

**EVALUACIÓN DE HERRAMIENTAS PARA DESARROLLAR UN PROGRAMA DE  
MEJORAMIENTO GENÉTICO EN LA RAZA BLANCO OREJINEGRO (BON)**

**Edison Julián Ramírez Toro**

**Director**

**Zoot, Dr. Mario Fernando Cerón-Muñoz  
Profesor Universidad de Antioquia**

**Co-Director**

**Zoot, PhD. Rodrigo Alfredo Martínez Sarmiento  
Investigador AGROSAVIA**

**Miembro del Comité tutorial**

**MV, PhD. Mauricio Elzo  
Profesor Universidad de la Florida**

**Grupo de Investigación  
GAMMA**

**Doctorado en Ciencias Animales  
Facultad de Ciencias Agrarias  
Universidad de Antioquia**

**2019**

## **Agradecimientos**

Agradezco a Dios por darme la oportunidad de estar en el lugar y con las personas adecuadas para poder cumplir con mis sueños y desarrollarme como persona y como profesional.

A mi familia donde crecí, la cual generó en mí esa chispa para mirar adelante y siempre pensar en que hacer las cosas bien, es la mejor opción para generar cambios positivos en la sociedad y mejorar de alguna manera las oportunidades.

A mi esposa e hijas que con paciencia han tenido que soportar largas jornadas de mi ausencia, y que han sido ese apoyo moral para avanzar en el desarrollo del trabajo y terminarlo de la mejor manera.

Un agradecimiento muy especial para dos instituciones que en conjunto hicieron posible la realización de este trabajo; Instituciones que siempre se han caracterizado por defender el uso de los recursos criollos y donde se emprendió el trabajo en pro de mejorar la raza BON: La primera es la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA), institución para la cual laboro y que me permitió tener ese espacio de tiempo para la realización del presente trabajo. Y la segunda, mi Alma Máter la Universidad de Antioquia, especialmente la Facultad de Ciencias Agrarias que puso a disposición los recursos necesarios para la ejecución y realización exitosa del presente trabajo.

Un agradecimiento al grupo GAMMA de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad de Antioquia, el cual me ha abierto sus puertas desde el trabajo de pregrado y del que me siento muy orgulloso de participar desde el año 2003. A todos sus integrantes que de alguna manera contribuyeron en mi proceso de formación y en el

desarrollo del presente trabajo. También agradezco al grupo de Recursos Genéticos de AGROSAVIA, al que pertenezco desde mi vinculación a la corporación y que han sido mi apoyo durante la realización del presente trabajo; fue allí donde se gestó la idea de este trabajo y ha sido el hilo conductor de la ejecución del programa de mejoramiento genético en razas criollas en Colombia. A todos los compañeros del grupo de recursos genéticos que han aportado desde cada una de sus áreas de conocimiento y desde su experiencia para que este trabajo sea realizado de manera exitosa y que genere un impacto positivo para los productores de la raza BON del país.

Ai Sistema de Bancos de Germoplasma de la Nación para la Alimentación y la Agricultura (SBGNAA), por suministrar parte de la información utilizada. También al proyecto “Recomendaciones tecnológicas basadas en sistemas integrados de forrajes, alimentación, salud, reproducción, genética y ambiente que permitan mejorar la competitividad de los sistemas ganaderos de carne y leche en los Valles Interandinos”, que pertenece a la agenda de investigación de la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA).

A todos los compañeros del Centro de Investigación El Nus, que han sido un gran apoyo en el desarrollo del trabajo, especialmente al director del Centro Juan Fernando Toro Tobón, por su apoyo incondicional para la realización de este trabajo.

A Colciencias y la Universidad de Antioquia por el apoyo financiero para el desarrollo del Doctorado.

A los profesores Mauricio Elzo y Gerson Barreto por darme un espacio de trabajo y compartir conmigo su conocimiento durante la realización de la pasantía.

A todos los compañeros de los grupos de trabajo en Brasil y Estados Unidos con los cuales compartí, ellos hicieron que mi estadía lejos de casa fuera más tranquila y llena de experiencias y conocimiento.

Al Profesor Mario Fernando Cerón Muñoz por ser mi formador, tutor y guía en las áreas de la ciencia desde mis inicios, por vincularme a este maravilloso grupo de trabajo, por ayudarme a entender que la disciplina y la constancia son la clave para conseguir resultados positivos en la vida.

Al Doctor Rodrigo Alfredo Martínez por creer en mi como profesional y creer que los jóvenes que no tienen mucha experiencia son personas valiosas que necesitan de oportunidades para demostrar su potencial, por hacerme ver que en la vida no existe nada complicado, que todo se puede hacer fácil si te propones hacerlo; por permitirme trabajar con un grupo de personas muy competentes y grandes amigos. También por apoyarme e impulsarme a realizar mis estudios doctorales.

A todos los ganaderos y ganaderías de la raza BON de Colombia que nos han permitido el uso de su información para el desarrollo del trabajo, por recibirnos, aceptar nuestras propuestas, creer en nuestro trabajo y en el recurso criollo, el BON y AGROSAVIA.

Para todas y cada una de esas personas que de alguna manera colaboraron en el desarrollo de este trabajo. Mil y mil gracias.



### **Dedicatoria**

Este trabajo está dedicado muy especialmente a mi esposa Natalia que siempre me ha acompañado y apoyado para alcanzar los objetivos que me he propuesto.

También dedico este trabajo a todos y cada una de las personas que me han acompañado en mi proceso de formación, desde mi inicio en la educación hasta hoy.

## Contenido

<b>Lista de figuras</b> .....	<b>7</b>
<b>Resumen general</b> .....	<b>8</b>
<b>General summary</b> .....	<b>11</b>
<b>Introducción general</b> .....	<b>14</b>
Referencias .....	15
<b>Objetivos</b> .....	<b>17</b>
Objetivo general .....	17
Objetivos específicos .....	17
<b>Capítulo I: Marco teórico</b> .....	<b>18</b>
Introducción.....	18
Pruebas de desempeño .....	19
Evaluaciones genómicas.....	22
Índices de selección .....	25
Referencias .....	29
<b>Capítulo II: Pruebas de desempeño en ganado BON</b> .....	<b>38</b>
<b>Capítulo III: Evaluaciones genéticas</b> .....	<b>40</b>
<b>Capítulo IV: Índices de selección en la raza BON</b> .....	<b>41</b>

<b>Consideraciones finales .....</b>	<b>42</b>
Anexo 1 .....	45
Modelo teórico de ecuaciones estructurales propuesto para la construcción del índice de toro de las pruebas de desempeño en BON .....	45

## Lista de figuras

### Capítulo I

<b>Figura 1.</b> Animales BON en pruebas de desempeño en el Centro de Investigación El Nus .....	20
--	----

### Capítulo II

<b>Figura 2.</b> Fases de las pruebas de desempeño en ganado Blanco Orejinegro en Colombia .....	37
--	----

### Anexo 1

<b>Figura 3.</b> Modelo teórico de ecuaciones estructurales propuesto para la construcción del índice de toro de las pruebas de desempeño en BON .....	45
--	----

## **Resumen general**

En la raza Blanco Orejinegro (BON) desde el año 1940 se ha trabajado en la conservación de la raza a través del mantenimiento de los Bancos de germoplasma y desde hace nueve años aproximadamente se inició con la implementación de un programa de mejoramiento genético, con el fin de incrementar la ganancia genética a partir del control productivo, el uso de pruebas de desempeño, la estimación de los valores de cría, los valores de cría genómicos y el uso de índices de selección.

Este trabajo tuvo como objetivo evaluar el uso de herramientas de selección en un programa de mejoramiento genético de ganado BON. Se desarrolló en cuatro capítulos en los cuales se utilizan las metodologías de selección genética para conocer heredabilidades, correlaciones genéticas y valores genéticos para algunas características de interés productivo en la raza BON, además de ofrecer a los productores herramientas confiables para la identificación de reproductores con características de producción deseables y fortalecer el programa de selección con el fin de generar un cambio genético positivo en la raza. Los capítulos están distribuidos de la siguiente manera:

En el capítulo I se realizó una revisión de literatura para describir algunas de las metodologías utilizadas en la selección de animales por su mérito genético. Primero se abordan las pruebas de desempeño, las cuales permiten la selección de los individuos por su desarrollo individual; posteriormente se trata sobre las evaluaciones genéticas y genómicas, que combinan información genética, fenotípica y genómica en un modelo mixto para estimar a cada individuo su valor genético y poder así identificar individuos con características deseables para un carácter en particular expresado como la diferencia (superior o inferior) con respecto a la media de una población y que es debida a genes de acción aditiva, por lo tanto heredable en su descendencia; finalmente se aborda la teoría de índices de selección la cual permite la identificación de individuos superiores

por varias características al tiempo, buscando generar un cambio genético en todas las características incluidas en el índice. En este capítulo se muestra el uso de estas metodologías en programas de mejoramiento genético y cómo mediante su aplicación se puede iniciar un programa de selección que sirva de herramienta para la identificación de individuos con características superiores en los sistemas de producción local.

