

Genetic evaluation of multibreed populations of milking bovines

Evaluación genética de poblaciones multirraciales de bovinos lecheros

Arelis Hernández¹, Raquel Ponce de León¹, and Sonia Maria García²

¹*Instituto de Ciencia Animal, Apartado Postal 24, San José de Las Lajas, MAYABEQUE, Cuba*

²*Empresa Pecuaria Genética de Matanzas. Finca San Andrés. Limonar. Matanzas, Cuba.*

E-mail: arelishdez@ica.co.cu

In order to fulfill this study, a total of 130,111 records of accumulated milk production, up to 305 days (L305), from three Cuban genetic enterprises and between 1984 and 2013, were used. Out of a total of 61,471 cows, 12,496 belonged to Mambí de Cuba breed (3/4 Holstein 1/4 Zebu), 17,178 Siboney de Cuba breed (5/8 Holstein 3/8 Zebu) and 31,797 Holstein. The purpose of the study was to compare the multibreed genetic evaluation for milk production with genetic evaluations of each breed. To estimate the genetic indicators and breeding values of L305, a univariate animal model was used, which included, as fixed effects, the combination herd-year-four-month period of parturition. The age at parturition was used as linear and square covariable, random effects of the animal, the effect of the environment and residues. Breed was also included as fixed effect in the multibreed genetic evaluation. Heritabilities and repetitions were 0.31 ± 0.01 y 0.40 ± 0.01 for the multibreed genetic evaluation, and 0.18 ± 0.05 and 0.41 ± 0.02 , 0.14 ± 0.05 and 0.41 ± 0.02 , 0.12 ± 0.01 and 0.25 ± 0.01 for the independent racial evaluations of Mambí de Cuba, Siboney de Cuba and Holstein, respectively. In the multibreed genetic evaluation, the estimation of heritability and the accuracy of breeding values for milk production of the three studied breeds increased regarding the evaluations of each individual breed, mainly because of a higher amount of information and higher connectivity among breeds, which contribute to decrease the environmental variance. It can be concluded that the inclusion of multibreed genetic evaluations on the program of genetic improvement of Cuban milking bovines allows to obtain a better accuracy of breeding values, which will also contribute to the increase of the genetic progress for milk production.

Key words: *genetic evaluation, multibreed, crossing*

Introduction

The beginning of genetic improvement in Cuban cattle rearing dates back to the 60's, after being proof, through the use of semen, different breeds specialized in milk production (Holstein, Jersey, and Brown Swiss), which were mated with Zebu cows in order to study the performance of crossed F1 females, under the same conditions. These researches originated the Siboney de Cuba (5/8 Holstein 3/8 Zebu) and Mambí de Cuba (3/4 Holstein 1/4 Zebu) breeds. Between 1981 and 1991, animal husbandry, which was mainly developed for meat animals (88%), changed because 84 % of the animals started to be used for milk production and 16 % of them for meat. From 1992 to 2002, the insemination started with more rudimentary genotypes like Criollo, Milking Zebu (3/4 Zebu 1/4 Holstein) and Zebu, until reaching the current genotypes, a herd under insemination, with the best participation of Siboney de Cuba. An amount

