HETEROGENEIDAD DE VARIANZAS ENTRE GRANJAS PARA EL PESO AL CONTROL EN PORCINO. APLICACIÓN DE UN MODELO MIXTO MULTIPLICATIVO.

M.R. Pujol[1], J. Piedrafita[1], R. Quintanilla[1], J. Tibau[2]
[1]Dpt. de Patologia i de Producció Animals, UAB. 08193 Bellaterra (Barcelona)
[2]Centre de Control Porcí, IRTA. 17121 Monells (Girona)

INTRODUCCIÓN

Las evaluaciones genéticas del porcino se realizan habitalmente asumiendo homogeneidad de varianzas entre niveles de efectos fijos. En vacuno, numerosos trabajos han puesto de manifiesto la presencia de heterogeneidad de varianzas entre distintos ambientes productivos (p.e. Boldman y Freeman, 1990; San Cristobal et al., 1993; Ibáñez et al., 1996), aunque son menos frecuentes los relativos al porcino (Rook, 1982). El hecho de ignorar la heterocedasticidad puede conducir a una sobrevaloración de los animales con mejores fenotipos que producen en los ambientes más variables. Entre los métodos propuestos para tener en cuenta la heterogeneidad de varianzas se ha considerado el basado en un modelo mixto multiplicativo (Kachman y Everett, 1993), que ha sido aplicado en poblaciones de vacuno por Meuwissen et al. (1996) y Reverter et al. (1997).

El objetivo de este trabajo es analizar la posible existencia de heterogeneidad de varianzas entre granjas, así como valorar la utilidad de escalar los datos mediante un modelo mixto multiplicativo para la evaluación genética del peso al control.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han utilizado datos de peso al control de 7494 animales procedentes de 1640 camadas originadas por apareamientos entre 110 machos y 635 hembras. Esta información fue recogida en 4 núcleos de selección de raza Large White adheridos a la Asociación Catalana de Porcino Selecto, durante los años 1990 y 1994. Los controles de los animales se realizan a una edad aproximada de 160 días. El número de registros para cada una de las granjas, así como los valores fenotípicos para el carácter peso se presentan en la tabla 1.

Inicialmente se estimaron los componentes de varianza considerando el conjunto de todos los datos y paralelamente se realizaron análisis independientes para cada uno de los núcleos. En todos los análisis la metodología de estimación fue la de Máxima Verosimilitud Restringida (Patterson y Thompson, 1971) y los cálculos se hicieron mediante el paquete VCE (Groeneveld 1994).

Para la obtención de los datos escalados se asumió un modelo mixto multiplicativo, donde se sonsidera que las observaciones son homogéneas dentro de granja y heterogéneas entre ellas. Las observaciones pertenecientes a la granja *i* se modelizaron como sigue:

$$\mathbf{y}_i = (\mathbf{X}_i\mathbf{b} + \mathbf{P}_i\mathbf{c} + \mathbf{Z}_i\mathbf{a} + \mathbf{e}_i) \lambda_i$$

donde **X** es una matriz de incidencia que relaciona las observaciones con los efectos fijos incluidos en el vector **b** (granja-año-banda de control, sexo y la covariable edad al final del control); **P** i **Z** son las matrices de incidencia que relacionan las observaciones con los efectos aleatorios de camada **c** y animal **a**, con (co)varianzas $I\sigma^2_c$ y $A\sigma^2_a$ respectivamente; **e** es el vector aleatorio de residuos y λ_i es el factor de escala asociado a la granja *i*.

Siguiendo el desarrollo expuesto por Meuwissen et al. (1996), el vector de factores de escala se obtiene a partir de $\lambda = \exp(\beta/2)$, donde β es un vector de efectos granja desconocidos que se asume fijo. Los niveles en β se estimaron, usando un programa cedido por A. Reverter, a partir del siguiente algoritmo Fisher Scoring:

$$\mathbf{W}^{[m]}\beta^{[m+1]} = \mathbf{W}^{[m]}\beta^{[m]} + \mathbf{z}$$

donde

$$z_i = \frac{1}{2}\left(\frac{\mathbf{y}_i'\mathbf{y}_i - \mathbf{y}_i'\hat{\mathbf{y}}_i}{\sigma^2_e} - n_i \right)$$

siendo n_i el número total de observaciones de la granja *i*; y **W** una matriz diagonal con los siguientes elementos:

$$Var(z_i) = \frac{1}{2}\frac{\hat{\mathbf{y}}_i'\hat{\mathbf{y}}_i}{\sigma_e^2} + \frac{1}{2}n_i$$

El vector $\hat{\mathbf{y}}_i$ se obtiene a partir de la resolución de las ecuaciones de modelo mixto, donde las observaciones están escaladas por el factor λ_i correspondiente a cada nivel del efecto granja .