En la revisión de pruebas de desempeño se incorporaron dos secciones para explicar la metodología de modelos de ecuaciones estructurales (SEM) y cómo esta ha sido usada en investigación agropecuaria. Estos trabajos se realizaron con datos obtenidos a partir de un proceso de simulación. En el primero se utilizó el modelo de aceptación tecnológica y en el segundo un modelo de crecimiento con variables latentes (LGM) en curvas de crecimiento.

En el capítulo II se muestra la incorporación de modelos SEM y LGM para analizar la información de los pesajes realizados durante el desarrollo de seis pruebas de desempeño entre el año 2011 y 2017, las cuales se realizan en cuatro fases (fase de pastoreo, fase de suplementación masiva, fase de suplementación grupal y fase de suplementación individual). En este capítulo se pretende conocer las relaciones causales entre las diferentes fases que componen el desarrollo de las pruebas de desempeño y estimar el valor para el efecto de cada fase sobre las demás. Los resultados mostraron que las fases son tres, fusionando las fases de suplementación masiva y suplementación grupal. Se encontraron cargas factoriales altas y positivas entre la fase de pastoreo y la fase de suplementación, igual resultado se obtuvo entre la fase de suplementación y la fase de suplementación individual. Se encontraron cambios en la clasificación de los animales. Los valores estimados por los SEM pueden ser usados para la selección de los individuos élite con una precisión mayor ya que se tiene en cuenta las relaciones entre las variables latentes.

En el capítulo III se describe el uso de modelos poligénicos (MP) y modelos genómico-poligénicos (MGP) en la estimación de los parámetros genéticos para peso al nacimiento y peso ajustado a los 120, 240, 480 y 720 días (PN, P120, P240, P480, P720, respectivamente), utilizando información de 35 ganaderías pertenecientes al programa de control productivo y genealógico de la red de productores de AGROSAVIA. Las heredabilidades directas estuvieron entre 0.29 y 0.40 y las maternas para PN, P120 y P240 estuvieron entre 0.09 y 0.23, las correlaciones genéticas estimadas se encontraron entre 0.13 y 0.96 para el efecto genético directo y las correlaciones fenotípicas estuvieron entre 0.23 y 0.72, siendo las menores correlaciones entre PN y P240 y las mayores entre P480 y P720. En las tendencias genéticas observadas para las características P240, P480 y P720 se evidenció crecimiento sostenido el cual fue mayor en los últimos siete años. En PN y P120 se observó incremento de los valores genéticos cercano a cero en el periodo de tiempo evaluado. No se encontró ningún incremento en los valores genéticos materno para las características PN, P120 y P240 en el periodo evaluado.

En el capítulo IV se usan los componentes de covarianza estimados en el capítulo III para la construcción de un índice de selección que facilite el proceso de identificación de animales con características deseables. Se construyeron índices utilizando ganancias deseadas relativas, información de la bibliografía e información obtenida a través de encuestas a productores y académicos. Los índices de selección que contenía los cambios deseados estimados a partir de encuestas a los concedores de la raza BON se proponen como la mejor alternativa, ya que de acuerdo con el proceso de simulación realizado se espera con el uso de estos índices mantener el peso al nacimiento, incrementar las características de crecimiento P120, P240, P480 y P720 y disminuir la edad al primer parto e intervalo entre partos.

## **General summary**

In the Blanco Orejinegro (BON) breed, since 1940, work has been done on the conservation of the breed through the maintenance of the germplasm banks and for approximately nine years It began with the implementation of breeding program to increase the genetic gain for characteristics of productive interest through the productive control, the use of performance tests, polygenic and genomic evaluations and the use of selection indexes.

This work aimed to evaluate the use of selection tools in a BON cattle breeding program. It was developed in four chapters in which genetic selection methodologies are used to know heritability, genetic correlations and genetic values for some characteristics of productive interest in the BON breed, in addition to providing reliable tools to strengthen the selection program in order to generate a positive genetic change in the breed. The chapters are distributed as follows:

In Chapter I a literature review was conducted to learn about some of the methodologies used in the selection of animals for their genetic merit. First, performance tests are addressed, which allow the selection of individuals by their individual development; Subsequently it is about genetic and genomic evaluations, which combine genetic, phenotypic and genomic information in a mathematical model to estimate each individual's genetic value and thus identify individuals with desirable characteristics for a particular character expressed as the difference (higher or lower) with respect to the average of a population and that is due to additive action genes, therefore heritable in their offspring; Finally, the theory of selection indices is approached which allows the identification of superior individuals by several characteristics at the same time, seeking to generate a genetic change in all the characteristics included in the index. This chapter shows the use of these methodologies in breeding program and how through their application you can

start a selection program that serves as a tool for the identification of individuals with superior characteristics in local production systems and discard with a objective criteria.

In the review of performance tests, two sections were incorporated to explain the methodology of structural equation models (SEM) and how it has been used in agricultural research. These works were carried out with data obtained from a simulation process. In the first one the technological acceptance model was specified and in the second a growth model with latent variables (LGM) in growth curves.

Chapter II shows the incorporation of SEM and LGM models to analyze the information of the weighings performed during the development of six performance tests between 2011 and 2017, which are carried out in four phases (grazing phase, supplementation phase massive, group supplementation phase and individual supplementation phase). This chapter aims to know the causal relationships between the different phases that make up the development of performance tests and estimate the value for the effect of each phase on the others. The results showed that the phases are three, merging the phases of mass supplementation and group supplementation. High and positive factorial loads were found between the grazing phase and the supplementation phase, the same result was obtained between the supplementation phase and the individual supplementation phase. Changes in the classification of animals were found. The values estimated by SEMs can be used for the selection of elite individuals with greater precision since the relationships between latent variables are taken into account.

Chapter III specifies the use of polygenic models (MP) and genomic-polygenic models (MGP) in the estimation of genetic parameters for birth weight and adjusted weight at 120, 240, 480 and 720 days (PN, P120, P240, P480, P720, respectively), using information from 35 farms belonging to the program of productive and genealogical control of the AGROSAVIA producer network. Direct heritability was between 0.29 and 0.40 and the maternal for PN, P120 and P240 were between 0.09 and 0.23, the estimated genetic

correlations were between 0.13 and 0.96 for the direct genetic effect and the phenotypic correlations were between 0.23 and 0.72, being the lower correlations between PN and P240 and the largest between P480 and P720. In the genetic trends observed for the characteristics P240, P480 and P720, sustained growth was evidenced which was greater in the last seven years. In PN and P120, an increase in genetic values near-zero was observed in the period of time evaluated. No increase in maternal genetic values was found for the characteristics PN, P120 and P240 in the period evaluated.

In Chapter IV the covariance components estimated in Chapter III are used for the construction of a selection index that facilitates the process of identification of animals with desirable characteristics. Indices were constructed using relative desired earnings, bibliography information and information collected through surveys of producers and academics. The selection indices that contained the desired changes estimated from surveys of connoisseurs of the BON race are proposed as the best alternative, since according to the simulation process performed it is expected with the use of these indices to maintain the weight at birth, increase the growth characteristics and decrease the indicators of age at the first birth and interval between calving.

## **Introducción general**

La raza bovina Blanco Orejinegro (BON) es una de las razas criollas de mayor uso en los sistemas productivos de Colombia, ya que después del programa de multiplicación realizado por la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA) se logró incrementar el número de cabezas de esta raza en manos de los productores. Esto generó la necesidad de identificar reproductores que permitieran mejorar los parámetros productivos en los sistemas de producción (Vásquez et al., 2015).

Hace nueve años AGROSAVIA con un proyecto aprobado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural dio su primer paso para brindar a los productores herramientas que le permitieran la selección de reproductores, por lo que se inició con el desarrollo de un programa de mejoramiento genético a partir pruebas de desempeño y selección genética (Quiceno et al., 2012).

En la raza BON se han realizado pruebas de desempeño las cuales consisten en comparar diferentes animales con cierto grado de homogeneidad bajo el mismo ambiente y a partir de la expresión de su desempeño productivo individual identificar los animales superiores desde el punto de vista genético los cuales serán utilizados en las ganaderías como parte del programa de mejoramiento genético (Bolívar et al., 2010; Quiceno et al., 2012).

También se han estimado parámetros genéticos para características de crecimiento y reproductivas como peso al nacimiento, pesos ajustados a diferentes edades, edad al primer parto e intervalo entre partos (Cañas et al., 2008; Gallego et al., 2006; M-rocha et al., 2012; Vásquez et al., 2015), recientemente se han incluido en los modelos genéticos usados para la obtención de los parámetros genéticos de la raza información genómica (Ramírez et al., 2019), con lo que se espera mejorar la confiabilidad de las estimaciones

para obtener un mejor resultado en la selección de los individuos superiores para características de interés (Gowane et al., 2019).