Se utilizaron 130 111 registros de producción de leche acumulada hasta los 305 días (L305), procedentes de tres empresas genéticas cubanas, durante los años 1984 al 2013. De un total de 61 471 vacas, 12 496 fueron de la raza Mambí de Cuba (3/4 Holstein 1/4 Cebú), 17 178 Siboney de Cuba (5/8 Holstein 3/8 Cebú) y 31 797 Holstein. El propósito del estudio fue comparar la evaluación genética multirracial para la producción de leche con las evaluaciones genéticas para cada raza de manera independiente. Para estimar los parámetros genéticos y valores genéticos (VG) de L305 se empleó un modelo animal univariado que incluyó como efectos fijos la combinación rebaño-año-cuatrimestre de parto, la edad al parto como covariable lineal y cuadrática, los efectos aleatorios del animal, el efecto del ambiente permanente y los residuales. En la evaluación genética multirracial se incluyó además como efecto fijo la raza. Las heredabilidades y repetibilidades fueron: 0.31 ± 0.01 y 0.40 ± 0.01 para la evaluación genética multirracial, y de 0.18 ± 0.05 y 0.41 ± 0.02 , 0.14 ± 0.05 y 0.41 ± 0.02 , 0.12 ± 0.01 y 0.25 ± 0.01 para las evaluaciones raciales independientes del Mambí de Cuba, Siboney de Cuba y Holstein, respectivamente. En la evaluación genética multirracial se incrementó el estimado de heredabilidad y la exactitud de los VG para la producción de leche de las tres razas estudiadas con respecto a las evaluaciones de cada raza independiente, debido fundamentalmente a la mayor cantidad de información y mayor conectividad entre las razas, que contribuye a disminuir la varianza ambiental. Se concluye que la incorporación de las evaluaciones genéticas multirraciales, en el programa de mejoramiento genético de los bovinos lecheros cubanos, permite obtener mayor exactitud de los VG, lo cual contribuirá al incremento del progreso genético para la producción de leche.

Palabras claves: *Evaluación genética, multirrazas, cruzamiento*

Introduction

El comienzo del mejoramiento genético en la ganadería vacuna cubana se remonta a la década del 60, cuando fueron probadas, mediante el uso de semen, diferentes razas especializadas en la producción de leche (Holstein, Jersey, Brown Swiss) en apareamiento con vacas Cebú, para estudiar el comportamiento de las hembras cruzadas F1, en igualdad de condiciones. Estas investigaciones dieron lugar al Siboney de Cuba (5/8 Holstein 3/8 Cebú) y al Mambí de Cuba (3/4 Holstein 1/4 Cebú). En la década del 1981-1991 se transformó la ganadería que hasta entonces era fundamentalmente de animales de carne (88%), a una ganadería donde el 84 % de los animales pasaron a ser de líneas de leche y de 16 % a carne. En el periodo de 1992 al 2002 se comenzó a inseminar con genotipos más rústicos como Criollo, Cebú Lechero (3/4 Cebú 1/4 Holstein) y Cebú, hasta lograr lo que actualmente existe, un rebaño en inseminación donde el Siboney de Cuba tiene la mayor

of 56.4 % of all the females from milking breeds included on the genetic herds are Siboney de Cuba and Siboney crossbred, 15.5% are Mambí de Cuba and Mambí crossbred and 6.5 % are Holstein (DG 2012).

Procedures for multibreed genetic evaluations, according to Elzo and de los Reyes (2004), allow to perform more precise additive genetic predictions, a direct comparison of animals from different breed composition, as well as the additive and non-additive genetic improve. It also allows to consider the heterogeneity of variances and covariances among breed groups (pure and crossed)

Nowadays, in Cuban milking breeds (Mambí de Cuba, Siboney de Cuba and Holstein), the accumulated milk production at 305 days of lactation are used as selection criteria, and a uni-trait model is used for the genetic evaluation, through the Animal Model BLUP methodology. This model performs an independent evaluation of each breed, disregarding the fact that populations are multibreed because there is more than one breed in the same herd. On the other hand, breeds obtained from crossing have common ancestors with Holstein breed, so the animals are related in the pedigree. In addition, studies carried out by Acosta *et al.* (2013) reported that Mambí de Cuba and Siboney de Cuba breeds are genetically related. Due to all the previous reasons, the objective of this study was to compare the results of genetic evaluations in milking bovines, using each breed, to those obtained from multibreed evaluations.

Materials and Methods

Records of accumulated milk production, up to 305 days, from Mambí de Cuba ($\frac{3}{4}$ Holstein $\frac{1}{4}$ Zebu), Siboney de Cuba ($\frac{5}{8}$ Holstein $\frac{3}{8}$ Zebu) and Holstein, were used. This data was provided by three genetic enterprises (Empresa Pecuaria Genética de Matanzas, Empresa Los Naranjos and Empresa Camilo Cienfuegos) and it includes the period between 1984 and 2013. All these enterprises are located in the western region of the Republic of Cuba, at the Gulf of Mexico, between 20 and 23° N and 74 and 85° W.

