

ESTIMACION GENETICA DE 1060 VARIABLES ESPECTRALES MEDIANTE ANALISIS MULTIVARIADOS DE DATOS CRUDOS

Miranda-Alejo^{1,3*}, J.C., Peris^{2,3}, C. y Gómez^{1,3}, E.A.

¹CITA-Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias. ²Universitat Politècnica de València. ³Unidad asociada UPV-IVIA; miranda_jud@gva.es

INTRODUCCIÓN

La información utilizada en los programas de mejora genética que incluyen la calidad química de la leche parte de los análisis de las muestras del Control Lechero Oficial llevados a cabo por los laboratorios oficiales. Estas analíticas se basan en estimas obtenidas indirectamente a partir de los datos espectrales del infrarrojo medio por transformada de Fourier (FT-MIR) de las muestras de leche. Pero ¿qué ocurriría si hiciéramos selección directa por alguna/s de las variables del espectro? (Belay *et al.*, 2018). El objetivo sería proponer un enfoque alternativo, con la predicción directa (PD) evaluando genéticamente a los individuos a partir de los espectros lecheros caprinos habiendo estimado los parámetros genéticos (PG) utilizando o no técnicas de reducción de variables.

MATERIAL Y MÉTODOS

La producción diaria de leche, componentes (grasa, proteína, lactosa, materia seca) y la información sobre efectos asociados (fecha nacimiento, número de lactancia, tipo de parto, etc.) se extrajeron de la base de datos del control lechero oficial de la Asociación de Criadores de la cabra Murciano-Granadina de la Comunidad Valenciana (AMURVAL). También se extrajo el pedigrí, que incluyó 1685 animales. Las 9399 muestras fueron recolectadas durante el ordeño entre los años 2018 y 2021 y sus análisis espectrales fueron realizados en LICOVAL con espectrómetros Milkoscan FT6000. Para este estudio, se utilizaron datos crudos espectrales (DCE) representados por 1060 longitudes de onda (LO). La estimación de PG se realizó en dos fases: (a) utilizando las 1060 LO sin depuraciones y (b) utilizando 281 LO tras las depuraciones (regiones con ruido, sin información química o con poco interés genético), para después realizar un análisis de componentes principales (PCA) (Hair *et al.*, 2004). Se aplicó un modelo animal y para su resolución y obtención de las componentes se utilizó el software R 4.2.1. (R Core Team, 2022) y el paquete breedR 0.12.5 (Muñoz & Sanchez, 2022) que hace uso de la suite BLUPF90+ (Misztal *et al.*, 2018).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la fase (a) se obtuvieron heredabilidades entre 0.00009 y 0.50 a lo largo de las 1060 LO de DCE con un promedio de 0.17, siendo estos resultados semejantes a los reportados por Dagnachew *et al.* (2013) o Soyeurt *et al.* (2010). De estas 1060 LO, 560 presentaban heredabilidades muy bajas (Menores de 0.15) y las estimas de heredabilidad de las restantes 500 eran medias-altas (0.15-0.50). Estas bajas heredabilidades se correspondían, en una alta proporción, con las áreas de ruido. En la fase (b) se partió de las lecturas de las 281 LO mantenidas tras la depuración y se procedió al PCA. La selección de 8 componentes principales explicaba el 98.8% de la variación espectral total y, como muestra, las heredabilidades del PC1 y PC2 fueron de 0.27 y 0.11, respectivamente.

CONCLUSIÓN

Parece existir una base genética aditiva de las lecturas espectrales en diferentes LO, lo que permitiría su selección. La depuración de los DCE y el análisis multivariante nos ha permitido condensar la información en pocas variables, que explican una gran parte de la variación contenida en el espectro completo. Dado que están relacionados con los caracteres de interés, podrían ser propuestos como candidatos para la PD en programas de mejora, ya que estos PC obtenidos también parecen tener una base genética aditiva considerable, con heredabilidades medias.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Belay *et al.* 2018. J. Dairy Sci. 101: 6174–89. • Dagnachew *et al.* 2013. J. Dairy Sci. 96: 3973–85. • Hair *et al.* 2004. *Multivariate data analysis*, 5th Ed. • Misztal *et al.* 2018. Manual for BLUPF90+. • Muñoz and Sánchez 2022. breedR. • R Core. 2022. • Soyeurt *et al.* 2010. J. Dairy Sci. 93(4): 1722–28.

Agradecimientos: a AMURVAL-LICOVAL por ceder los DCE. Este trabajo fue posible gracias al contrato postdoctoral financiado por la Generalitat Valenciana y el Fondo Social Europeo (APOSTD/2021/086) y la financiación de los proyectos RTA2017-00049 e IVIA-52201K con financiación FEDER.