ITEA (2000), Vol. 96A N.° 3, 311-317

ADECUACIÓN DE LA ESTRUCTURA DE DATOS DEL CABALLO DE CARNE EN ÁLAVA PARA UNA ESTIMA DE COMPONENTES DE VARIANZA

A. Legarra*, E. Ugarte*, E. Ruiz de Zárate**

* NEIKER A. B. Granja Modelo Arkaute, Apdo. 46, 01080 Vitoria-Gasteiz, España

** SERGAL, La Paloma, n.° 4, bajo, 01002 Vitoria-Gasteiz, España

RESUMEN

Se han simulado diferentes poblaciones de acuerdo a la estructura de los datos genealógicos y productivos existente en la asociación de ganaderos del caballo de carne de Álava para determinar si dicha estructura permite una correcta estima de componentes de varianza. El modelo utilizado para simular la población fue un modelo aditivo con efectos directos y maternos y efecto del grupo de comparación Rebaño-año. Se simularon un total de 27 poblaciones para las diferentes combinaciones de la heredabilidad del efecto directo (h_d^2 = 0,1, 0,25 y 0,40), la heredabilidad del efecto materno (h_m^2 = 0,1, 0,25 y 0,40) y la correlación genética entre ambos componentes (r_{dm} = 0,2, -0,2 y -0,40). De cada población se hizo un total de 100 repeticiones.

Posteriormente se estimaron los componentes de varianza de los datos simulados mediante una estima REML para un modelo que contemplaba efectos directos y maternos y para otro modelo que sólo contemplaba efectos directos. Tanto las estimas de la heredabilidad del efecto aditivo directo como del materno fueron precisas, sin embargo la estima de la correlación genética entre ambas fue muy imprecisa. Las estimas obtenidas con el modelo que tenía en cuenta sólo el efecto directo sobreestimaron la heredabilidad de este último.

Se concluye que la estructura de datos existente permitiría estimar aceptablemente los componentes de varianza, siempre y cuando se trabaje con un modelo que incluya efectos maternos.

Palabras clave: Componentes de varianza, Estructura de datos, Efectos maternos, Caballo de carne.

SUMMARY

Different populations were simulated according to the genealogical and productive structure of Alava meat horse breeders' association in order to determine the reliability of a variance component estimation in the real population. The simulation model consisted of an additive model, which included herd-year as fixed effect and direct and maternal genetic additive effects. A total of 27 populations were simulated for every combination of the following genetic parameters: heritability of direct effect (h_d^2 = 0.1, 0.25 and 0.40), heritability of maternal effect (h_m^2 = 0.1, 0.25 y 0.40), and genetic correlation between both effects (r_{dm} = 0.2, -0.2 and -0.40). Each population was simulated 100 times.

Afterwards, variance components were estimated from the simulated data using a REML method. In this analysis, two models were considered: the first one dealing with direct and maternal effects, and the second one including only direct effects. In the first model, estimates of direct and maternal effects were accurate, but estimates of genetic correlation showed lack of accuracy. In the second one, the obtained estimates resulted in a highly positive bias.

It can be concluded that the data structure could allow an acceptable variance component estimation, provided that maternal effects are included in the model.

Key words: Variance components, Data structure, Maternal effects, Meat horse.

