PRECISIÓN DE LA EVALUACIÓN GENÉTICA DE LOS EFECTOS DIRECTOS Y MATERNOS SOBRE EL PESO AL DESTETE EN LA POBLACIÓN *BRUNA DELS PIRINEUS*

R. Quintanilla, J. Piedrafita, M.R. Pujol
Unidad de Genética y Mejora. Facultad de Veterinaria U.A.B. 08193 Bellaterra (Barcelona)

INTRODUCCIÓN

Dada la importancia de los efectos directos y maternos en la expresión del carácter peso al destete en la población *Bruna dels Pirineus* (Quintanilla y col. 1995), éstos deberían ser explotados conscientemente y de forma específica en la selección, aprovechando una nueva fuente de variabilidad genética. Según Van Vleck (1970), la respuesta genética para el carácter peso al destete se maximizaría con la selección de todos los animales, machos y hembras, para un objetivo de selección compuesto que incluyese simultáneamente las evaluaciones genéticas para los efectos genéticos directos y maternos, ponderadas por sus coeficientes económicos. La precisión de estas evaluaciones será por tanto un factor determinante de la respuesta a la selección.

Los objetivos de este trabajo son, en primer lugar, analizar la correspondencia entre las evaluaciones genéticas obtenidas en la población *Bruna dels Pirineus* asumiendo distintos modelos distributivos y, en segundo lugar, analizar la precisión de estas evaluaciones a partir de los resultados obtenidos en poblaciones simuladas con la estructura de datos disponible.

MATERIAL Y MÉTODOS

Datos reales. Tras una depuración previa de los datos, se dispuso de 1638 registros de peso al destete estandarizado a 185 días, procedentes de tres explotaciones y recogidos entre los años 1985 y 1996, descendientes de 34 toros y 470 vacas. La información genealógica disponible constaba de un total de 2121 animales.

Datos simulados. Las simulación se realizó sobre la propia estructura de datos y genealogía disponible para la *Bruna*. Los registros se simularon según un modelo que consideraba cuatro efectos fijos (sexo, edad de la madre al parto, rebaño-año de nacimiento y tipo de parto), los efectos genéticos directo (ED) y materno (EM) y el ambiente permanente materno (APM). El modelo expresado en notación matricial sería: $\mathbf{y} = \mathbf{X\beta} + \mathbf{Z_d u_d} + \mathbf{Z_m u_m} + \mathbf{Z_p u_p} + \mathbf{e}$; los efectos aleatorios se generaron como $(\mathbf{u_d},\mathbf{u_m}) \sim N(0, \mathbf{A}\otimes\mathbf{G_o})$, $\mathbf{u_p} \sim N(0, \mathbf{I}\cdot\sigma_{Ep}^2)$ y $\mathbf{e} \sim N(0, \mathbf{I}\cdot\sigma_e^2)$, siendo $\mathbf{G_o}$ la matriz de varianzas y covarianzas de los ED y EM: $\mathbf{G_o} = [\sigma_d^2 \ \sigma_{dm} \ ; \ \sigma_{dm} \ \sigma_m^2]$. Los valores de efectos fijos fueron las soluciones a las ecuaciones de modelo mixto con los datos reales, y como parámetros de dispersión se tomaron valores próximos a los estimados en la población *Bruna dels Pirineus*: σ_d^2=150, σ_m^2=100, σ_{dm}=-50, σ_{Ep}^2=30 y σ_e^2=300. Se generaron 30 réplicas de 1638 registros, todas con idéntica estructura.

Evaluación genética. La estimación de los componentes de (co)varianza del carácter analizado y la posterior evaluación genética se realizaron considerando cinco modelos operativos que, expresados en notación matricial y de mayor a menor nivel de complejidad, son los siguientes:

- Modelo 1 (Modelo de simulación) $\mathbf{y} = \mathbf{X\beta} + \mathbf{Z_d u_d} + \mathbf{Z_m u_m} + \mathbf{Z_p u_p} + \mathbf{e}$
- Modelo 2 y Modelo 3 (Ambos ignoran el APM) $\mathbf{y} = \mathbf{X\beta} + \mathbf{Z_d u_d} + \mathbf{Z_m u_m} + \mathbf{e}$
  (El modelo 3 ignora además la covarianza entre ED y EM, asumiendo σ_{dm}=0)
- Modelo 4 (Ignora el EM de origen genético) $\mathbf{y} = \mathbf{X\beta} + \mathbf{Z_d u_d} + \mathbf{Z_p u_p} + \mathbf{e}$
- Modelo 5 (Modelo Animal) $\mathbf{y} = \mathbf{X\beta} + \mathbf{Z_d u_d} + \mathbf{e}$

La evaluación genética se realizó mediante Metodología BLUP (Henderson, 1974) utilizando el programa *tkblup* incluido en el paquete ABTK (Golden y col., 1992). Como componentes de (co)varianza se tomaron las estimaciones REML obtenidas previamente en la propia muestra y con el mismo modelo de evaluación, mediante el programa VCE (Groeneveld, 1994). En el caso de las poblaciones simuladas se realizaron dos evaluaciones más por réplica, considerando como componentes de (co)varianza los componentes reales de simulación en vez de las estimaciones; a estos casos se les ha denominado Modelo 1 real y Modelo 2 real.