In order to guarantee a better precision for estimating parameters, some data was removed including those lactations with less than 100 days (4.57 % of data), ages at parturition inferior to 24 months (0.31 % of data), milk productions with less than 300 kg (3.98 % of data) and lactations superior to the tenth lactation (0.16% of data). The groups of contemporaries, formed by less than 3 animals, were also removed. The combination of herd-year-four-month period of parturition was considered as group of contemporaries.

The final sample included a total of 130,111 lactations (52,511 Holstein, 35,725 Mambí de Cuba and 41,875 Siboney de Cuba) from 61,471 cows (31,797 Holstein,

Cuban Journal of Agricultural Science, Volume 49, Number 4, 2015
participación. El 56.4 % del total de las hembras de razas lecheras incluidas en los rebaños genéticos son Siboney de Cuba y mestizos de Siboney, el 15.5% son Mambí de Cuba y mestizos de Mambí y el 6.5 % son Holstein (DG 2012).

Los procedimientos de evaluación genética multirraciales, según Elzo y de los Reyes (2004), permiten realizar predicciones genéticas aditivas más precisas, la comparación directa de animales de diferentes composiciones raciales; así como la mejora genética aditiva y no aditiva, además de considerar la heterogeneidad de varianzas y covarianzas entre grupos raciales (puros y cruzados).

Actualmente en las razas lecheras cubanas (Mambí de Cuba, Siboney de Cuba y Holstein) se utiliza como criterio de selección la producción de leche acumulada a los 305 días de lactancia, y para la evaluación genética se usa un modelo unicarácter mediante la metodología BLUP Modelo Animal, donde la evaluación de cada raza se realiza de manera independiente, a pesar de que las poblaciones son multirraciales, pues en un mismo rebaño conviven más de una raza. Por otra parte, las razas obtenidas a partir del cruzamiento tienen ancestros comunes de la raza Holstein, por lo que los animales están relacionados en el pedigrí. Además, en estudios realizados por Acosta *et al.* (2013) informaron que las razas Mambí de Cuba y Siboney de Cuba están relacionadas genéticamente. Por las razones expuestas anteriormente, el presente trabajo se propuso como objetivo comparar los resultados de las evaluaciones genéticas en bovinos lecheros, utilizando cada raza independiente, con aquellos obtenidos de las evaluaciones multirraciales.

Materiales y Métodos

Se utilizaron los registros de la producción de leche acumulada hasta los 305 días de las vacas de las razas Mambí de Cuba ($\frac{3}{4}$ Holstein $\frac{1}{4}$ Cebú), Siboney de Cuba ($\frac{5}{8}$ Holstein $\frac{3}{8}$ Cebú) y Holstein, procedentes de tres empresas genéticas (Empresa Pecuaria Genética de Matanzas, Empresa Los Naranjos y Empresa Camilo Cienfuegos) en el período transcurrido entre los años 1984 al 2013. Todas están localizadas en la región occidental de la República de Cuba, situada en el Golfo de México, entre 20 a 23° N y 74 a 85° O.

Para garantizar una mayor precisión en la estimación de los parámetros se eliminaron aquellas lactancias con menos de 100 días (4.57 % de los datos), las edades al parto inferiores a los 24 meses (0.31 % de los datos), las producciones de leche con menos de 300 kg (3.98 % de los datos) y las lactancias superiores a la décima lactancia (0.16% de los datos). También se eliminaron los grupos de contemporáneos conformados por menos de tres animales. Se consideró como grupos de contemporáneos la combinación de rebaño-año-cuatrimestre de parto.