Introducción

En 1984 se creó en Alava la asociación de ganaderos de equino de Álava (ASGAEQUINO). Forman parte de ella 85 explotaciones que suponen el 25% de las explotaciones existentes en Álava y recogen el 45% del censo existente en este territorio histórico. El 95% de estas cabezas corresponde a caballos de tipo pesado o semipesado que actualmente se destinan a la producción de carne de potro (RUIZ DE ZÁRATE, 1999). Desde su formación, la asociación ha llevado a cabo varios programas entre los que cabe destacar el programa de identificación individual, el programa sanitario, el programa reproductivo y el programa de control de rendimientos. En 1997 se realizó asimismo un estudio de caracterización morfológica que ha servido de base para determinar el estándar racial de los animales y ha permitido la tramitación de su libro genealógico (BOPV, 16/8/99) y que esta agrupación de animales fuera admitida como raza en el catálogo de razas autóctonas españolas como "Caballo de Monte del País Vasco-Euskal Herriko Mendiko Zaldia" (BOE, 21/3/2000). Actualmente, dentro de un proyecto de investigación financiado por el Gobierno Vasco se está trabajando en la caracterización del sistema de producción del caballo de carne y dentro de los objetivos específicos del proyecto está la identificación de los criterios y objetivos para el diseño de un programa de mejora para esta población. Aunque la actividad económica que lleva asociada es pequeña (el consumo de carne de potro en España y Álava supone respectivamente el 0,2% y 0,5% del consumo de carne total; FAO, 1999; DAP, 1997) el apoyo que desde la administración se da a esta especie se justifica al tener en cuenta que la Comunidad Autónoma del País Vasco (CAPV) y Navarra son las únicas zonas dentro de la Unión Europea donde el sistema de producción del caballo de carne es totalmente extensivo maximizando el aprovechamiento del medio natural y ayudando al mantenimiento de la biodiversidad y al mantenimiento de la población en zonas rurales. Ello reporta a la sociedad una serie de valores añadidos de tipo social y económico.

El objetivo que buscan los ganaderos es el de obtener potros que presenten al destete buenos crecimientos a pesar de estar criados en base a un sistema de producción extensivo. El disponer de datos de pesos al nacimiento y de pesos al destete nos permite calcular ese dato. Durante este período el potro es amamantado por su madre, por lo que a la hora de analizar genéticamente esos datos

parece lógico considerar en el modelo los efectos aditivos directo y materno.

En este trabajo se presentan los resultados de uno de los análisis que se han realizado para determinar si la estructura poblacional existente en la actualidad podría permitir trabajar de forma adecuada en el contexto de un programa de mejora genética a la hora de realizar estimas adecuadas de los parámetros genéticos, o bien sería necesario modificar dicha estructura.

Materiales y métodos

Para hacer el estudio se han simulado diferentes poblaciones de acuerdo a los parámetros y estructura de los datos genealógicos y productivos existente en ASGAEQUINO. Esta base de datos recoge información sobre 5509 partos de los cuales tenemos medidas de crecimiento diario. Estos partos corresponden a un total de 2151 yeguas que están repartidas en 106 explotaciones durante 16 años. El fichero de genealogías relacionadas recoge un total de 7570 animales en el pedigrí. El cuadro 1 muestra las características de la población simulada.

Ante la falta de estudios previos correspondientes a estimas de estos componentes en caballo de carne se han tomado como referencia valores obtenidos para el mismo carácter en vacuno de carne (QUINTANILLA y PIEDRAFITA, 2000; BENNETT y GREGORY, 1996; GUTIÉRREZ *et al.*, 1997). Se simularon un total de 27 poblaciones para las diferentes combinaciones de la heredabilidad del efecto directo (h_d^2 = 0,1, 0,25 y 0,40), la heredabilidad del efecto materno (h_m^2 = 0,1, 0,25 y 0,40) y la correlación genética entre ambos componentes (r_{dm}= 0,2, -0,2 y -

Cuadro 1
Características de la población simulada

Parámetro	Valor
N.º de animales en datos (todos con madre conocida)	5.509
N.º de animales en datos con padre conocido	4.822
N.º de padres de animales en datos	225
N.º de madres de animales en datos	2.151
N.º de padres con su propio dato de crecimiento	135
N.º de madres con su propio dato de crecimiento	879
N.º medio de hijos en datos /madre	2,56
N.º medio de hijos en datos /padre	21,40
N.º de animales diferentes en genealogía	7.570
N.º de padres diferentes en genealogía	235
N.º de madres diferentes en genealogía	2.214
N.º de rebaños	106
N.º medio de padres diferentes en cada rebaño-año	1,42
N.º de rebaños con un solo padre en datos	17
N.º de grupos de comparación rebaño-año	797
N.º medio de padres diferentes en cada rebaño	4,07
N.º de rebaños-año con un solo padre en datos	500

0,40). De cada población se hizo un total de 100 repeticiones.

El modelo utilizado para simular la población fue un modelo aditivo que incluía los efectos directo y materno y efecto del grupo de comparación Rebaño-año como efecto fijo, de acuerdo al siguiente modelo:

$$y = Xb + Z_d u_d + Z_m u_m + e$$

donde

y es el vector de observaciones.

b es el vector de efectos fijos (Rebaño-año).

u_d y u_m son los vectores de efectos genéticos directos y maternos.