El contraste de las evaluaciones genéticas obtenidas con los datos reales para los distintos modelos se realizó en términos de la correlación entre las evaluaciones y entre los órdenes de mérito establecidos, y de la media de las diferencias al cuadrado entre los valores genéticos (VG) predichos.

El análisis de la bondad de las predicciones obtenidas con los cinco modelos analizados se realizó en las poblaciones simuladas según los siguientes criterios: **1)** correlación de Pearson con los valores genéticos reales; **2)** correlación entre los órdenes de mérito según su valor genético real y predicho; **3)** varianza del error de predicción promedio (VEP) y **4)** error cuadrático medio (ECM).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La tabla I muestra la correspondencia entre las evaluaciones genéticas para los ED y los EM obtenidas en la población *Bruna* con los distintos modelos de evaluación. Cabe destacar en primer lugar la elevada correlación entre los VG predichos por los distintos modelos, tomando valores en ocasiones próximos a la unidad y en cualquier caso siempre superiores a 0,82. La correlación entre órdenes de mérito presentó siempre valores muy próximos a los de la correlación de Pearson, por lo que los resultados no se muestran en tablas.

La elevada relación existente entre las predicciones con los modelos 1 y 2 nos indican que, en particular en este caso en que el componente ambiental sólo representa un 5% de la varianza total, ignorar el APM prácticamente no afecta la predicción de los ED. En lo que respecta a las predicciones de los EM, si bien la correlación también es elevada indicando que el orden de mérito de los animales no varía sustancialmente cuando se ignora el APM (modelo 2 *vs* modelo 1), las diferencias al cuadrado son mayores que para los ED. La razón probablemente estriba en la confusión existente entre los efectos maternos de origen genético y ambiental, dado el paralelismo entre sus matrices de incidencia, así como la escasa densidad de información genealógica de las madres y que un 24,2% de éstas tan solo tenían 1 descendiente con registro.

El ignorar la covarianza entre ED y EM (modelo 3) da lugar a un aumento de las diferencias con las evaluaciones de modelos más completos. Los modelos 3 y 4 sin embargo ofrecen predicciones para el ED bastante próximas, lo cual indicaría que, disponiendo de una información genealógica limitada, ignorar el parentesco entre las hembras no afecta de forma relevante la predicción del VG directo. Por último, el modelo 5 es el que parece aportar evaluaciones que difieren más del resto, mostrando las menores correlaciones y las mayores diferencias cuadráticas con los valores predichos por los otros modelos, especialmente con los modelos más complejos.

La tabla II muestra, para las predicciones de los VG directos y maternos obtenidas en las poblaciones simuladas, la correlación con los VG reales, el ECM y la VEP. Las correlaciones entre los órdenes de mérito, si bien tomaron siempre valores algo inferiores a las correlaciones entre VG, siguieron exactamente el mismo patrón, por lo que los resultados no se han presentado en tablas.

La correlación de los VG predichos con los reales fue siempre inferior a 0.5, para los tres efectos aleatorios y en todos los modelos. Considerando esta correlación como medida de la precisión media de la evaluación, ésta sería inferior a la esperada en una simple selección fenotípica para un carácter con una heredabilidad de 0.25, como es el caso del ED en las poblaciones simuladas. Este dato no resulta sorprendente si tenemos en cuenta la estructura de los datos analizados: de los 2121 individuos evaluados, sólo 1638 eran individuos con registro, y el resto era evaluado a partir de su información familiar que en ocasiones se limitaba a algún nieto con registro; de los 34 toros con descendientes registrados, sólo 15 tenían más de 20 hijos y 6 disponían de registro propio; de las 470 madres, sólo un 28,1% disponían de registro propio.

En cuanto a la comparación de la precisión obtenida con las distintas evaluaciones, cuando se tomaron los parámetros de dispersión simulados (Modelos 1 real y 2 real) las correlaciones con los VG reales fueron superiores. Entre los análisis que tomaron las estimaciones REML como componentes de (co)varianza, la máxima precisión para la predicción de los ED se obtuvo cuando se ignoraba el APM y la covarianza genética entre ED y EM (modelo 3), si bien para los EM se obtenía una precisión mayor cuando se consideraba esta covarianza en el análisis (modelo 2). Estos resultados contrastan con los obtenidos por Benyshek y col. (1988), los cuales observaron que la predicción de los VG para el ED no se vería afectada por la presencia de una covarianza entre ED y EM, y que una covarianza genética inadecuada afecta principalmente a la predicción del VG materno de los machos. No obstante se debe tener en cuenta que las diferencias en precisión entre los tres primeros modelos que consideran los EM fueron siempre inferiores al 2%, indicando que a efectos prácticos el ordenamiento de los animales no se vería notablemente afectado por el modelo considerado en la evaluación.