La selección de animales se ha basado en DEP para una sola característica, pero los productores de ganado actualmente se enfrentan a sistemas de producción complejos en los cuales deben seleccionar animales que mejoren varios rasgos simultáneamente. Los índices de selección se proponen como una alternativa, permitiendo seleccionar individuos para generar ganancia genética en diferentes características a partir de un valor único para el índice. Se espera al utilizar esta metodología en el programa de selección en la raza BON, generar una mayor ganancia genética para las características de crecimiento y reproducción y obtener un mayor beneficio económico (Agudelo-Gómez et al., 2016; Brito et al., 2016). Por lo anterior el presente trabajo tuvo como objetivo “Evaluar el uso de herramientas de selección genética en un programa de mejoramiento genético de ganado BON”.

### Referencias

Agudelo-Gómez DA, Agudelo-Trujillo JH, and Cerón-Muñoz MF. Selection index for meat and milk traits of buffaloes in Colombia. *Livest. Sci.* 2016; 191, 6–11. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2016.06.016>

Bolívar VD, Cerón-Muñoz M, Ramírez TE, and Agudelo-Gómez D. Usos y tendencias de las pruebas de desempeño y su aplicación en Colombia. *Rev. Lasallista Investig.* 2010; 7(1), 66–84.

Brito LF, Correa da SM, Magnabosco UC, Goncalves N, and Sainz DR. Selection indices and multivariate analysis show similar results in the evaluation of growth and carcass traits in beef cattle. *PLoS One* 2016; 11(1), 1–21. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0147180>

Cañas ÁJ, Ramirez TE, Arboleda AO, Ochoa J, Vergara GO, and Ceron-Muñoz M. Estimación de parámetros genéticos para peso al destete en ganado Blanco Orejinegro (BON) en el noroccidente colombiano. *Rev.MVZ Córdoba* 2008; 13(1), 1138–1145.

Gallego JL, Martínez RA, and Moreno FL. Índice de consanguinidad y caracterización fenotípica y genética de la raza bovina criolla Blanco Orejinegro. *Rev. Corpoica – Cienc. y Tecnol. Agropecu.* 2006; 7(1), 16–24.

Gowane GR, Lee SH, Clark S, Moghaddar N, Al-Mamun HA, and van der Werf JHJ. Effect of selection and selective genotyping for creation of reference on bias and accuracy of genomic prediction. *J. Anim. Breed. Genet.* 2019; 2. <https://doi.org/10.1111/jbg.12420>

M-rocha JF, Gallego JG, Vásquez RF, Pedraza JA, Cerón-muñoz MF, and Martínez R. Estimation of genetic parameters for age at first calving and calving interval in Blanco Orejinegro (BON) breed cattle populations in Colombia. *Rev. Colomb. Ciencias Pecu.* 2012; 25(2), 220–228.

Quiceno AJ, Martínez SR, Mateus H, Gallego GJ, and Medina P. Crecimiento en pastoreo rotacional de toretes de razas criollas Romosinuano y Blanco Orejinegro en Colombia. *Rev. MVZ Córdoba* 2012; 17(1), 2891–2899.

Ramírez TEJ, Ocampo GRJ, Burgos PWO, Elzo MA, Martínez RA, and Cerón-muñoz MF. Estimación poligénica y genómico-poligénica para características de crecimiento en ganado Blanco Orejinegro (BON). *Livest. Res. Rural Dev.* 2019; 31(3). Retrieved from <http://www.lrrd.org/lrrd31/3/ceron31030.html>

Vásquez R, Martínez R, Gallego J, Abuabara Y, Perez JE, Onofre H, Polanco N, and Silva J. Contribución del plan de fomento de razas criollas al tamaño poblacional de razas para producción en Colombia. *Actas Iberoam. Conserv. Anim.* 2015; 6, 411–418.

## **Objetivos**

### **Objetivo general**

Evaluar el uso de herramientas de selección en un programa de mejoramiento genético de ganado BON.

### **Objetivos específicos**

1. Analizar el crecimiento de machos BON sometidos a pruebas de desempeño.
2. Estimar parámetros genéticos para características de interés productivo en ganado BON con la inclusión de información genómica.
3. Estimar las tendencias genéticas para características de interés productivo en la raza BON.
4. Proponer índices de selección para múltiples características que optimicen el progreso genético de la raza BON en Colombia.

## Capítulo I: Marco teórico

### Introducción

Las razas criollas Colombianas se formaron a partir de una mezcla del ganado que ingresó a América en la época de la colonización, algunas se adaptaron y comenzaron a desarrollarse como núcleos independientes que predominaban hasta la llegada masiva de razas como la Holstein y Brahman, con las cuales comenzaron a cruzarse hasta llevar a las razas criollas a un estado crítico-mantenida, de acuerdo con los criterios de clasificación de la FAO (Caro and Ossa, 2003; Martínez, 2010).

La raza criolla Blanco Orejinegro (BON) ha sido objeto de estudio por parte de diferentes investigadores que han realizado reportes sobre el desempeño productivo, reproductivo y genético de la raza. Es así como Rojas et al. (2011) y Martínez et al. (2012) reportaron peso al nacimiento promedio de  $30\pm 4$  kg y  $27.5\pm 4$  kg, peso al destete de  $192\pm 38$  kg y  $165.3\pm 29$  kg, peso promedio a los 16 meses de  $237\pm 48$  kg y  $215\pm 30$  kg. Para características reproductivas M-rocha et al. (2011) reportaron una edad al primer parto de  $1104\pm 141$  días y un intervalo entre partos de  $487\pm 147$  días.

En algunos estudios genéticos realizados para la estimación de parámetros genéticos en las diferentes características de importancia económica se han encontrado heredabilidades para peso al nacimiento de 0.38, para peso al destete 0.24, 0.63 y para peso a los 16 meses 0.13 (Gallego *et al.*, 2006; Cañas *et al.*, 2008).

En cuanto a análisis de genética poblacional de la raza, Calvo et al. (2009) encontraron que para 10 microsatélites analizados el grupo de BON fue altamente polimórfico, con un índice de información polimórfica de 0.79, una heterocigocidad esperada de 0.79 y una heterocigocidad observada de 0.71, con un leve desvío del equilibrio de Hardy-Weinberg. Caso similar a lo reportado por Bedoya et al. (2001), quienes reportaron una

heterocigocidad esperada de 0.67, indicando una alta variabilidad en la raza en comparación con razas británicas, francesas y cebuínas africanas. Martínez et al. (2008) reportaron en la raza BON un tamaño efectivo de la población de 260, número máximo de generaciones trazadas de 3.1, un porcentaje de ancestros conocidos en la tercera generación de 3.6% y una tasa de endogamia de 0.2. Estos autores indican que el programa de conservación ha tenido éxito manteniendo el tamaño y variabilidad constantes en la población.

En un trabajo realizado con plataformas de genotipado a gran escala se encontró un desequilibrio de ligamiento en la raza BON de 0.30 a una distancia de 70 Kb, lo que sugiere que con el chip de baja densidad es posible tener una adecuada cobertura a lo largo del genoma (Bejarano, 2016). Estos resultados también sugieren que la raza presenta un reducido tamaño efectivo de la población, ya que se ha comprobado que el tamaño efectivo de población presenta una relación inversa con el nivel de desequilibrio de ligamiento (Khatkar et al., 2008).

Estos trabajos han abierto un camino para el desarrollo de programas de selección utilizando metodologías tales como pruebas de desempeño (PD), evaluaciones genéticas basada en el pedigrí y fenotipos (BLUP) y evaluaciones genómicas para realizar las evaluaciones genéticas.

### **Pruebas de desempeño**

Las PD tienen como objetivo principal la identificación de individuos con alto potencial genético para las características de interés productivo; y en ellas se somete un grupo de animales de diferentes hatos a las mismas condiciones ambientales para identificar futuros reproductores. Esta metodología selecciona los individuos por su desempeño individual durante el periodo de evaluación sin tener en cuenta la información de parientes. Las PD son utilizadas en ganado de carne porque permiten la selección de

individuos con alta confiabilidad para las características de crecimiento, puesto que estas tienen heredabilidades de medias a altas donde las mediciones o fenotipos individuales son un buen indicador del valor genético de los individuos (Baldi et al., 2012; Bolívar et al., 2010; Nevez et al., 2014).

La manera más común de estudiar el crecimiento es mediante la toma de pesaje de los animales en diferentes edades. En las PD la clasificación se realiza a partir de la medición del crecimiento, teniendo en cuenta la relevancia que tiene esta característica en los sistemas de producción, ya que la forma de comercialización tradicional es la venta de kilogramos (Méndez et al., 2015). Sin embargo, la ganancia de peso es una característica que está afectada por múltiples efectos los cuales no deben ignorarse para realizar la selección de los animales por que pueden afectar los resultados. Es así como en algunas pruebas de desempeño realizadas en el mundo se ha podido evidenciar la existencia de factores como la alimentación, el año en que se realiza la prueba, el peso y edad inicial, como factores que pueden tener un efecto importante sobre las evaluaciones finales (Mashiloane et al., 2012).

En las PD realizadas en Brasil por la Asociación Brasileira de Criadores de Cebú entre los años 2003 y 2012 se utilizó información de más de 30 mil animales para evaluar la diferencia entre la selección de animales superiores para características de crecimiento según el régimen de la prueba (pastoreo o confinamiento) y encontraron cambios en el comportamiento de las características según el régimen de alimentación (Raidan et al., 2017).

