacionados con la CP₁ mientras que el IPG y VP estuvieron más asociados con la CP₂.

Los pesos de estos índices son coeficientes de puntuación estandarizados (SSC) para cada VG estandarizado de las vacas de las tres razas estudiadas (tabla 4). El mayor de los valores absolutos del SSC es el de mayor importancia relativa de los VG estandarizados en el componente

principal. Esta importancia es explicada por la mayor correlación lineal entre los rasgos con el componente principal (tabla 3).

La puntuación del componente principal (valor del índice) para cada animal Mambí de Cuba, en cada componente principal, fue calculada como:

$$CP_1 = 0.418 (VG_{L305}) + 0.418 (VG_{DL}) + 0.318 (VG_{LTV})$$

$$CP_3 = 0.643 (VG_{VP}) + 0.770 (VG_{EPI})$$

La puntuación del componente principal (valor del índice) para cada animal Siboney de Cuba, en cada componente principal, fue calculada como:

$$CP_1 = 0.446 (VG_{L305}) + 0.453 (VG_{DL})$$

$$CP_2 = 0.469 (VG_{LTV}) - 0.522 (VG_{IPG}) + 0.548 (VG_{EPI})$$

La puntuación del componente principal (valor del índice) para cada animal Holstein, en cada componente principal, fue calculada como:

$$CP_1 = 0.401 (VG_{L305}) + 0.342 (VG_{DL}) + 0.347 (VG_{LTV})$$

$$CP_2 = 0.500 (VG_{IPG}) + 0.567 (VG_{VP})$$

Tabla 4. Coeficientes de puntuación estandarizados (SSC) de cada VG estimado estandarizado para todos los rasgos en cada componente principal (CP₁₋₃), en vacas Mambí de Cuba Siboney de Cuba y Holstein.

VG	SSC (CP ₁)	SSC (CP ₂)	SSC (CP ₃)
Mambí de Cuba			
VG _{L305}	0,418	0,057	0,030
VG _{DL}	0,418	0,161	-0,034
VG _{LTV}	0,318	-0,389	0,028
VG _{IPG}	0,183	0,539	0,067
VG _{VP}	0,070	-0,487	0,643
VG _{EPI}	-0,084	0,379	0,770
Siboney de Cuba			
VG _{L305}	0,446	-0,080	0,004
VG _{DL}	0,453	-0,004	-0,041
VG _{LTV}	0,208	0,469	-0,303
VG _{IPG}	0,230	-0,522	0,037
VG _{VP}	0,043	-0,012	0,869
VG _{EPI}	0,110	0,548	0,313
Holstein			
VG _{L305}	0,401	-0,141	
VG _{DL}	0,342	0,299	
VG _{LTV}	0,347	-0,424	
VG _{IPG}	0,135	0,500	

VG_{VP}	0,122	0,567	
VG_{EP1}	-0,213	0,164	

La selección de vacas Mambí de Cuba para VG_{L305} , VG_{LTV} y VG_{DL} mediante la CP_1 podría realizarse por separado de la selección para VG_{EP1} y VG_{VP} a través de la CP_3 considerando la correlación lineal entre los VG con cada componente principal (Tabla 3). La selección para IPG puede realizarse directamente por su valor genético. Estos resultados también se corresponden con las correlaciones genéticas entre los rasgos estudiados (Hernández *et al.*, 2011), que revelaron una correlación genética media entre L305, LTV y DL (0.33 a 0.46) y entre EP1 y VP (-0.56); mientras que las correlaciones genéticas entre estos cinco rasgos y el IPG fueron bajas (entre 0.12 y 0.26) por lo que cambiarán casi independientemente.

Mientras que la selección de vacas Siboney de Cuba para VG_{L305} y VG_{DL} mediante la CP_1 podría realizarse por separado de la selección para VG_{IPG} , VG_{EP1} y VG_{LTV} a través de la CP_2 considerando la correlación lineal entre los VG con cada componente principal (Tabla 3). La selección para VP puede realizarse directamente por su valor genético.