X, Z_d y Z_m son las matrices de incidencia que relacionan el vector de observaciones con los efectos correspondientes.

En esta simulación sólo se tomó como efecto fijo el efecto grupo de comparación para tener en cuenta su pequeño tamaño y los riesgos de desconexión. Este efecto del grupo de comparación se muestreó de una distribución uniforme acotada de una amplitud de 5 veces la desviación estándar del carácter, de acuerdo a estudios previos realizados sobre datos reales.

Las distribuciones de muestreo de los efectos aleatorios fueron las siguientes:

$$(u_d\ u_m) \sim N((0\ 0), G_0 \otimes A)$$

$$e \sim N(0, I\ \sigma_e^2)$$

siendo A la matriz de correlaciones genéticas aditivas entre los individuos.

G_0 la matriz de varianzas y covarianzas de los efectos genéticos aditivos directo y materno.

I la matriz identidad.

σ_e^2 la varianza residual.

Para realizar la estima de componentes de varianza de los datos simulados se utilizó el programa VCE 4.2.5 por un método REML de gradientes analíticos (NEUMAIER y GROENEVELD, 1998), según un modelo con efectos maternos idéntico al que se utiliza en la simulación. Para completar el estudio se realizó el mismo análisis sin contemplar el efecto materno.

Cuadro 2
Valores obtenidos para la estima de la heredabilidad del efecto aditivo directo, $\hat{h}_d^2$ (media ± desv. est.), en cada combinación simulada de componentes de varianza

		$h_d^2 = 0,1$	$h_d^2 = 0,25$	$h_d^2 = 0,40$
$h_m^2 = 0,1$	$r_{dm} = +0,20$	0,10 ± 0,05	0,24 ± 0,06	0,41 ± 0,07
	$r_{dm} = -0,20$	0,12 ± 0,05	0,26 ± 0,07	0,40 ± 0,07
	$r_{dm} = -0,50$	0,11 ± 0,05	0,26 ± 0,07	0,39 ± 0,07
$h_m^2 = 0,25$	$r_{dm} = +0,20$	0,10 ± 0,05	0,25 ± 0,06	0,39 ± 0,07
	$r_{dm} = -0,20$	0,11 ± 0,05	0,25 ± 0,07	0,39 ± 0,07
	$r_{dm} = -0,50$	0,11 ± 0,05	0,24 ± 0,06	0,39 ± 0,06
$h_m^2 = 0,40$	$r_{dm} = +0,20$	0,10 ± 0,04	0,26 ± 0,05	0,39 ± 0,07
	$r_{dm} = -0,20$	0,10 ± 0,05	0,24 ± 0,07	0,40 ± 0,06
	$r_{dm} = -0,50$	0,11 ± 0,05	0,25 ± 0,06	0,40 ± 0,07

Cuadro 3
Valores obtenidos para la estima de la heredabilidad del efecto aditivo materno, $\hat{h}_m^2$ (media ± desv. est.), en cada combinación simulada de componentes de varianza

		$h_d^2 = 0,1$	$h_d^2 = 0,25$	$h_d^2 = 0,40$
$h_m^2 = 0,1$	$r_{dm} = + 0,20$	0,12 ± 0,04	0,11 ± 0,04	0,10 ± 0,04
	$r_{dm} = - 0,20$	0,11 ± 0,04	0,10 ± 0,04	0,10 ± 0,04
	$r_{dm} = - 0,50$	0,10 ± 0,04	0,10 ± 0,04	0,10 ± 0,04
$h_m^2 = 0,25$	$r_{dm} = + 0,20$	0,25 ± 0,04	0,25 ± 0,04	0,25 ± 0,04
	$r_{dm} = - 0,20$	0,24 ± 0,04	0,25 ± 0,04	0,25 ± 0,04
	$r_{dm} = - 0,50$	0,25 ± 0,04	0,25 ± 0,04	0,25 ± 0,04
$h_m^2 = 0,40$	$r_{dm} = + 0,20$	0,40 ± 0,03	0,39 ± 0,03	0,40 ± 0,03
	$r_{dm} = - 0,20$	0,39 ± 0,03	0,40 ± 0,03	0,40 ± 0,03
	$r_{dm} = - 0,50$	0,39 ± 0,03	0,40 ± 0,03	0,40 ± 0,03

