ITEA (2004), Vol. **100A N.° 3,** 272-275

ANÁLISIS BAYESIANO SOBRE EL DETERMINISMO GENÉTICO DE LA TASA DE CRECIMIENTO DE LAS PEZUÑAS EN PORCINO

R. Quintanilla, L. Varona, J.L. Noguera

Àrea de Producció Animal, Centre UdL-IRTA. Rovira Roure 191, 25198 Lleida

Introducción

El crecimiento excesivo y la consiguiente deformidad de las pezuñas es una anomalía frecuentemente observada en algunas poblaciones porcinas, planteando importantes problemas de manejo. La apreciación de una mayor incidencia de este fenómeno en determinadas familias podría indicar la existencia de un componente de origen genético. En el caso del vacuno, donde la morfología de los aplomos ha sido ampliamente estudiada por su relación con la longevidad, algunos autores han estimado heredabilidades medias para caracteres como la longitud de las pezuñas (*e.g.* CHOI y MCDANIEL, 1993). En la bibliografía no existe sin embargo ninguna referencia al determinismo genético del crecimiento de las pezuñas en porcino.

La presencia o ausencia de un componente genético en el crecimiento anormal de las pezuñas puede ser contrastada mediante técnicas de comparación de modelos. Dentro del paradigma bayesiano, la comparación de modelos se realiza mediante el cálculo de la probabilidad posterior de cada modelo dadas las observaciones fenotípicas. Si se asume *a priori* la equiprobabilidad de los modelos candidatos, la comparación de modelos se circunscribe al cálculo del Factor de Bayes (KASS and RAFTERY, 1995). Recientemente se ha desarrollado un procedimiento para el cálculo de Factores de Bayes en modelos jerárquicos (GARCÍA-CORTÉS *et al.*, 2001; VARONA *et al.*, 2001).

El objetivo de este trabajo es analizar el determinismo genético de la tasa de crecimiento de las pezuñas en tres poblaciones de selección mediante el cálculo de Factores de Bayes.

Material y métodos

Los datos disponibles consistieron en la tasa de crecimiento de las pezuñas de cerdas pertenecientes a tres poblaciones de selección, que denotaremos A, B y C. La tasa de crecimiento de las cerdas se registró mediante puntuación en distintos momentos de su vida reproductiva. Los animales se clasificaron en cuatro categorías, de acuerdo con la tasa de crecimiento de las pezuñas. Finalmente se dispuso de 561, 183 y 225 registros de las tasas de crecimiento de las pezuñas para las líneas A, B y C respectivamente.

La respuesta en tasa de crecimiento de las pezuñas (categorías de 1 a 4) se modelizó con una aproximación probit:

$$f(y \mid T) = \prod_{i=1,n} f(y_i \mid T_i)$$

$$= \prod_{i=1,n} \lambda(T_i<t_1)\ \lambda(T_i=1) + \lambda(t_1<T_i<t_2)\ \lambda(y_1=2) + \lambda(t_2<T_i<t_3)\ \lambda(y_i=3) + \lambda(t_3<T_i)\ \lambda(y_1=4)$$

donde T es la distribución normal subyacente, y t_1, t_2 y t_3 son los umbrales que definen la categoría de respuesta.

El modelo asumido para la variable subyacente (T) variará en los dos modelos candidatos. De este modo:

- en el modelo con variabilidad genética (modelo 1) $T= X\beta + Zu + e$
- en el modelo sin variabilidad genética (modelo 2) $T= X\beta + e$

donde β son los efectos sistemáticos (en este caso granja y número de ciclo del animal), u el vector de efectos genéticos aditivos, e el vector de efectos residuales, y X y Z son las matrices de incidencia que relacionan los efectos fijos y aleatorios con los datos.

La distribución asumida para los efectos genéticos aditivos fue $u\sim N(0, A\sigma_u^2)$, donde A es la matriz de correlaciones aditivas y σ_u^2 la varianza genética aditiva. Finalmente $e\sim N(0, I\sigma_e^2)$, siendo σ_e^2 la varianza residual e I la matriz identidad.

El modelo para la variable subyacente en el modelo con variabilidad genética (modelo 1) puede ser reparametrizado cómo:

$T= X\beta + e^*$,donde $e^*= Zu + e$ y consecuentemente $e^*\sim N(0V)$, siendo

$$V=ZAZ'\sigma_u^2 + I\sigma_e^2 = \sigma_p^2\ (ZAZ'h^2 + I(1 - h^2))$$

donde σ_p^2 es la varianza total subyacente y por tanto h^2 sería la heredabilidad subyacente de la tasa de crecimiento de las pezuñas ($h^2 = \sigma_u^2 / \sigma_p^2$).