Un aspecto que ha sido cuestionado en el uso de las PD en la selección es el efecto que tiene el origen de los animales debido a que provienen de múltiples condiciones ambientales y de manejo lo cual puede generar la selección de los individuos equivocados (Nevez et al., 2014; Schenkel et al., 2004). En la realización de pruebas de desempeño con diferentes razas, se encontró un efecto significativo del origen de los

animales en su desempeño durante la PD, esto fue reportado por Nevez et al. (2014) con información de las PD de la raza Nellore entre los años 2005 y 2012 en Brasil; en Sur África en ganado Bonsmara con información de más de 7364 toros y en Canadá Schenkel et al. (2004) con información de 25315 toros.

En Colombia a pesar de que desde el año 2010 se vienen realizando PD no se han estudiado a profundidad los diferentes factores externos que pueden afectar los resultados. Las PD en BON se realizan en el Centro de Investigación el Nus (ver Figura 1) por la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA), en las cuales han participado más de 200 machos de 33 ganaderías de todo el país dedicadas a la cría de ganado BON, hasta el año 2018. Estas pruebas se realizan en cuatro fases, cada una con una duración de 56 días para un total de 224 días. Las fases se denominan según el régimen de alimentación: fase de pastoreo, fase de suplementación masiva, fase de suplementación grupal y fase de suplementación individual. Durante cada fase se realizan dos pesajes y el efecto residual de una fase sobre las demás no es estimado y este puede afectar la evaluación final.

La estimación del efecto residual entre las fases de la PD permitiría identificar con mayor precisión los animales de mejor desempeño. Uno de los usos de la metodología conocida como modelos de ecuaciones estructurales (SEM) es que permite la estimación de efectos entre variables no medidas. Con el fin de entender y explicar mejor el uso de esta metodología y su aplicación en el software estadístico R (R Core Team, 2018) se realizaron dos trabajos de simulación. El primero es una aplicación de los SEM en un modelo de aceptación tecnológica; en el segundo trabajo se utilizaron los SEM en un modelo de crecimiento con variables latentes (LGM); en ambos trabajos se presentaron las líneas de comando para programar en R, los resultados de la simulación y su interpretación. Estos trabajos serán publicados en un libro de la editorial de AGROSAVIA

y el posible título será “Modelos de ecuaciones estructurales aplicados al sector agropecuario”.



**Figura 1.** Animales BON en pruebas de desempeño en el Centro de Investigación El Nus.

### **Evaluaciones genómicas**

Entre 1960 y 1970 se realizaron diferentes investigaciones sobre el DNA en las que encontraron varios polimorfismos en el genoma y desde entonces se han desarrollado y explotado varias técnicas para el uso de los marcadores moleculares en diferentes sistemas, sin embargo, solo algunas de estas técnicas, como RFLP, RAPD, AFLP, los ISSR, SSR y SNP han recibido aceptación global. Soller and Beckmann (1983) propusieron algunos usos de los marcadores tipo RFLP (Restriction fragment length polymorphism) en la construcción de relaciones genéticas más precisas en la determinación de parentesco y la identificación de loci de rasgos cuantitativos (QTL). Esta visión no ha cambiado mucho desde esa época, siendo los altos costos de la tecnología lo que dificultó su adopción, pero en el 2009 con el secuenciado completo del genoma

bovino se puso al descubierto cerca de 30 millones de SNP y con eso nuevas tecnologías de genotipado con un alto grado de exactitud a muy bajo costo (Meuwissen *et al.*, 2001). En el 2008 fue reportado el desarrollo de un chip de alta densidad que incluía un alto número de SNP económico y eficiente el cual revolucionaría la capacidad de los estudios de asociación genómica (Van Tassell *et al.*, 2008). Esto inició la era genómica, donde se incorpora a los modelos tradicionales, tanto la información fenotípica como la información genómica para estimar los valores genómicos de los animales con un nivel de confiabilidad superior, incluso en animales muy jóvenes (Goddard and Hayes, 2007). Los aspectos que han impulsado el uso actual de la información del ADN son: los modelos de selección genómica, la identificación de miles de marcadores SNP y el genotipado a gran escala de SNP que han hecho la tecnología más económica (Meuwissen *et al.*, 2016).

Los marcadores moleculares del tipo SNP son polimorfismos creados por el cambio de un solo nucleótido en la secuencia del DNA con solo dos nucleótidos posibles en la misma posición. En un SNP el alelo menos frecuente debe tener una frecuencia en la población superior al 1% (Brookes, 1999). Estos ocurren frecuentemente en una población y son el tipo más común de mutaciones en el genoma mamífero (Ángel-Marín *et al.*, 2013; Vignal and Milan, 2002). Entre las ventajas que ofrece el trabajo con SNP están: la fácil automatización de su genotipado, lo que facilita la lectura de centenares de millares de marcadores por cada análisis, pueden ser utilizados como marcadores de población para verificar las paternidades (Rohrer *et al.*, 2007), también se utilizan como marcadores de genes candidatos en estudios de selección asistida por marcadores de varios genes a la vez (Williams *et al.*, 2009), se utilizan para establecer la relación con la estructura de la población, la diferenciación genética, el origen y la evolución de las especies (Yang *et al.*, 2013). Se han desarrollado técnicas basadas en los estudios de la transmisión de los SNP y de cómo el desequilibrio de ligamiento entre SNP y los genes provee de una información genómica importante de las características de interés productivo (Miszta,

2006); Meuwissen et al. (2001) incluyeron en un modelo matemático la información genómica y demostraron que mediante el uso de esta se incrementaban los valores de precisión de las estimaciones de los valores genéticos. Este trabajo creó grandes expectativas ya que se proponía que con el uso de evaluaciones genómicas sería posible aumentar la ganancia genética en los programas de mejoramiento de animales mediante la disminución de los intervalos generacionales al seleccionar animales jóvenes con mayores precisiones que con los métodos habituales basados en información genealógica y fenotípica (Van Tassell et al., 2008).

A la vez que avanzaba la genética molecular se planteaban diferentes modelos para hacer uso de esta e incorporarla en la evaluación genética tradicional. Whittaker et al. (2000) propusieron la ridge regresión, Gianola and de los Campos (2008) propusieron el uso de kernel Hilbert spaces regression, Gianola et al. (2006) propusieron el uso de los modelos semi-paramétricos, Meuwissen et al. (2001), Xu (2003) y Yi et al. (2003) propusieron las metodologías Bayesianas y Van Raden (2008) propuso una metodología que utilizó la matriz de parentesco construida a partir de los genotipos (GBLUP), la ventaja de esta metodología era que el BLUP se mantenía sin cambios y la selección genómica podía realizarse con algunos análisis adicionales.

La metodología GBLUP consiste en realizar la evaluación tradicional con un modelo animal, estimar los efectos genómicos y combinar los valores de cría genómicos con los valores de cría tradicionales mediante el uso de índices de selección (Hayes et al., 2009; Van Raden, 2008). Esta metodología tenía algunas limitantes ya que sólo los animales genotipados obtenían estimación del valor genómico, sólo podía utilizarse en modelos de una sola característica sin efectos maternos y requería una variable respuesta (pseudo - fenotipo) utilizada en la población de referencia para el entrenamiento del modelo, lo cual podía generar errores en la estimación (Aguilar et al., 2010).

Misztal et al. (2009) propusieron una modificación de GBLUP para resolver las limitaciones de este y la denominaron único-paso GBLUP (ssGBLUP). En este método la matriz de relaciones basada en el pedigrí (**A**) es combinada con una matriz de relaciones genómicas (**G**), basada en la información de marcadores moleculares (SNP), la matriz nueva fue denominada **H**. La inclusión de la información genómica en la matriz **A** simplifica el análisis haciéndolo computacionalmente menos exigente, además deriva automáticamente los pesos para las combinaciones de las diversas fuentes de información, lo que hace estimaciones más precisas y se obtienen los valores genéticos de todos los animales genotipados y no genotipados (Aguilar et al., 2011).

En 2010 se realizó en Estados Unidos la primera evaluación genómica oficial con ssGBLUP con el genotipado de 6508 individuos de la raza Holstein con un chip de Illumina BovineSNP50. Con esto se logró incrementar los valores de confiabilidad para los animales jóvenes con resultados similares a los de GBLUP (Aguilar et al., 2010). Desde ese momento esta metodología ha tomado fuerza y ha sido utilizada en varios países para la realización de las evaluaciones genéticas. Por ejemplo: En Pardo Suizo se utilizó en seis poblaciones de países diferentes (Loberg and Dürr, 2009); en Francia con Holstein, Montbeliarde y Normando (Ducrocq et al., 2009); en Nueva Zelanda con Holstein, Jersey y cruces de Holstein  $\times$  Jersey (Harris and Montgomerie, 2009); en Australia con Holstein (Nieuwhof et al., 2010).