Cuadro 4
Valores obtenidos para la estima de la correlación entre los efectos aditivos directo y materno, $\hat{r}_{dm}$ (media ± desv. est.), en cada combinación simulada de componentes de varianza

		$h_d^2 = 0,1$	$h_d^2 = 0,25$	$h_d^2 = 0,40$
$h_m^2 = 0,1$	$r_{dm} = + 0,20$	0,7 ± 0,38	0,22 ± 0,33	0,24 ± 0,28
	$r_{dm} = - 0,20$	-0,24 ± 0,38	-0,17 ± 0,31	-0,17 ± 0,24
	$r_{dm} = - 0,50$	-0,49± 0,34	-0,46 ± 0,24	-0,48 ± 0,21
$h_m^2 = 0,25$	$r_{dm} = + 0,20$	0,22 ± 0,33	0,26 ± 0,25	0,26 ± 0,24
	$r_{dm} = - 0,20$	-0,15 ± 0,32	-0,17 ± 0,22	-0,18 ± 0,16
	$r_{dm} = - 0,50$	-0,49 ± 0,27	-0,49 ± 0,16	-0,48 ± 0,15
$h_m^2 = 0,40$	$r_{dm} = + 0,20$	0,20 ± 0,26	0,22 ± 0,19	0,21 ± 0,16
	$r_{dm} = - 0,20$	-0,17 ± 0,28	-0,17 ± 0,17	-0,17 ± 0,13
	$r_{dm} = - 0,50$	-0,50 ± 0,21	-0,50 ± 0,11	-0,50 ± 0,09

Resultados

En los cuadros 2, 3 y 4 se pueden ver las estimas REML que se obtuvieron mediante el VCE para cada uno de los ratios de componentes de la varianza ($\hat{h}_d^2$, $\hat{h}_m^2$ y $\hat{r}_{dm}$ respectivamente) en las poblaciones simuladas.

Se observa que las heredabilidades de los efectos aditivos directo (cuadro 2) y materno (cuadro 3) se estiman prácticamente sin sesgo (respecto al valor simulado), y con un

pequeño error de muestreo en todos los casos considerados. Sin embargo, la correlación genética aditiva (cuadro 4) no se estima tan bien, de tal forma que presenta altos sesgos y desviaciones estándar; se observa que su estima es más correcta cuanto más importancia tienen los efectos genéticos aditivos en los datos finales (es decir, en aquellas poblaciones que presentan altas heredabilidades).

Además, en el cuadro 5 se observa que en algunas de las estimas de componentes de varianza se obtuvieron valores de +1 (o -1) en la correlación $\hat{r}_{dm}$.

Estos valores de +1 o –1 podrían ser producto de un error de cálculo en la estima, determinado en parte por la estructura de los datos, tanto más cuanto que son picos aislados en los histogramas de la distribución de $\hat{r}_{dm}$. Se observa que desaparecen al aumentar las heredabilidades materna y directa. Estas estimas se consideraron incorrectas y no se incluyeron en los datos de las tablas 2, 3 y 4.

En el cuadro 6 se muestra el resultado de estimar el componente de efecto directo ($\hat{h}_d^2$,), sin incluir en el modelo de análisis el efecto materno.

Como era predecible, la heredabilidad del efecto directo se estima muy mal, obteniéndose sobreestimas en todos los casos, aunque la misma sea mucho mayor de lo que en un principio se esperaría. Es posible que esto se deba a la peculiar estructura de datos existente.

Conclusiones

1. Consideramos que la estructura actual de datos permite una estima de componentes de varianza con un error aceptable.

2. El efecto materno debe incluirse obligatoriamente en el análisis genético que se realice; no hacerlo llevaría a sobreestimar de forma importante la heredabilidad.