Para el modelo con variabilidad genética, las observaciones, las variables subyacentes y los parámetros tienen la siguiente distribución conjunta:

$$p_1\ (y, T, t_1, t_2, t_3, \beta, \sigma_p^2, h^2)$$

$$\propto p_1\ (y \mid T, t_1, t_2, t_3, \beta, \sigma_p^2, h^2)\ p_1\ (T \mid \beta, \sigma_p^2, h^2)\ p_1\ (\beta)\ p_1\ (\sigma_p^2)\ p_1\ (h^2)\ p_1\ (t_2)\ p_1\ (t_3)$$

donde el valor del primer umbral ha sido fijado a cero, i.e.:

$p_1\ (t_1) = 1$ si $t_1=0$; si no $p_1\ (t_1) = 0$.

y los *a priori* asumidos para el resto de parámetros son:

$$p_1\ (\beta) = k_1 \quad \text{si } \beta \in \left[-\frac{1}{2k_1}, \frac{1}{2k_1}\right];$$

si no $p_1\ (\beta)=0$;

$$p_1\ (\sigma_p^2) = k_2 \text{ si } \sigma_p^2 \in \left[0, \frac{1}{k_2}\right];$$

si no $p_1\ (\sigma_p^2)=0$;

$$p_1\ (h^2) = 1 \quad \text{si } h^2 \in [0,1];$$

si no $p_1\ (h^2)=0$;

$$p_1\ (t_2) = k_3 \quad \text{si} \in \left[0, \frac{1}{k_3}\right];$$

si no $p_1\ (t_2)=0$;

$$p_1\ (t_3) = k_4 \quad \text{si} \in \left[0, \frac{1}{k_4}\right];$$

si no $p_1\ (t_3)=0$;

siendo k_1, k_2, k_3 y k_4 valores suficientemente elevados para incluir el rango de posibles valores de los parámetros, asegurando la propiedad de las distribuciones *a priori*.

De acuerdo con GARCÍA-CORTÉS *et al.* (2001) y VARONA *et al.* (2001), el Factor de Bayes del modelo con heredabilidad

(modelo 1) frente al modelo sin variabilidad genética (modelo 2) es:

$$BF = \frac{p_1 (h^2 = 0)}{p_1 (h^2 = 0 \mid I)} = \frac{1}{p_1 (h^2 = 0 \mid I)},$$

dado que $p_1 (h^2 = 0) = 1$

Tal y como fue puesto de manifiesto por estos autores, la obtención del Factor de Bayes sólo requiere el análisis con el modelo más complejo (en este caso el modelo con efectos genéticos aditivos). El análisis bayesiano del modelo 1 se realizó mediante muestreo de Gibbs (GELFAND and SMITH, 1990) con el algoritmo Metropolis-Hasting (HASTINGS, 1970) para muestrear la heredabilidad. Para cada análisis se realizaron un total de 25000 iteraciones después de descartar las 5000 primeras. La convergencia se comprobó mediante el algoritmo de RAFTERY and LEWIS (1992).

Resultados y discusión

Los resultados correspondientes al análisis Bayesiano con el modelo con variabilidad genética sobre los datos de crecimiento de las pezuñas en las tres poblaciones se muestran en el cuadro 1. Puede apreciarse que, en los tres casos, el Factor de Bayes entre los modelos con y sin heredabilidad tomó valores muy superiores a la unidad (321, 16 y 46, con probabilidades posteriores para el modelo con variabilidad genética de 0.99, 0.98 y 0.94 respectivamente). A pesar de haber realizado el análisis con un tamaño de muestra limitado, estos resultados indican que el modelo con variabilidad genética es altamente más probable que el modelo sin determinismo genético.

El cuadro 1 muestra también los estadísticos descriptivos de la distribución marginal posterior de la heredabilidad subyacente para la tasa de crecimiento de las pezuñas en las tres poblaciones de selección analizadas; dicha distribución se representa asimismo en la figura 1. Los estimadores posteriores de la heredabilidad obtenidos con el modelo 1, tanto la media como la moda, tomaron en las tres líneas valores de medios a elevados (entre 0.24 a 0.41), con desviaciones estándar posteriores entre 0.08 y 0.16, por lo que la región de alta densidad posterior para la heredabilidad no incluye el cero.