### **Índices de selección**

En los programas de selección generalmente existen varias características de interés productivo, por lo tanto, es necesario la identificación de reproductores con valores balanceados para características reproductivas, de crecimiento, de calidad, entre otras. Los índices de selección fueron una herramienta propuesta por Smith (1936) y ampliada por (Hazel, 1943) que permite realizar selección para múltiples características, combinando varios caracteres importantes en un solo valor, haciéndolo más fácil de

interpretar y buscando la mejor combinación con el objetivo de generar el máximo progreso genético en una función lineal (valor genético agregado) que involucra varias características al mismo tiempo.

Hazel (1943) introdujo el concepto de valor genético agregado ( $S$ ) que está dado por la suma de los valores genéticos ( $VG$ ) ponderados por su valor económico relativo ( $a$ ),  $S = a_1VG_1 + a_2VG_2 + \dots + a_nVG_n$  de forma que si se seleccionan los individuos bajo este concepto se alcanzará el objetivo de selección, que se define como el conjunto de características económicamente importantes para alcanzar los objetivos del sistema de producción.

La selección se realiza mediante un índice ( $I$ ) definido como  $I = b_1X_1 + b_2X_2 + \dots + b_nX_n$ , donde  $X_i$  son valores fenotípicos de cada característica o fuente de información ponderadas por coeficientes  $b_i$  lo cual permite maximizar la respuesta en  $S$ . Cuando varias características son incluidas en el índice, se requiere la información de las varianzas de las características, además de las correlaciones fenotípicas ( $\mathbf{P}$ ) y genéticas ( $\mathbf{G}$ ) entre ellas (Cameron, 1997; Dekkers et al., 2004). La estimación de los valores de los coeficientes  $b$  se determinaron por:

$$b = P^{-1}Ga$$

La precisión del índice ( $r_s$ ) y el cambio genético esperado ( $\Delta G$ ) pueden ser estimados a partir de lo recomendado por Cameron (1997) y Dekkers et al. (2004), donde :

$$r_s = \frac{cov(I, S)}{\sqrt{var(I)var(S)}}$$

$$= \frac{b'Ga}{\sqrt{b'Pb a'Ca}}$$

Entonces como  $Pb=Ga$

$$r_s = \sqrt{\frac{b'Ga}{a'Ga}}$$

Los cambios genéticos esperados en la siguiente generación utilizando el índice de selección está dada por:

$$\Delta G = \frac{b'G}{\sqrt{b'Pb}}$$

Los índices de selección se utilizan en los programas de mejoramiento genético para modelar esquemas de selección con la finalidad de maximizar la ganancia genética o económica del sistema de producción para varias características de interés productivo. Gonzalez-Recio et al. (2014) utilizaron la teoría de índices para seleccionar animales élite y evaluar los cambios generados en la producción de leche a partir del uso de estos animales; también han sido utilizados en varios trabajos en los que se muestra el uso de los índices como una metodología eficiente para realizar selección con el objetivo de incrementar los valores genéticos en una población (Fernandes et al., 2018; Gonzalez-Recio et al., 2014; König and Swalve, 2009; Ochsner et al., 2017).

El conocimiento de la existencia de correlaciones genéticas desfavorables entre características que no estaban siendo tenidas en cuenta adecuadamente en los procesos de selección como por ejemplo la correlación genética negativa entre producción de leche y fertilidad, hizo difícil establecer un criterio de selección apropiado y dio una mayor importancia a la estimación de los valores de la matriz ( $\alpha$ ), (Cole and VanRaden, 2018).

Los elementos de la matriz  $\alpha$  (pesos económicos) se definen como el aumento de la rentabilidad debido al aumento genético de una característica en una unidad,

manteniendo constante el resto de las características en el índice (Hazel, 1943). Comúnmente son estimados a partir del uso de un modelo bioeconómico el cual utiliza información del sistema de producción, los ingresos, egresos y las características productivas que afectan el sistema, y a partir de una ecuación de rentabilidad obtener los elementos de  $\alpha$ . El uso de estos modelos tienen la limitación de ser dependientes de los parámetros de cada sistema de producción, de cambiar con las fluctuaciones en los precios utilizados además de requerir una gran cantidad de información económica que puede no estar disponible (Fernandes et al., 2018; Ochsner et al., 2017; Ponzoni and Newman, 1989).

Existen algunas metodologías alternativas para calcular los valores de  $\alpha$ , como calcularlos a partir de las desviaciones fenotípicas de cada característica ( $1/\sigma_{fn}$ ), los valores de  $\alpha$  son calculados como valores relativos de una de las características en el índice (Faid-Allah and Ghoneim, 2012; Sanad, 2016; Stanojević et al., 2015). También se pueden obtener a partir de la ponderación de cada característica con valores de 1 o 0 dependiendo del beneficio económico de cada característica (Bridgwater et al., 1983; Chin et al., 2016; Tucuch-cauich et al., 2011). Otra forma para obtener esta matriz es a partir de la ponderación subjetiva con la ayuda de un panel de expertos conocedores del sistema de producción y las condiciones del mercado ellos asignan valores a la característica de acuerdo al animal que se quiere tener en el futuro en cuanto a diferentes características productivas (Cole and VanRaden, 2018; FAO, 2010).

También se utilizan metodologías multivariadas para la estimación de la matriz  $\alpha$  de una manera objetiva con buenos resultados, como lo realizado en el trabajo de Agudelo-gómez et al. (2016), donde se utilizaron los valores propios de un análisis de componentes principales para la construcción de esta matriz y su posterior uso en un índice de selección en ganado bufalino. Buzanskas et al. (2013) utilizaron el análisis de

componentes principales para la estimación de la matriz  $\alpha$  y la construcción de un índice de selección para características de crecimiento en ganado Canchim.

### Referencias

Agudelo-Gómez DA, Agudelo-Trujillo JH, and Cerón-Muñoz MF. Selection index for meat and milk traits of buffaloes in Colombia. *Livest. Sci.* 2016; 191, 6–11. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2016.06.016>

Aguilar I, Misztal I, Johnson D, and Legarra A. Uso de información genómica en evaluaciones genéticas. *Agrociencia* 2010; 43–47. Retrieved from <http://www.fagro.edu.uy/~agrociencia/index.php/directorio/article/download/397/314>

Aguilar I, Misztal I, Johnson DL, Legarra A, Tsuruta S, and Lawlor TJ. Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J. Dairy Sci.* 2010; 93, 743–752. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2730>

Aguilar I, Misztal I, Legarra A, and Tsuruta S. Efficient computation of the genomic relationship matrix and other matrices used in single-step evaluation. *J. Anim. Breed. Genet.* 2011; 128(6), 422–428. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2010.00912.x>

Ángel-Marín P, Cardona-Cadavid H, and Ceron-Muñoz M. Genómica en la producción animal. *Rev. Colomb. Cienc. Anim* 2013; 5(2), 497–518. Retrieved from <http://www.recia.edu.co/documentos-recia/vol5num2/revisiones/C-4-REVISION-02-2013-GENOMICA-VACAS.pdf>

Baldi F, de Albuquerque LG, Cyrillo GJ, Branco RH, Junior de OB, and Mercadante ZM. Genetic parameter estimates for live weight and daily live weight gain obtained for Nellore

bulls in a test station using different models. *Livest. Sci.* 2012; 144(1–2), 148–156.  
<https://doi.org/10.1016/J.LIVSCI.2011.11.009>

Bedoya G, Carvajal LG, Moreno FL, Davies S, Derr J, Ossa JE, and Ruiz A. Estructura molecular y poblacional del ganado criollo colombiano (GCC). *Rev Col Cienc Pecu* 2001; 14(2), 109–120.

Bejarano GD. *Estudio de asociación genómica para características de crecimiento en las razas bovinas criollas Blanco Orejinegro y Romosinuano* 2016. Universidad Nacional de Colombia. Retrieved from <http://www.bdigital.unal.edu.co/54717/>

Bolívar VD, Cerón-Muñoz M, Ramírez TE, and Agudelo-Gómez D. Usos y tendencias de las pruebas de desempeño y su aplicación en Colombia. *Rev. Lasallista Investig.* 2010; 7(1), 66–84.

Bridgwater FE, Talbert JT, and Jahromi S. Index selection for increased dry weight in a young Loblolly pine population. *Silvae Genet.* 1983; 35, 157–161.

Brookes AJ. The essence of SNPs. *Gene.* 1999; 234, 177-186.  
[https://doi.org/10.1016/S0378-1119\(99\)00219-X..](https://doi.org/10.1016/S0378-1119(99)00219-X..)

Buzanskas ME, Savegnago RP, Grossi DA, Venturini GC, Queiroz SA, Silva LOC, Júnior RA, Munari DP, and Alencar MM. Genetic parameter estimates and principal component analysis of breeding values of reproduction and growth traits in female Canchim cattle. *Reprod. Fertil. Dev.* 2013; 25(5), 775–781. <https://doi.org/10.1071/RD12132>

Calvo CS, Martínez RE, Tirado UJ, Corrales AJ, Montoya AA, Burgos PW, Cerón-Muñoz MF, and Moreno M. Caracterización genética de las razas criollas BON y Romosinuano. *Livest. Res. Rural Dev.* 2009; 21(4). Retrieved from <http://www.lrrd.org/lrrd21/4/calv21054.htm>

Cameron ND. Selection index methodology. In *Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding* 1997 (p. 2003). Wallingford.