En el Holstein, la selección para VG_{L305} , VG_{LTV} y VG_{DL} mediante la CP_1 podría realizarse por separado de la selección para VG_{IPG} y VG_{VP} a través de la CP_2 considerando la correlación lineal entre los VG con cada componente principal (Tabla 3).

Con el uso del análisis de componentes principales se pueden seleccionar los animales en base a solo dos puntajes generados (en el Mambí de Cuba por las CP_1 y CP_3 ; y en el Siboney de Cuba y el Holstein por las CP_1 y CP_2) en lugar de los seis valores genéticos. Según Buzanskas *et al.*, (2013) cuando se utiliza este enfoque, los animales se pueden seleccionar de una manera equilibrada una vez que los puntajes de cada componente principal son combinaciones lineales de todos los valores genéticos de los rasgos evaluados, y no pesos empíricos típicamente utilizados en programas de mejora.

En vacas Mambí de Cuba, CP_1 puede considerarse un índice genético de producción lechera porque favorece a los animales genéticamente superiores para VG_{L305} , VG_{LTV} y VG_{DL} ; mientras que el CP_3 puede ser un índice genético relacionado a la longevidad y la edad al primer parto. La mayor variabilidad para VG_{L305} , VG_{LTV} y VG_{DL} puede explicarse por el hecho de que actualmente solo se hace énfasis en la selección por VG_{L305} y no se aplica una alta intensidad de selección. Es importante tener en cuenta que los VG_{EP1} negativos en la CP_1 son interesantes porque el objetivo es reducir la edad al primer parto pues este rasgo presenta una correlación genética media con la producción de leche acumulada por vida (-0.37) y la longevidad (-0.56), así que cambiarán juntos de alguna forma, pero en sentido contrario.

En vacas Siboney de Cuba la CP_1 puede considerarse un índice genético de producción lechera porque favorece a los animales genéticamente superiores para VG_{L305} y VG_{DL} ; mientras que el

CP₂ puede ser un índice genético relacionado a la reproducción y producción lechera por vida. Por su parte, en el Holstein la CP₁ puede considerarse un índice genético de producción lechera porque favorece a los animales genéticamente superiores para VG_{L305}, VG_{LTV} y VG_{DL}; mientras que el CP₂ puede ser un índice genético relacionado a la reproducción y la longevidad.

CONCLUSIÓN

Se concluye que en bovinos lecheros (Mambí de Cuba, Siboney de Cuba y Holstein) es posible construir índices de selección basados en los CP₁₋₃. Estos mostraron variación genética, por lo que podrían ser utilizados en un programa de selección multicaácter.

REFERENCIAS

- Agudelo-Gómez, D., Pineda-Sierra, S., & Cerón-Muñoz, M. F. (2015). Genetic evaluation of dual-purpose buffaloes (*Bubalus bubalis*) in Colombia using principal component analysis. *PloS one*, 10(7), e0132811. <http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0132811>
- Betancur-Zambrano, M. F., Páez-Ordóñez, K. N., Solarte-Portilla, C., & Osejo-Rosero, E. (2012). Construction of selection indices for Holstein cattle in the high tropic of Nariño. *Investigación Pecuaria*. <http://395 texto del artículo-1466-1-10-20121026.pdf>
- Bignardi, A. B., El Faro, L., Rosa, G. J. M., Cardoso, V. L., Machado, P. F., & Albuquerque, L. G. D. (2012). Principal components and factor analytic models for test-day milk yield in Brazilian Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, 95(4), 2157-2164. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22459860>
- Boligon, A. A., Bignardi, A. B., Mercadante, M. E. Z., Lôbo, R. B., & Albuquerque, L. G. (2013). Principal components and factor analytic models for birth to mature weights in Nellore cattle. *Livestock Science*, 152(2-3), 135-142. <http://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=US201400055887>
- Buzanskas, M. E., Savegnago, R. P., Grossi, D. A., Venturini, G. C., Queiroz, S. A., Silva, L. O. C., ... & Alencar, M. M. (2013). Genetic parameter estimates and principal component analysis of breeding values of reproduction and growth traits in female Canchim cattle. *Reproduction, Fertility and Development*, 25(5), 775-781. <http://dx.doi.org/10.1071/RD12132>
- Gilmour, A. R., Gogel, B. J., Cullis, B. R., & Thompson, R. (2009). ASReml user guide release 1.10. <https://www.vsni.co.uk/downloads/asreml/release1/doc/UserGuide.pdf>