Los componentes de varianza asumidos fueron los resultantes del análisis del conjunto de los datos. A partir de estas estimaciones se llevó a cabo una primera evaluación genética asumiendo homogeneidad entre ambientes a través del paquete PEST (Groeneveld,1990). Una vez escaladas las observaciones se procedió a una reestimación de los componentes de varianza con la finalidad de comprobar posibles cambios en éstos consecuencia del ajuste de los datos. Además se realizó una predicción de los valores mejorantes con los nuevos parámetros y las observaciones escaladas con la intención de valorar el impacto que tiene en la evaluación genética la corrección por heterogeneidad entre granjas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la tabla 1 se muestran las medias y varianzas fenotípicas de cada una de las granjas para el carácter peso al control. Dichos parámetros presentan cierta variabilidad entre núcleos, siendo los núcleos con mayores medias los que poseen varianzas más elevadas. No obstante, al calcular la varianza de las observaciones una vez ajustadas por los efectos fijos correspondientes, sólo el núcleo C presenta una diferencia relevante respecto al resto.

Los componentes de varianza estimados intranúcleo (tabla 2) muestran un paralelismo con los valores fenotípicos, siendo el núcleo más variable (C) el que presenta componentes de varianza superiores. Sin embargo, este tendencia no se observó en el núcleo B, que aún siendo de baja variabilidad obtuvo una varianza aditiva similar al núcleo C. A pesar de las diferencias entre las estimaciones de componentes de varianza, éstas sólo fueron significativas a nivel residual respecto al núcleo C, puesto que la escasez de información condujo a unas elevadas varianzas de los estimadores. Los cocientes de varianza obtenidos (tabla 2) fueron similares para todos los núcleos analizados y, atendiendo a las precisiones de los estimadores, no se consideraron significativamente distintos, hecho que apoyaría la corrección de varianzas heterogéneas por el método propuesto, donde se asume parámetros homogéneos entre ambientes. De nuevo el núcleo B fue el que presentó resultados más dispares, debido a que el componente aditivo absorbe gran parte de la variabilidad.

Las estimaciones para los factores de escala fueron 0.9321, 0.9345, 1.0867 y 0.9338 para los núcleos A, B, C y D respectivamente. Éstos resultados concuerdan con la variabilidad observada al ajustar los datos por los efectos fijos, siendo el núcleo C el que presenta un factor de corrección de mayor magnitud, mientras que el resto son prácticamente iguales.

El escalado de los datos de cada núcleo a partir de los factores correspondientes conduce a una dispersión de varianzas fenotípicas incluso superior a la original, pero las varianzas de las observaciones corregidas por efectos fijos alcanzan una mayor estabilidad (tabla 3). Resultados similares fueron obtenidos por Reverter et al. (1997) al aplicar un modelo mixto multiplicativo en vacuno de carne. Estos resultados indican que el efecto granja explica gran parte de la heterogeneidad observada entre granjas; las diferencias de variabilidad restantes pueden deberse a fuentes adicionales de heterogeneidad como pueden ser el sexo u otros efectos ambientales.

La reestimación de componentes de varianza posterior a la corrección de las observaciones por la heterogeneidad intranúcleo dio como resultado un ligero incremento de cada uno de los componentes, manteniéndose los parámetros constantes (tabla 4).