Cabe también destacar que la correlación con los VG reales tomó siempre valores superiores para los ED que para los dos efectos maternos (genético y ambiental), lo cual parece razonable si pensamos que es el efecto que determina en mayor medida el registro, para el cual se dispone de más

información puesto que se dispone del fenotipo propio, y que no hay una generación de retraso en su manifestación. No obstante la diferencia en precisión entre las evaluaciones de ED y EM no es demasiado acusada, y es notablemente inferior a la que se encontró en otras poblaciones simuladas con genealogía completa y mayor cantidad de datos (resultados no mostrados en tablas), en las que la precisión para la predicción de los ED alcanzaba valores de 80-90% y para los EM fluctuaba entre 50 y 70% según los parámetros de simulación y el modelo.

En lo que respecta a la VEP, se debe tener en cuenta que ésta sólo coincide con la VEP real cuando el modelo de análisis y el real coinciden, lo cual sólo ocurre en los modelos 1 real y 2 real. Se observa por tanto una infraestimación de la VEP en los dos modelos equivalentes que parten de las estimaciones REML para los componentes de varianza (modelos 1 y 2), lo cual podría estar explicado por la infraestimación que asimismo se obtuvo del componente residual. En cuanto al ECM fue siempre superior a la VEP, indicando un sesgo en la predicción de los efectos aleatorios del modelo que fue especialmente destacable para el ED predicho con el modelo 5, probablemente debido a la confusión de éste con los otros factores no considerados en el modelo. Cuando se tomaron los parámetros de dispersión reales se obtuvo un menor ECM , además de una VEP superior, indicando una reducción del sesgo respecto a los análisis que consideraban los parámetros estimados.

TABLA I. Correlaciones (R) y media de las diferencias al cuadrado (D^2) entre las evaluaciones genéticas para los efectos directos y maternos obtenidas en la población *Bruna dels Pirineus* con los distintos modelos.

EFECTO DIRECTO	Mod. 2	Mod. 3	Mod. 4	Mod. 5	
Mod. 1	0,999	0,935	0,901	0,823	R
	0,032	3,110	3,903	27,839	D^2
Mod. 2		0,934	0,897	0,825	R
		3,399	4,256	27,230	D^2
Mod. 3			0,986	0,935	R
			0,581	27,093	D^2
Mod. 4				0,951	R
				22,454	D^2

EFECTO MATERNO	Mod. 2	Mod. 3	
Mod. 1	0,993	0,911	R
	1,391	3,826	D^2
Mod. 2		0,949	R
		2,923	D^2

TABLA II. Correlación con los con VG reales, ECM y VEP promedio, de las predicciones de los efectos directos y maternos obtenidas asumiendo distintos modelos en las 30 réplicas simuladas.

EFECTO DIRECTO	Correlación	ECM	VEP
Modelo 1	0,437	123,28	62,40
Modelo 1 real	0,470	116,86	70,64
Modelo 2	0,438	122,86	66,22
Modelo 2 real	0,470	116,91	70,79
Modelo 3	0,446	122,08	61,50
Modelo 4	0,420	133,23	81,28
Modelo 5	0,378	195,83	116,55

EFECTO MATERNO	Correlación	ECM	VEP
Modelo 1	0,366	84,71	46,42
Modelo 1 real	0,409	80,61	52,75
Modelo 2	0,383	85,03	60,89
Modelo 2 real	0,406	82,13	68,16
Modelo 3	0,376	84,10	48,58

BIBLIOGRAFÍA

Benyshek L.L., Johnson M.H., Little D.E., Bertrand J.K. y Kriese L.A. 1988. *J. Dairy Sci.* 71, s2, 35-53.

Golden B.L., Snelling M.W., Mallinckrodt C.H. 1992. *Exp. Sta. Tech. Bull. LTB92-2.* Colorado State University.

Groeneveld E. 1994. *V WCGALP.* Guelph, Canada. Vol. 22, 47-48.

Henderson C.R. 1974. *J. Dairy Sci.* 57, 963-972.

Quintanilla R., Pujol M.R., Piedrafita J. 1995. *VI Jor. Prod. Animal. AIDA,* Zaragoza. *ITEA* 16, Vol. extra, 230-232.

Van Vleck L.D. 1970. *Biometrics* 26, 477-483.

Este trabajo ha sido realizado en parte gracias a la financiación de sendas becas de F.I. y de A.D.1 otorgadas por la *Direcció General de Recerca de Catalunya* a R.Q. y M.R.P. respectivamente.