Cañas ÁJ, Ramirez TE, Arboleda AO, Ochoa J, Vergara GO, and Ceron-Muñoz M. Estimación de parámetros genéticos para peso al destete en ganado Blanco Orejinegro (BON) en el noroccidente colombiano. *Rev.MVZ Córdoba* 2008; 13(1), 1138–1145.

Caro SJA, and Ossa LJ (Eds.). *Ganado Blanco Orejinegro (BON). Contribución a la preservación y propagación del ganado criollo colombiano* 2003 (primera). Medellín. Retrieved from <https://aprendeonline.udea.edu.co/revistas/index.php/biogenesis/article/view/326025>

Chin C, Gabriel J, Monforte M, Candelario J, Correa S, Domínguez N, Javier R, and León E. Selection indices for the productive improvement of braunvieh catttle in Mexico. *Ecosistemas y Recur. Agropecu.* 2016; 3(7), 1–9.

Cole JB, and VanRaden PM. Symposium review: Possibilities in an age of genomics: The future of selection indices<sup>1</sup>. *J. Dairy Sci.* 2018; 101(4), 3686–3701. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13335>

Dekkers JCM, Gibson JP, Bijma P, and van Arendonk J a M. *Design and optimisation of animal breeding programmes: Wageningen University, The Netherlands.* 2004. Wageningen.

Ducrocq V, Fritz S, Guillaume F, and Boichard D. French report on the use of genomic evaluation. *Interbull Annu. Metting, Uppsala, Sweden. Interbull Bull.* 39. *Interbull, Uppsala, Sweden* 2009; (39), 17–22. Retrieved from <https://journal.interbull.org/index.php/ib/article/viewFile/1059/1050>

Faid-Allah E, and Ghoneim E. Comparing Different Methods for Estimating Economic Values in Selection Index for Pre-Weaning Body Weights of Friesian Heifers in Egypt.

*Egypt. J. Anim. Prod* 2012; 49, 73–80.

FAO. *Estrategias de mejora genética para la gestión sostenible de los recursos zootenéticos. Directrices FAO: Producción y sanidad animal* 2010. Roma. Retrieved from <http://www.fao.org/3/a-i1103s.pdf>

Fernandes GM, Savegnago RP, El Faro L, Mosaquatro Roso V, and de Paz CCP. Economic values and selection index in different Angus-Nellore cross-bred production systems. *J. Anim. Breed. Genet.* 2018; 135(3), 208–220. <https://doi.org/10.1111/jbg.12327>

Gallego JL, Martínez RA, and Moreno FL. Índice de consanguinidad y caracterización fenotípica y genética de la raza bovina criolla Blanco Orejinegro. *Rev. Corpoica – Cienc. y Tecnol. Agropecu.* 2006; 7(1), 16–24.

Gianola D, and de los Campos G. Inferring genetic values for quantitative traits non-parametrically. *Genet. Res. (Camb).* 2008; 90(6), 525–540. <https://doi.org/10.1017/s0016672308009890>

Gianola D, Fernando RL, and Stella A. Genomic-assisted prediction of genetic value with semiparametric procedures. *Genetics* 2006; 173(3), 1761–1776. <https://doi.org/10.1534/genetics.105.049510>

Goddard M, and Hayes, B. Genomic selection. *Journal of Animal Breeding and Genetics*,. 2007; 124, 323-330. doi:10.1111/j.1439-0388.2007.00702.x

Gonzalez-Recio O, Pryce JE, Haile-Mariam M, and Hayes BJ. Incorporating heifer feed efficiency in the Australian selection index using genomic selection. *J. Dairy Sci.* 2014; 97(6), 3883–3893. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7515>

Harris BL, and Montgomerie WA. Current status of the use of genomic information in the

national genetic evaluation in New Zealand. *Interbull Bull.* 2009; (39), 35–38.

Hayes BJ, Bowman PJ, Chamberlain AJ, and Goddard ME. Genomic selection in dairy cattle: progress and challenges. *J. Dairy Sci.* 2009; 92, 433–443. <https://doi.org/10.3168/jds.2008-1646> [doi]

Hazel LN. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 1943; 28, 476–490.

Khatkar MS, Nicholas FW, Collins AR, Zenger KR, Cavanagh JAL, Barris W, Schnabel RD, Taylor JF, and Raadsma HW. Extent of genome-wide linkage disequilibrium in Australian Holstein-Friesian cattle based on a high density SNP panel. *BMC Genomics* 2008; 9(1), 187. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-9-187>

König S, and Swalve HH. Application of selection index calculations to determine selection strategies in genomic breeding programs. *J. Dairy Sci.* 2009; 92(10), 5292–5303. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2232>

Loberg A, and Dürr JW. Interbull survey on the use of genomic information. *Interbull* 2009; 0(December), 3–14.

M-rocha JF, Gallego GJ, Vásquez RR, Pedraza JA, Cerón-muñoz M, and Martínez SR. Estimation of genetic parameters for age at first calving and calving interval in Blanco Orejinegro (BON) breed cattle populations in Colombia. *Rev. Colomb. Ciencias Pecu.* 2011; 25(2), 220–228.

Martínez CG. *Plan Nacional De Acción Para La Conservación Mejoramiento Y Utilización Sostenible De Los Recursos Genéticos Animales De Colombia* 2010. Bogota.

Martínez RA, García D, Gallego JL, Onofre G, Pérez JE, and Cañón J. Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. *J. Anim. Sci.*

2008; 86(3), 545–552. <https://doi.org/10.2527/jas.2007-0175>

Martinez S, Vasquez ER, Gallego GJ, Gomez Y, Moreno F, Fernández FJ, Tobón CJ, Neira SJ, Córdoba LS, Maldonado J, Trujillo L, Pedraza LA, Martinez RJ, and Quiceno AJ. *Eficiencia productiva de la raza BON en el tropico colombiano* 2012. Bogota.

Mashiloane L, Bothma A, Madia K, Sebei J, and Nephawe K. Growth and feed efficiency of range performance tested beef bulls in the arid sweet bushveld of South Africa. *Open J. Anim. Sci.* 2012; 2(4), 258–264.

Méndez M, Fraga L, García Y, Rodríguez L, Mora M, and García D. Estimación de la curva de crecimiento en machos bubalinos en una empresa cubana. *Arch. Zootec* 2015; 64(246), 179–182.

Meuwissen THE, Hayes BJ, and Goddard ME. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 2001; 157, 1819–1829. <https://doi.org/11290733>

Meuwissen, THE, Hayes BJ, and Goddard ME. Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. *Animal Frontiers.* 2016; 6(1), 6–14. <https://doi.org/10.2527/af.2016-0002>

Misztal I. Challenges of application of marker assisted selection – a review. *Anim. Sci. Pap. Reports* 2006; 24(1), 5–10. Retrieved from <http://nce.ads.uga.edu/~ignacy/MAS-IM.pdf>

Misztal I, Legarra A, and Aguilar I. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic , full pedigree , and genomic information. *J. Dairy Sci.* 2009; 92, 4648–4655. <https://doi.org/10.3168/jds.2009-2064>

Nevez de RH, dos Reis PF, Paterno MF, Guarini RA, Carvalheiro R, da Silva RL, de Oliveira AJ, and de Queiroz AS. Herd-of-origin effect on the post-weaning performance of

centrally tested Nellore beef cattle. *Trop. Anim. Health Prod.* 2014; 46(7), 1235–1241. <https://doi.org/10.1007/s11250-014-0633-2>

Nieuwhof GJ, Beard KT, Konstantinov K V, Bowman PJ, and Hayes BJ. Implementation of Genomics in Australia 2010; 42, 35–39. Retrieved from [https://adhis.com.au/v2/downv2.nsf/\(ContentByKey\)/234526a2c35feedfca257b5c003a9b09/\\$file/implementation of genomics in australia \(nieuwhof et al, 2010\).pdf?open](https://adhis.com.au/v2/downv2.nsf/(ContentByKey)/234526a2c35feedfca257b5c003a9b09/$file/implementation%20of%20genomics%20in%20australia%20(nieuwhof%20et%20al,%202010).pdf?open)

Ochsner KP, Macneil MD, Lewis RM, and Spangler ML. Economic selection index development for Beefmaster cattle I: Terminal breeding objective 1. *J. Anim. Sci.* 2017; 95(2011), 1063–1070. <https://doi.org/10.2527/jas2016.1231>

Ponzoni RW, and Newman S. Developing breeding objectives for australian beef cattle production. *Anim. Prod.* 1989; 49(1), 35–47. <https://doi.org/10.1017/S0003356100004232>

R Core Team. R A Language and Environment for Statistical Computing. - References - Scientific Research Publishing 2018. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