Los predicciones de valores genéticos derivadas de los datos escalados y los nuevos parámetros no sufrieron cambios sustanciales respecto a las obtenidas ignorando la heterogeneidad de varianzas: el coeficiente de correlación de Pearson entre los valores genéticos obtenidos fue 0.997, y la correlación de Spearman 0.999; estas correlaciones tan elevadas están en la línea de las encontradas en otros trabajos (Boldman y Freeman, 1990; Reverter et al., 1997). No obstante, cabe esperar que los individuos más afectados sean los que ocupan posiciones extremas en el orden de mérito. De este modo, al analizar el 10% de los animales mejor evaluados se comprobó que un 8% de éstos quedaban fuera de este grupo, perdiendo un promedio de 178 posiciones en el orden de mérito global; todos ellos pertenecían al nucleo C (el más variable), mientras que los animales que los reemplazaron provenían de los otros tres núcleos en igual proporción. De hecho, lo que se observó fue una regresión hacia valores medios

de los animales del ambiente más variable. Ésto sugiere que ignorar la heterogeneidad podría conllevar sesgos importantes al comparar animales de ambientes que muestren distinta variabilidad. Asimismo, el escalado muestra su eficacia en la corrección de la tendencia a seleccionar un mayor número de animales de los ambientes más variables.

Tabla 1. Número de observaciones, media, varianza fenotípica y varianza de las observaciones ajustadas por los efectos fijos del carácter peso al control para cada granja a partir de los datos brutos.

granja	N	media	σ^2_p	σ^2(y-Xb)
A	1762	93.2	121.7	71.4
B	1534	92.5	115.6	72.9
C	2128	100.0	141.1	107.8
D	2070	94.8	135.3	78.0

Tabla 2. Estimaciones de los componentes de varianza intranúcleo (error estándar) del peso al control.

	A	B	C	D
σ^2_a	15.9 (5.1)	30.8 (7.6)	30.4 (6.3)	17.3 (3.4)
σ^2_c	9.0 (1.8)	6.3 (1.6)	14.3 (2.1)	14.2 (1.7)
σ^2_e	53.6 (2.9)	48.1 (4.2)	69.7 (3.8)	51.5 (2.3)
h^2	0.20 (0.06)	0.36 (0.08)	0.27 (0.05)	0.21 (0.04)
c^2	0.11 (0.02)	0.07 (0.02)	0.12 (0.02)	0.17 (0.02)

Tabla 3. Media, varianza fenotípica y varianza de las observaciones ajustadas por los efectos fijos a partir de los datos del peso al control escalados .

granja	media	σ^2_p	σ^2(y-Xb)
A	100.0	139.9	82.3
B	98.9	132.2	83.3
C	92.0	119.5	91.5
D	101.5	155.3	89.5

Tabla 4. Componentes de varianza (error estándar) del peso al control antes y después de corregir respecto a la heterogeneidad de varianzas.

	datos brutos	datos escalados
σ^2_a	21.50 (2.50)	22.61 (2.73)
σ^2_c	11.18 (0.92)	12.22 (1.00)
σ^2_e	57.96 (1.54)	60.02 (1.63)
h^2	0.237 (0.02)	0.238 (0.03)
c^2	0.123 (0.01)	0.129 (0.01)

BIBLIOGRAFÍA

Boldman K.G. y Freeman A.E. 1990. *J. Dairy Sci.* 73: 503.
Groeneveld E., Kovac M., Wang T. 1990. *IV WCGALP.* Edinburgh. Vol. 25: 468.
Groeneveld E. 1994. *V WCGALH.* Guelph, Canada. Vol. 22: 47.
Ibáñez M.A., Carabaño M.J., Foulley J.L., Alenda R. 1996. *Livest. Prod. Sci.* 45: 137.
Kachman S.D. y Everett R.W. 1993. *J. Dairy Sci.* 76: 859.
Meuwissen T.H.E., De Jong G., Engel B. 1996. *J. Dairy Sci.* 79: 310.
Patterson H.D. y Thompson R. 1971. *Biometrika.* 58: 545.
Reverter A., Tier B., Johnston D., Graser H.U. 1997. *J. Anim. Sci.* (en prensa).
Rook A.J. 1982. *Ph.D. Thesis.* Wye College, Univ. London.
San Cristobal M., Foulley J.L., Manfredi E. 1993. *Genet. Sel. Evol.* 25: 3.

Una parte de este trabajo ha sido realizada gracias a la financiación de las becas F.I. y A.D.1 otorgadas a R.Q. y M.R.P. respectivamente por la *Direcció General de Recerca de Catalunya.*