Cuadro 5

Número de veces en las que se estima de la correlación entre los efectos aditivos directo y materno, $\hat{h}_m^2$ (media ± desv. est.), en cada combinación simulada de componentes de varianza

		$\hat{h}_d^2 = 0,1$		$h_d^2 = 0,25$		$h_d^2 = 0,40$	
		$\hat{r}_{dm} = -1$	$\hat{r}_{dm} = +1$	$\hat{r}_{dm} = -1$	$\hat{r}_{dm} = +1$	$\hat{r}_{dm} = -1$	$\hat{r}_{dm} = +1$
$h_m^2 = 0,1$	$r_{dm} = + 0,20$		19		14		9
	$r_{dm} = - 0,20$	3	7		5		1
	$r_{dm} = - 0,50$	5	10		3		
$h_m^2 = 0,25$	$r_{dm} = + 0,20$		8		2		2
	$r_{dm} = - 0,20$		1				
	$r_{dm} = - 0,50$	7					
$h_m^2 = 0,40$	$r_{dm} = + 0,20$		3				
	$r_{dm} = - 0,20$		2				
	$r_{dm} = - 0,50$	6					

Cuadro 6

Valores obtenidos sin incluir el efecto materno en el modelo para la estima de la heredabilidad del efecto aditivo directo, $\hat{h}_d^2$ (media ± desv. est. de 100 repeticiones), en cada combinación simulada de componentes de varianza

		$h_d^2 = 0,1$	$h_d^2 = 0,25$	$h_d^2 = 0,40$
$h_m^2 = 0,1$	$r_{dm} = + 0,20$	0,37 ± 0,04	0,54 ± 0,04	0,68 ± 0,04
	$r_{dm} = - 0,20$	0,28 ± 0,05	0,40 ± 0,04	0,54 ± 0,04
	$r_{dm} = - 0,50$	0,20 ± 0,05	0,29 ± 0,04	0,41 ± 0,05
$h_m^2 = 0,25$	$r_{dm} = + 0,20$	0,67 ± 0,03	0,80 ± 0,03	0,90 ± 0,03
	$r_{dm} = - 0,20$	0,57 ± 0,04	0,68 ± 0,04	0,78 ± 0,04
	$r_{dm} = - 0,50$	0,50 ± 0,04	0,54 ± 0,04	0,63 ± 0,04
$h_m^2 = 0,40$	$r_{dm} = + 0,20$	0,86 ± 0,03	0,94 ± 0,03	0,98 ± 0,01*
	$r_{dm} = - 0,20$	0,78 ± 0,03	0,86 ± 0,03	0,93 ± 0,03
	$r_{dm} = - 0,50$	0,73 ± 0,03	0,76 ± 0,03	0,81 ± 0,03

*Se desecharon 58 estimas con $\hat{\sigma}_e^2 = 0$.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido realizado gracias a la ayuda concedida por el Gobierno vasco y a una beca concedida por el INIA a A. Legarra.

Bibliografía

BENNETT G.L., GREGORY K.E., 1996. Genetic (Co)variances among Birth Weight, 200-day Weight, and Postweaning Gain in composites and parental breeds of beef cattle. J. Anim. Sci., 64, 2598-2611.

BOE, 21/3/2000 N.° 5455. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. Orden del 3 de marzo de 2000.

BOPV, 16/8/99. N.° 3549. Departamento de Agricultura y Pesca del Gobierno Vasco. Orden del 21 de Julio de 1999.

DAP. 1999. Anuario estadístico del sector agroalimentario 1997-1998 C.A.E. Gobierno Vasco.

FAO. 1999. FAOSTAT statistical database. URL: http://apps.fao.org/default.htm.

GUTIÉRREZ J.P., CAÑÓN J., GOYACHE F., 1997. Estimation of direct and maternal genetic parameters for preweaning traits in the Asturiana de los Valles beef cattle breed through animal and sire models. J. Anim. Br. Genet., 114, 261-266.

NEUMAIER A., GROENEVELD E., 1998. Restricted Maximum Likelihood estimation of covariances in sparse linear models. Genet. Sel. Evol., 30, 3-26.

QUINTANILLA R., PIEDRAFITA J., 2000. Efectos maternos en el peso al destete del ganado vacuno de carne: una revisión. ITEA, 96A (1), 7-39.

RUIZ DE ZÁRATE E., 1999. Caracterización del sistema de producción del Caballo de Monte del País Vasco- Euskal Herriko Mendiko Zaldia. 118 pp. Proyecto fin de carrera. ETSIA. Universidad Pública de Navarra.