Raidan FS, Tineo AJ, de Moraes MM, Escarce CT, de Araújo MA, Gomes de CM, Ventura TH, and Toral BF. Associations among growth, scrotal circumference, and visual score of beef cattle in performance tests on pasture or in feedlots. *Rev. Bras. Zootec.* 2017; 46(4), 309–316. <https://doi.org/10.1590/S1806-92902017000400006>

Rohrer GA, Freking BA, and Nonneman D. Single nucleotide polymorphisms for pig identification and parentage exclusion. *Anim. Genet.* 2007; 38(3), 253–258. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2007.01593.x>

Rojas CE, Martinez SR, and Echeverri ZJ. Caracterización productiva de una población de bovinos Blanco Orejinegro (BON) en siete hatos colombianos. *Actas Iberoam. Conserv. Anim.* 2011; 1, 434–436. Retrieved from

[http://www.uco.es/conbiand/aica/templatemo\\_110\\_lin\\_photo/articulos/2011/Correa2011\\_1\\_434\\_436.pdf](http://www.uco.es/conbiand/aica/templatemo_110_lin_photo/articulos/2011/Correa2011_1_434_436.pdf)

Sanad S. Genetic Improvement Using the Selection Indices for Some Productive and Reproductive Traits in Friesian Cattle Raised in Egypt. *J. Anim. Poult. Prod.* 2016; 7(12), 475–482. <https://doi.org/10.21608/jappmu.2016.48807>

Schenkel FS, Miller SP, and Wilton JW. Herd of origin effect on weight gain of station-tested beef bulls. *Livest. Prod. Sci.* 2004; 86(1–3), 93–103. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(03\)00143-X](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(03)00143-X)

Smith HF. A discriminant function for plant selection. *Ann. Eugen.* 1936; 7(3), 240–250. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>

Soller M, and Beckmann JS. Genetic polymorphism in varietal identification and genetic improvement. *Theor. Appl. Genet.* 1983; 67(1), 25–33. <https://doi.org/10.1007/BF00303917>

Stanojević D, Đedović R, Bogdanović V, Popovac M, Perišić P, Beskorovajni R, and Lazarević M. The potentials of using selection index in the assessment of breeding values of Holstein breeds in Serbia. *Biotechnol. Anim. Husb.* 2015; 31(4), 523–532. <https://doi.org/10.2298/BAH1504523S>

Tucuch-cauich CA, Rodríguez-herrera SA, and Reyes-valdés MH. ÍNDICES DE SELECCIÓN PARA PRODUCCIÓN DE MAÍZ FORRAJERO. *Agron. Mesoam.* 2011; 22(1), 123–132.

Van Raden PM. Efficient methods to compute genomic predictions. In *Journal of Dairy Science* 2008 (Vol. 91, pp. 4414–4423). Elsevier. <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0980>

Van Tassell CP, Smith TPL, Matukumalli LK, Taylor JF, Schnabel RD, Lawley CT,

Haudenschild CD, Moore SS, Warren WC, and Sonstegard TS. SNP discovery and allele frequency estimation by deep sequencing of reduced representation libraries. *Nat. Methods* 2008; 5(3), 247–252. <https://doi.org/10.1038/nmeth.1185>

Vignal A, and Milan D. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genet. Sel. Evol.* 2002; 34, 275–305. <https://doi.org/10.1051/gse>

Whittaker JC, Thompson R, and Denham MC. Marker-assisted selection using ridge regression. *Genet. Res.* 2000; 75(2), 249–252. <https://doi.org/10.1017/s0016672399004462>

Williams JL, Dunner S, Valentini A, Mazza R, Amarger V, Checa ML, Crisa A, Razzaq N, Delourme D, Grandjean F, Marchitelli C, Garciaa D, Perez GR, Negrini R, Ajmone MP, and Leveziel H. Discovery, characterization and validation of single nucleotide polymorphisms within 206 bovine genes that may be considered as candidate genes for beef production and quality. *Anim. Genet.* 2009; 40(4), 486–491. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01874.x>

Xu S. Estimating polygenic effects using markers of the entire genome. *Genetics* 2003; 163(2), 789–801.

Yang W, Kang X, Yang Q, Lin Y, and Fang M. Review on the development of genotyping methods for assessing farm animal diversity. *Journal of Animal Science and Biotechnology.* 2013; 4(1), <https://doi.org/10.1186/2049-1891-4-2>.

Yi N, Xu S, and Allison D. Bayesian model choice and search strategies for mapping interacting quantitative trait loci. *Genetics* 2003; 165, 867–883.

## Capítulo II: Pruebas de desempeño en ganado BON

En el presente capítulo se utilizó la información de las pruebas de desempeño (PD) realizadas por la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA) desde el año 2011. Estas pruebas se realizan con animales de diferentes orígenes para identificar aquellos que tienen unas características superiores y buscar que sean usados como padres de las siguientes generaciones.

Las PD se desarrollan en fases definidas como: fase de pastoreo donde los animales se alimentan solo de pasto, fase de suplementación masiva donde se inicia con la suplementación a todo el grupo, fase de pastoreo grupal, se realiza suplementación en grupos pequeños de animales y fase de suplementación individual donde se les proporciona suplemento de manera individual a todos los individuos. En la Figura 2 se ilustran las fases de la prueba, en las que se realizan una serie de mediciones y puede suceder que en los animales tengan un desempeño diferente en cada una.



**Figura 2.** Fases de las pruebas de desempeño en ganado Blanco Orejinegro en Colombia.

Estas PD en la raza BON se han convertido en una de las formas que los productores utilizan para la selección de los reproductores, además de medir el desempeño de algunos animales para diferentes características. En el desarrollo de las PD se han incluido una serie de variables de acuerdo con la necesidad de los productores y estas no se incluyen en su totalidad dentro del análisis.

Con este trabajo se pretende proponer un modelo de análisis que permita el uso de los SEM para la construcción del índice que contenga diferentes variables y poder de esta manera clasificar los animales élite con un criterio integral (anexo 1). En este capítulo se responde al objetivo 1 en el cual se propone “Analizar el crecimiento de machos BON sometidos a pruebas de desempeño”. Para garantizar que la selección de animales superiores se realice con un criterio adecuado se planteó evaluar el uso de los SEM en los análisis, estos modelos permiten la integración de una serie de variables siendo más flexible que el modelo utilizado en la selección actual. El modelo actual tiene limitación en la manera como se realizan los análisis, ya que pueden existir algunos efectos en la selección que no son tenidos en cuenta. El artículo de investigación original completo, derivado de este capítulo será publicado en una revista científica cuyo título posiblemente será “Use of structural equation models to evaluate growth of Blanco-Orejinegro sires undergoing performance tests”.

### **Capítulo III: Evaluaciones genéticas**

El ganado BON es una de las razas criollas de mayor población y uso en el país, la raza cuenta con información productiva y genealogía de varias generaciones que son el insumo principal en los programas de selección genética. En este capítulo se utilizó información productiva, genealógica y genómica para la estimación de parámetros genéticos con un modelo genómico-poligénico con varias características de crecimiento para conocer cómo se encuentran las heredabilidades, correlaciones genéticas, correlaciones fenotípicas y como han evolucionado a través de los años. En este capítulo se da cumplimiento a los objetivos “Estimar componentes de covarianza y parámetros genéticos para características de interés productivo en ganado BON con la inclusión de información genómica” y “Estimar las tendencias genéticas para características de interés productivo en la raza BON”.

Se utilizó un modelo que contenía pesos corporales a diferentes edades, donde se encontraron heredabilidades directas entre 0.29 y 0.40, correlaciones genéticas entre 0.13 y 0.94. En cuanto a la correlación entre los valores genéticos del modelo poligénico y modelo genómico poligénico se encontraron entre 0.63 y 0.98 siendo menores para los efectos maternos. No se observó ninguna tendencia genética para las características peso al nacimiento y peso ajustado a los 120 días, en las características peso ajustado a los 240, 480 y 720 días se observó una tendencia creciente la cual se incrementa en los últimos 5 años, coincidiendo con el inicio del programa de selección. El artículo de investigación original completo, derivado de este capítulo será publicado en una revista científica cuyo título posiblemente será “Genetic parameters and trends for growth characteristics in Blanco-Orejinegro cattle using polygenic and polygenic genomic models”.

#### **Capítulo IV: Índices de selección en la raza BON**

Con el desarrollo de este capítulo se pretende proponer un índice de acuerdo con el sistema de producción ganadera del país que sirva como herramienta de selección para los productores en el programa de mejoramiento genético de la raza BON y con este trabajo responder al objetivo 4 en el cual se plantea “Proponer índices de selección para múltiples características que optimicen el progreso genético de la raza BON en Colombia”.

Se probaron índices construidos con diferentes ponderaciones utilizando los parámetros genéticos del modelo con información genómica del capítulo III. Fueron construidos cuatro índices basados en diferentes cambios deseados: 1) Desviaciones fenotípicas de las características con relación a la desviación fenotípica de P240, 2) Ponderaciones económicas de las características según su importancia de acuerdo con literatura consultada, 3) Ponderación por orden de importancia de las características según apreciación de productores y técnicos y 4) ponderación de las características con nota de 1 a 10 otorgada por productores y técnicos, según su importancia.