La muestra final constó con un total de 130 111 lactancias (52 511 de la raza Holstein, 35 725 del Mambí

12,496 Mambí de Cuba and 17, 178 Siboney de Cuba). Males were represented by a total of 1,300 bulls (686 Holstein, 245 Mambí de Cuba and 339 Siboney de Cuba).

In a first analysis, a group of data was used with the information of the three breeds together. Components of variance, heritabilities (h^2), repetitions (r) and breeding values were estimated through ASREML program (Gilmour *et al.* 2003), using the following univariate animal model:

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

Where:

y: vector of accumulated milk production up to 305 days,

b: vector of fixed effects that contain breed effect, groups of contemporaries and age at parturition as linear and square covariable,

a: vector of random effects of the animal,

p: vector of the effect of permanent environment of cow,

X, Z and W: matrixes of design or of incidence that relate fixed, random and permanent environment effects with data, respectively,

e: vector of random residual effects

Later, data were divided into three samples, where each database contained the information of each individual breed. Components of variance, heritabilities (h^2), repetitions (r) and breeding values were estimated per each breed using a similar model. However, the fixed effect of breed was not considered.

The pedigree file was formed by 153,963 individuals. The pedigree information included the three breeds together and up to the grandparents through maternal and paternal line

Results and Discussion

Table 1 shows the statistics (mean, standard deviation and coefficient of variation) estimated from variances, heritabilities and repetitions of milk production up to 305 days, in the analysis of three breeds together (multibreed) and each of them individually. The estimates of additive genetic variances, heritabilities and repetitions were superior in the multibreed analysis. These results come from the use of a sample composed by a higher number of animals related, which included the information of female offspring of Holstein bulls, belonging to Mambí de Cuba and Siboney de Cuba breeds. Therefore, there is an increase of the number of female offspring per bull, contributing to the genetic evaluation of each bull.

Table 2 shows breeding values for milk production up to 305 days and their accuracy in evaluated sires through multibreed analysis and in each breed individually. It demonstrates that using multibreed analysis, there is a better accuracy of the genetic evaluation, mainly because of the inclusion of records

de Cuba y 41 875 del Siboney de Cuba) provenientes de 61 471 vacas, de ellas 31 797 de la raza Holstein, 12 496 Mambí de Cuba y 17 178 del Siboney de Cuba. Los machos estuvieron representados por un total de 1 300 sementales (686 de la raza Holstein, 245 del Mambí de Cuba y 339 del Siboney de Cuba).

En un primer análisis se utilizó el conjunto de los datos con la información de las tres razas juntas. Se estimaron los componentes de varianza, heredabilidades (h^2), repetibilidades (r) y valores genéticos mediante el programa ASREML (Gilmour *et al.* 2003) utilizando el siguiente modelo animal univariado:

$$y = Xb + Za + Wp + e$$

Donde y: es el vector de la producción lechera acumulada hasta los 305 días, b: vector de efectos fijos que contienen el efecto de la raza, el grupo de contemporáneos y la edad al parto como covariable lineal y cuadrática, a: vector de efectos aleatorios del animal, p: vector del efecto del ambiente permanente de la vaca, X, Z y W son las matrices de diseño o de incidencia que relacionan a los efectos fijos, aleatorios y del ambiente permanente con los datos, respectivamente y e: vector de efectos residuales aleatorios.

Posteriormente los datos se dividieron en tres muestras donde cada base de datos contenía la información de cada una de las razas de manera independiente. Se estimaron los componentes de varianza, heredabilidades (h^2), repetibilidades (r) y valores genéticos para cada una de las razas de manera independiente utilizando un modelo similar, excepto que no se consideró el efecto fijo de la raza.

El fichero de pedigrí estuvo conformado por un total de 153 963 individuos. La información del pedigrí incluyó a las tres razas de conjunto y tanto por la línea materna como por la paterna alcanzó hasta los abuelos.