Cuadro 1. Factor de Bayes entre los modelos con y sin heredabilidad, estadísticos descriptivos de la distribución marginal posterior de la heredabilidad subyacente, y estimadores posteriores para el segundo y tercer umbrales (el primer umbral t_1 se fijó a 0 en todos los casos) obtenidos en el análisis con el modelo con variabilidad genética (modelo 1)

	Línea A	Línea B	Línea C
Factor de Bayes (Probabilidad posterior mod. 1)	321.6 (0.99)	16.5 (0.98)	46.1 (0.94)
Media posterior de h^2	0.25	0.41	0.38
Moda posterior de h^2	0.24	0.40	0.36
Desviación Estándar posterior de h^2	0.08	0.16	0.13
Umbral t_2	1.31 (0.08)	1.62 (0.16)	1.55 (0.12)
Umbral t_3	2.24 (0.10)	2.42 (0.20)	2.12 (0.16)

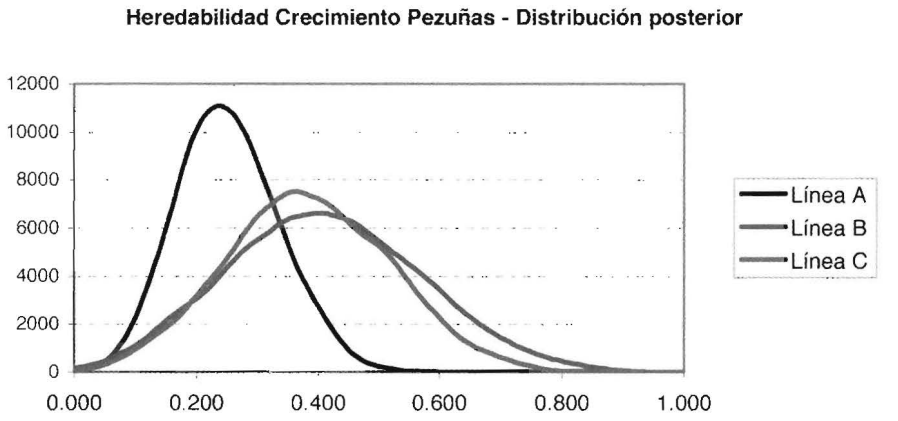


Figura 1. Distribución posterior de la heredabilidad subyacente para la tasa de crecimiento de las pezuñas en las tres poblaciones de selección analizadas.

En función de estos resultados podemos concluir que el carácter crecimiento de las pezuñas tiene un importante determinismo genético en las tres poblaciones analizadas. Estos resultados serían la primera evidencia de un componente genético para este carácter en porcino, e indican la posibilidad de seleccionar en contra del crecimiento de las pezuñas en aquellas poblaciones en las que la deformidad de las uñas plantea problemas de manejo y limita en consecuencia la longevidad de los reproductores.

Biliografía

CHOI Y.S., MCDANIEL B.T., 1993. Heritabilities of measures of hooves and their relation to other traits of Holsteins. Journal of Dairy Science 76: 1989-1993.

GARCÍA-CORTÉS L.A., CABRILLO C., MORENO C., VARONA L., 2001. Hypothesis testing for the genetical background of quantitative genetics. Genet. Sel. Evol. 33: 3-16.

GELFAND, A., SMITH A.F.M., 1990. Sampling based approaches to calculating marginal densities. J. Am. Stat. Assoc. 85: 398-409.

HASTINGS W.K., 1970. Monte Carlo sampling methods using Markov Chains and their applications, Biometrika. 82: 711-732.

KASS R.E., RAFTERY A.E., 1995. Bayes Factors. J. Am. Stat. Assoc. 90: 773-795.

LAVINE M., SCHERWISH M.J., 1998. Bayes Factors: What thye are and what they are not. Am. Stat. 53: 119-122.

RAFTERY, A.E., LEWIS S.M., 1992. How many iterations in the Gibbs Sampler?. In: J.M. Bernardo, J. O. Berger, A. P. Dawid and A.F.M. Smith. (Ed). Bayesian Statistics IV. pp. 763-774. Oxford Univ. Press.

VARONA, L., GARCÍA-CORTÉS L.A., PÉREZ-ENCISO M., 2001. Bayes Factor for detection of Quantitative Trait Loci. Genet. Sel. Evol. 33: 133-152.