Los índices fueron comparados por su confiabilidad y los cambios genéticos esperados, buscando no incrementar el peso al nacimiento y generar el mayor incremento en las demás características de peso. Se realizó un proceso de simulación para evaluar los cambios ocasionados a partir del uso de los índices en las características evaluadas y en las características edad al primer parto e intervalo entre el primero y segundo parto, se encontró que los índices propuestos por los productores y técnicos genera un cambio genético mejor balanceado, por lo tanto, fue el índice sugerido. Para este capítulo se construyó un documento el cual será sometido para publicación a una revista científica cuyo título posible será “Genetic selection indices for growth traits in Blanco-Orejinegro cattle”.

### **Consideraciones finales**

En el presente trabajo se utilizaron diferentes modelos estadísticos para el análisis de información proveniente del programa de selección establecido en la raza Blanco Orejinegro (BON). Se logró mediante el uso de modelos de ecuaciones estructurales (SEM) analizar el crecimiento de un grupo de machos participantes de pruebas de desempeño, también se consiguió con el uso de los modelos conocido como SSGBLUP la inclusión de información genómica para la estimación de parámetros genéticos utilizando un modelo multicaracterístico y a partir de los valores genéticos estimados se calcularon las tendencias genéticas y se probaron diferentes índices de selección para ser usados en la raza.

Con los resultados obtenidos a partir del uso de los modelos SEM se consiguió establecer cómo en el desarrollo de las pruebas de desempeño cada una de las tres fases tienen efecto importante sobre el desempeño de los individuos, además se evidencia cómo en las pruebas de desempeño las fases de suplementación masiva y suplementación grupal pueden ser fusionadas. Esto permitió conocer el comportamiento de las fases en el desarrollo de la prueba y plantear los ajustes correspondientes. Al realizar la comparación entre la clasificación de los machos por el FSI estimado por el modelo SEM, con ganancias de peso acumuladas se observó reclasificación en los individuos élite susceptibles para colecta de material seminal, esto permitió inferir que si se utiliza un modelo SEM donde se incluyan todas las características medidas durante el desarrollo de las pruebas la selección de los animales élite se realizará con un mejor criterio.

A partir de los resultados obtenidos se propone el uso de un modelo que incluya todas las variables medidas, para la construcción del índice de toro con el cual se espera un mejor ajuste ya que en él se tienen en cuenta todas las relaciones existentes entre las diferentes variables latentes y medidas.

En cuanto a las pruebas de desempeño es importante continuar con su realización y tratar de incrementar el número de ganaderías que participan en ellas, toda vez que esta es una buena forma de seleccionar reproductores y en la medida que se tenga una mayor participación mejor será la selección de los individuos y mayor será el impacto generado en los cambios genéticos de la población. Esto se puede lograr con la vinculación efectiva de las asociaciones, que puedan instruir sobre la importancia del desarrollo de las pruebas y convocar de manera masiva productores de la raza para su participación.

La estimación de los parámetros genéticos utilizando información genómica con un modelo multicaracterístico es otro aspecto importante porque con esto se puede tener una idea de cuál será la respuesta de las características cuando sean sometidas a presión de selección y de esta manera orientar el proceso para obtener una ganancia genética deseada.

Los resultados obtenidos para los productores son alentadores, ya que las características en las cuales están interesados en hacer la selección tienen un componente genético alto, lo que garantiza que con la identificación adecuada de reproductores y descartes se conseguirá un progreso genético y un mejor comportamiento productivo del hato.

La estimación de las correlaciones genéticas en el presente trabajo será de gran importancia para el programa de mejoramiento genético ya que a partir de estas se puede orientar el programa de selección sobre diferentes características, donde algunas de ellas como P480 y P720 tienen correlación alta y positiva, lo cual hace pensar que puede no ser necesario la inclusión de ambas para la selección, ya que con hacer presión de selección sobre una la otra también cambiará en el mismo sentido, esto va simplificando el proceso al disminuir el número de variables a seleccionar haciendo que la identificación de reproductores sea más fácil.

Para el programa de mejoramiento genético en la raza BON fue de suma importancia el conocimiento de las tendencias genéticas porque permitió conocer el impacto que ha generado en los valores genéticos de características de peso en la raza BON. Como se observó en los resultados el cambio positivo coincidió con el periodo de implementación del programa, lo que alienta a las instituciones y productores para no desfallecer y continuar trabajando para que la raza BON sea importante en los hatos ganaderos del país.

La estimación de los valores genómicos de los animales permite a los productores contar con una herramienta adicional para la selección de individuos probados bajo las condiciones de los sistemas de producción local con una confiabilidad adecuada, esto les permitirá mejorar los parámetros productivos de sus hatos, a partir del incremento real de los valores genéticos de la población.

Es importante recalcar que a pesar de que los productores del país no tienen la cultura de ser rigurosos con la toma de información fenotípica, los esfuerzos realizados por la institucionalidad para cambiar esta práctica han generado un impacto positivo por lo que hoy se cuenta con un volumen de información genealógica y fenotípica importante para la realización de las evaluaciones genéticas y el desarrollo de este tipo de trabajos. Por lo tanto, se debe procurar por el mantenimiento del programa de mejoramiento genético en la raza BON, especialmente en la toma de información además de generar proyectos conjuntos que permitan el incremento en el número de animales con genotipos para disminuir el error en las estimaciones de los parámetros genéticos e incrementar la exactitud de los valores genéticos de los individuos con poca información.

Con el fortalecimiento en la toma de información se debe procurar incluir nuevos fenotipos de interés económico y productivo con el fin de poder obtener valores genéticos en características diferentes a las tradicionales (pesos y reproductivas), ya que características como calidad de carne, tolerancia a estrés

térmico, eficiencia alimenticia, características de evaluación de tipo funcional, susceptibilidad o tolerancia a enfermedades, entre otras están tomado fuerza en los programas de selección.

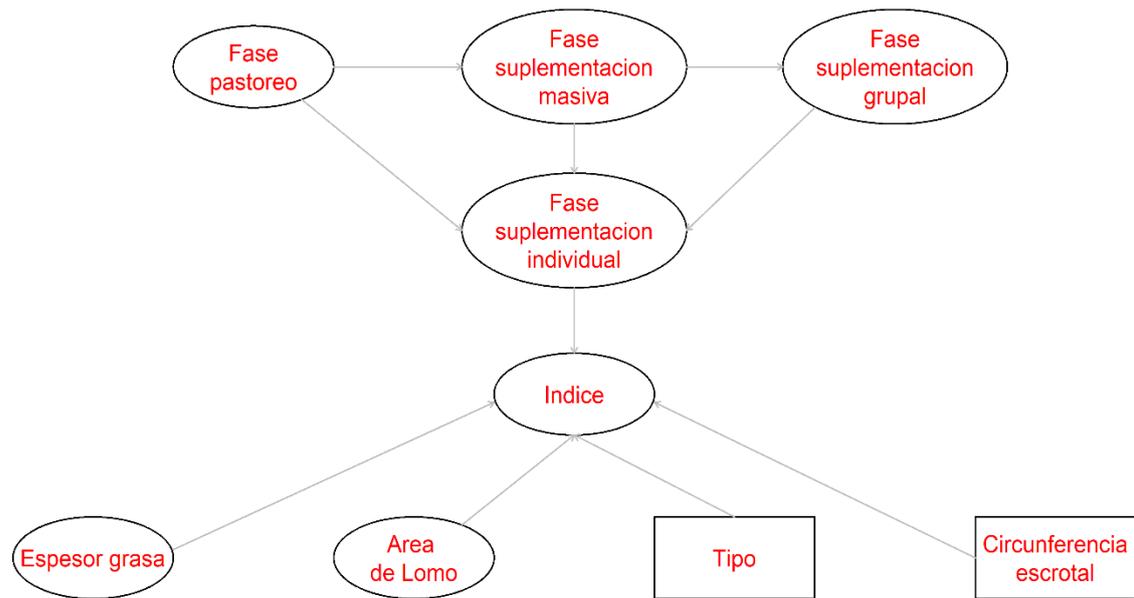
Es importante para la raza la realización de un programa de multiplicación de los animales reportados como élite en el presente trabajo, con el fin de evaluar los cambios en los valores genéticos y fenotípicos de la población para realizar posteriormente una medición del impacto económico que este proceso de selección genere en la ganadería del país.

## **Anexo 1**

### **Modelo teórico de ecuaciones estructurales propuesto para la construcción del índice de toro de las pruebas de desempeño en BON**

Se propone el uso del siguiente modelo en el cual se incluyen todas las variables medidas y a partir de este poder realizar la construcción del índice de toro el cual tenga en cuenta todas las relaciones existentes entre las variables latentes y medidas propuestas. Debe durante el desarrollo de la prueba de desempeño realizarse todas las medidas en los animales para poder construir un índice con el modelo propuesto.

### Modelo Completo



**Figura 3.** Modelo teórico de ecuaciones estructurales propuesto para la construcción del índice de toro de las pruebas de desempeño en BON.