- Haile-Mariam, M., Bowman, P. J., & Goddard, M. E. (2003). Genetic and environmental relationship among calving interval, survival, persistency of milk yield and somatic cell count in dairy cattle. *Livestock production science*, 80(3), 189-200. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(02\)00188-4](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(02)00188-4)
- Hair, J. F., Black, W. C., Babin, B. J., Anderson, R. E., & Tatham, R. L. (2009). *Multivariate data analysis*. 7th Edition, Prentice Hall, Upper Saddle River, 761. <https://www.pearson.com/us/higher-education/program/Hair-Multivariate-Data-Analysis-7th-Edition/PGM263675.html>
- Hazel, L. N. (1943). The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28(6), 476-490. <http://www.genetics.org/content/28/6/476>
- Heringstad, B., Chang, Y. M., Gianola, D., & Klemetsdal, G. (2003). Genetic analysis of longitudinal trajectory of clinical mastitis in first-lactation Norwegian cattle. *Journal of Dairy Science*, 86(8), 2676-2683. https://www.researchgate.net/profile/Daniel_Gianola/publication/105977-40_Genetic_Analysis_of_Longitudinal_Trajectory_of_Clinical_Mastitis_in_FirstLactation_Norwegian_Cattle/links/00b7d52532f41e21c8000000.pdf
- Hernández, A., Ponce de León, R., García, S. M., García, R., Mora, M., Gutiérrez, M., & Guzmán, G. (2011). Parámetros genéticos en rasgos de la producción lechera y la longevidad de vacas Mambí de Cuba. *Archivos de zootecnia*, 60(231), 513-520. <https://dx.doi.org/10.4321/S0004-05922011000300040>
- Kadarmideen, H. N., Thompson, R., Coffey, M. P., & Kossaibati, M. A. (2003). Genetic parameters and evaluations from single-and multiple-trait analysis of dairy cow fertility and milk production. *Livestock Production Science*, 81(2-3), 183-195. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(02\)00274-9](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(02)00274-9)
- Kaiser, H. F. (1960). The application of electronic computers to factor analysis. *Educational and psychological measurement*, 20(1), 141-151. <https://doi.org/10.1177/001316446002000116>
- Khan, T. A., Tomar, A. K. S., & Dutt, T. (2012). Prediction of lifetime milk production in synthetic crossbred cattle strain Vrindavani of North India. *Indian Journal of Animal Sciences*, 82(11), 1367. <https://www.researchgate.net/publication/290530985>
- Khan, T. A., Tomar, A. K. S., Dutt, T., & Bhushan, B. (2013). Principal component regression analysis in lifetime milk yield prediction of crossbred cattle strain Vrindavani of North India. *Indian Journal of Animal Sciences*, 83(12), 1288-1291. <https://www.researchgate.net/publication/265422056>

Hernández Rodríguez¹, A., Ponce de León Sentí, R.

Ossa, G. (1998). La selección herramienta del mejoramiento genético. *Revista CORPOICA*. <https://agriperfiles.agri-d.net/display/AS-pub33D846B4BE39AA8B2689E021A49749CD>

Peripolli, E., Oliveira, M. S. L., Baldi, F., Pereira, A. S. C., Vercesi, A. E., & Albuquerque, L. G. (2016). Valores económicos para sistemas de recria e engorda de bovinos Nelore e cruzado. *Archivos de zootecnia*, 65(250), 145-154. <https://doi.org/10.21071/az.v65i250.481>

CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

Concepción y diseño de la investigación: AHR, RPLS; análisis e interpretación de los datos: AHR, RPLS; redacción del artículo: AHR, RPLS.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran que no existen conflicto de intereses.