Resultados y Discusión

Los estadígrafos (media, desviación estándar y coeficiente de variación), estimados de las varianzas, heredabilidades y repetibilidades de la producción de leche hasta 305 días, en el análisis de las tres razas de conjunto (multirracial) y de cada una de las razas de manera independiente se presentan en la tabla 1. Los estimados de las varianzas genéticas aditivas, heredabilidades y repetibilidades fueron superiores en el análisis multirracial. Estos resultados se deben al hecho de utilizar una muestra compuesta por un mayor número de animales relacionados, donde se incluyó la información de las hijas de los toros Holstein, que pertenecen a las razas Mambí de Cuba y Siboney de Cuba, por lo que hay un incremento del número de hijas por toro, que contribuyeron a la evaluación genética de cada toro.

En la tabla 2 se muestran los valores genéticos para la producción de leche hasta 305 días y la exactitud de los mismos, en sementales evaluados mediante el análisis multirracial, y de cada una de las razas de manera independiente. Se aprecia que con el uso del análisis multirracial se obtiene una mayor exactitud de la evaluación

Table 1. Statistics and estimators of additive genetic variance (σ^2_a), permanent environment variance (σ^2_p), residual variance (σ^2_e), heritability (h^2) and repetitibility (r) of milk production up to 305 days in the multibreed analysis, and in each breed individually

Indicator	Multibreed	Holstein	Mambí de Cuba	Siboney de Cuba
Mean (kg)	2189.79	2765.56	1960.02	1663.81
Standard Deviation	1115.57	1238.69	839.50	777.25
Coefficient of variation (%)	50.94	44.78	42.83	46.71
σ^2_a	175449	57375.8	51593.3	35485.9
σ^2_p	53137.7	60222.9	65803.8	68794.9
σ^2_e	337035.0	350483.0	171094.0	149821.0
$h^2 \pm SE$	0.31 ± 0.01	0.12 ± 0.01	0.18 ± 0.05	0.14 ± 0.05
$r \pm SE$	0.40 ± 0.01	0.25 ± 0.01	0.41 ± 0.02	0.41 ± 0.02

Table 2. Breeding values for milk production up to 305 days and their accuracy, in sires evaluated through multibreed analysis and in each breed individually

Sire code	Breeding Value	Accuracy	
	Holstein	Multibreed	
1629A	585.4	0.62	0.69
1632A	420.1	0.92	0.96
1693A	419.8	0.97	0.99
Mambí de Cuba			
980	333.5	0.64	0.77
935A	323.5	0.87	0.93
992	204.3	0.82	0.90
Siboney de Cuba			
13049	231.4	0.85	0.92
13242	218.2	0.82	0.91
13046	215.4	0.76	0.86

of crossed breeds (Mambí de Cuba and Siboney de Cuba) and those of the pure breed (Holstein). Therefore, there is database that contains a larger amount of information and better connectivity among animals that contributes to decrease environmental variance.

Elzo and de los Reyes (2004) stated that the methodologies for the genetic evaluation of only one breed assume that all animals in the population belong to a single breed. However, most livestock populations are produced by crossing, either by backcrossing one of the parental breeds, or composed by fractions of several breeds. Crossbred animals function as a connection to pure parental populations, generating a multibreed population consisting of pure and crossbred animals.

In the studied multibreed population, breeds obtained from the crossing (Mambí de Cuba and Siboney de Cuba) have common ancestors of Holstein breed, because 16 Holstein sire are parents of Mambí de Cuba and Siboney de Cuba cows, so the animals of these three breeds are related in the pedigree. Therefore, by forming the pedigree file with the three breeds, there is a higher connectivity among the animals is obtained.

genética, debido fundamentalmente a la inclusión de los registros de razas cruzadas (Mambí de Cuba y Siboney de Cuba) con aquellos de la raza pura (Holstein), por lo que se dispone de una base de datos con mayor cantidad de información y mayor conectividad entre los animales, que contribuye a disminuir la varianza ambiental.

Elzo y de los Reyes (2004) argumentaron que las metodologías para la evaluación genética de una sola raza asumen que todos los animales en la población pertenecen a una raza única. Sin embargo, la mayoría de las poblaciones de ganado son producidas por cruzamientos, ya sea por retrocruce a una de las razas parentales, o compuestas por fracciones de varias razas. Lo animales cruzados sirven como conexión a las poblaciones parentales puras, generando así una población multirracial compuesta de animales puros y cruzados.

En la población multirracial estudiada, las razas obtenidas a partir del cruzamiento (Mambí de Cuba y Siboney de Cuba) tienen ancestros comunes de la raza Holstein, pues 16 sementales Holstein son padres de vacas Mambí de Cuba y Siboney de Cuba, por lo que los animales de las tres razas están relacionados en el pedigrí. Por consiguiente, al conformar el fichero de pedigrí con las tres razas de conjunto, se obtiene mayor conectividad

VanRaden *et al.* (2007) stated that the increase of accuracy in multibreed genetic evaluations is caused by the existence of a larger number of records, because, in herds of mixed breed, the cows of other breeds are additional contemporaries. The present paper stated noted that there is more than one breed in the same herd because 3.4% of the groups of contemporaries were formed by Holstein and Siboney de Cuba animals, 7.4% by Holstein and Mambí de Cuba breed, and 10.9% by Siboney de Cuba and Mambí de Cuba animals.

In the multibreed genetic evaluation, there was an increase of the estimations of heritability, repetition and accuracy of breeding values for milk production, regarding the evaluations of each individual breed, mainly because a higher amount of information and better connectivity among breeds, which contributes to decrease the environmental variance. It can be concluded that the inclusion of multibreed genetic evaluations on the genetic improvement program of Cuban milking bovines allows to obtain a better accuracy of breeding values, which will contribute to the increase of genetic progress for milk production.

entre los animales.

VanRaden *et al.* (2007) plantearon que el incremento de la precisión en las evaluaciones genéticas multirraciales se debe a la existencia de un mayor número de registros, pues en los rebaños de razas mixtas, las vacas de las otras razas son contemporáneos adicionales. En el presente trabajo, se apreció que en un mismo rebaño coexisten más de una raza. El 3,4 % de los grupos de contemporáneos estuvieron formados por animales de las razas Holstein y Siboney de Cuba, el 7,4 % por animales de las razas Holstein y Mambí de Cuba, y el 10,9 % por animales de las razas Siboney de Cuba y Mambí de Cuba.

En la evaluación genética multirracial se incrementó el estimado de heredabilidad, repetibilidad y la exactitud de los valores genéticos para la producción de leche, con respecto a las evaluaciones de cada raza independiente, debido fundamentalmente, a la mayor cantidad de información y mayor conectividad entre las razas, que contribuye a disminuir la varianza ambiental. Se concluye que la incorporación de las evaluaciones genéticas multirraciales, en el programa de mejoramiento genético de los bovinos lecheros cubanos, permite obtener mayor exactitud de los valores genéticos, lo cual contribuirá al incremento del progreso genético para la producción de leche.

References

- Acosta, A.C., Uffo, O., Sanz, A., Ronda, R., Osta, R., Rodellar, C., Martin-Burriel, I. & Zaragoza, P. 2013. Genetic diversity and differentiation of five Cuban cattle breeds using 30 microsatellite loci. *J. Anim. Breed. Genet.* 130: 79–86
- DG. 2012. Sistema integral para la política genética animal. Technical Report. Ministerio de la agricultura. Dirección de genética animal
- Elzo, M. A. & de los Reyes, A. 2004. Perspectives for multibreed genetic evaluation of cattle in Brazil. *Ciencia Animal Brasileira*, 5: 171- 185
- Gilmour, A.R, Gogel, B.J, Cullis, B.R, Welham, S.J & Thompson, R. 2003. ASREML. User Guide Release 1.10
- VanRaden, P. M., Tooker, M. E., Cole, J. B., Wiggans, G. R. & Megonigal, J. H. 2007. Genetic Evaluations for Multibreed Populations. *J. Dairy Sci.* 90:2434–2441

Received: July 5, 2015