ANALISIS BAYESIANO DEL EFECTO DE LA SELECCIÓN EN LAS CURVAS DE CRECIMIENTO EN PESO VIVO EN EL CONEJO

A. Blasco*, M. Piles*, L. Varona+ and M.Pla*

* Dep. Ciencia Animal. UPV. Apartado 22012. Valencia 46071
+ Ente UdL-IRTA. Rovira Roure, 177. Lleida

INTRODUCCIÓN

Entre las diversas formas de describir el crecimiento, el ajuste de curvas es la forma más extendida, pues permite resumir en pocos parámetros un proceso complejo. Las curvas de crecimiento en peso vivo son útiles para examinar las consecuencias de la selección por crecimiento y establecer futuras estrategias. Por ejemplo, un incremento en peso adulto es poco deseable dado que incrementa los costes de mantenimiento y hace más difícil el manejo de los animales. Además, un cambio en la pendiente de la curva hace más eficaz el proceso de crecimiento. Sin embargo, la comparación de curvas de crecimiento no es sencilla puesto que se desconoce la distribución muestral de los coeficientes. Además, los errores están correlacionados debido a la repetición de medidas en un mismo individuo y a que los individuos están emparentados. Finalmente la varianza del error crece con la edad hasta estabilizarse en el estado adulto, y los coeficientes de la curva se ven afectados por efectos ambientales sistemáticos y por los efectos genéticos que producen las correlaciones entre individuos. Recientemente Blasco y Varona (1999) han propuesto una solución bayesiana a este problema, basándose en la propuesta de Varona et al. (1997) para el ajuste de curvas no lineales. En este trabajo nos proponemos examinar el efecto de la selección por velocidad de crecimiento en las curvas de crecimiento de conejos.

MATERIAL Y METODOS

Animales: Los animales provienen de una línea sintética seleccionada por velocidad de crecimiento desde el destete (28 días aprox.) al momento de sacrificio (63 días aprox.). Fueron congelados embriones de las generaciones 3 y 4, y descongelados posteriormente para ser contemporáneos de gazapos de la generación 10. El grupo control (C) lo componen hijos de los animales descongelados, y el grupo seleccionado (S) hijos de la generación 10. Ambos grupos fueron contemporáneos. Un total de 137 animales de ambos grupos fueron pesados dos veces por semana las primeras dos semanas, y una vez por semana hasta las 20 semanas de edad. Los machos siguieron pesándose semanalmente hasta las 40 semanas de edad; no así las hembras, que entraron en reproducción y ya no fueron pesadas.

Modelo de crecimiento: El modelo ha sido descrito en detalle por Blasco y Varona (1998). De forma sumaria, propone que los datos individuales siguen una curva de Gompertz,

$$\left(y_{ij}|a_i,b_i,k_i,\sigma_j^2\right)\sim N\left\{a_i\cdot\exp\left[-b_i\cdot\exp\left(-k_i\cdot t_j\right)\right],\sigma_j^2\right\}$$

cuyos parámetros están sometidos a efectos ambientales sistemáticos, efectos genéticos aleatorios y un efecto ambiental también aleatorio.

$$\left(a,b,k\mid\boldsymbol{\beta}_a,\boldsymbol{\beta}_b,\boldsymbol{\beta}_k,\mathbf{u}_a,\mathbf{u}_b,\mathbf{u}_k,\mathbf{R}\right)\sim N\begin{pmatrix}\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}_a+\mathbf{Z}\mathbf{u}_a\\ \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}_b+\mathbf{Z}\mathbf{u}_b\\ \mathbf{X}\boldsymbol{\beta}_k+\mathbf{Z}\mathbf{u}_k\end{pmatrix},\mathbf{R}\otimes\mathbf{I}$$

Donde los efectos ambientales y los genéticos tienen distribuciones a priori:

$$(\beta\mid\mathbf{m},\mathbf{V})\sim N(\mathbf{m},\mathbf{V})\ ;\ (\mathbf{u}\mid\mathbf{G})\sim N(\mathbf{0},\mathbf{G}\otimes\mathbf{A})\ ;\ \mathbf{R}=IW(\mathbf{S}_R,n_R)\ ;\ \mathbf{G}=IW(\mathbf{S}_G,n_G)$$

siendo $\mathbf{m}$ y $\mathbf{V}$ subjetivas, y siendo las distribuciones de $\mathbf{R}$ y $\mathbf{G}$ Wishart invertidas Los errores de ajuste son independientes y crecen hasta estabilizarse, siguiendo su desviación típica una ley de Gompertz:

$$\sigma_j=a_0\cdot\exp\left[-b_0\cdot\exp\left(-k_0\cdot t_j\right)\right]$$

Inferencia estadística: Hallaremos la densidad posterior conjunta de todos los parámetros dados los datos, y las densidades marginales.

$$f(\mathbf{p},\beta,\mathbf{u},\mathbf{G},\mathbf{R},\mathbf{p}_\varepsilon\mid\mathbf{y})=f(\mathbf{y}\mid\mathbf{p},\mathbf{p}_\varepsilon)f(\mathbf{p}\mid\beta,\mathbf{u},\mathbf{R})f(\beta)f(\mathbf{u}\mid\mathbf{G})f(\mathbf{G})f(\mathbf{R})f(\mathbf{p}_\varepsilon)/f(\mathbf{y})$$

donde $\mathbf{p}$ es el vector que contiene los parámetros (a,b,k) y $\mathbf{p}_\varepsilon$ el que contiene los parámetros (a_0, b_0, k_0). Para hallar las densidades marginales se usó un muestreo de Gibbs con tres cadenas de 100.000 muestras, un periodo inicial de 10.000 muestras y se guardaron una de cada 10, por lo que se dispuso de 9.000 muestras para el análisis. Los valores subjetivos a priori de $\mathbf{m}$, $\mathbf{V}$, $\mathbf{S}_R$, n_R, $\mathbf{S}_G$, n_G se basan en un experimento previo de Blasco y Gómez (1993) realizado en la misma línea. Se probaron tres 'a prioris'. Una discusión detallada sobre la construcción de los 'a prioris' se encuentra en Blasco et al. (1999). La respuesta a la selección por velocidad de crecimiento se estimó como diferencia entre grupos S y C en un modelo animal con efectos grupo y sexo.

Resultados

Los a prioris apenas afectaron a los resultados, por lo que ofrecemos sólo los resultados obtenidos con a prioris planos. La selección tuvo éxito, aumentando la velocidad de crecimiento un 9.3%, en torno a un 1.5% de la media por generación (tabla 3). Una consecuencia poco deseable es que el peso adulto también aumentó (parámetro a de la curva, tabla 4) cerca de un 10%, mientras que los parámetros relacionados con la pendiente de curva apenas cambiaron, algo que había sido ya predicho por Taylor (1985).

Las heredabilidades fueron elevadas, lo que no es sorprendente, puesto que se calculan excluyendo la varianza del ajuste; esto es, sólo se tiene en cuenta la variabilidad ambiental del modelo, la contenida en $\mathbf{R}$, dado que la del ajuste es variable y no es posible considerarla. Los valores dados para los parámetros genéticos por otros autores en pollo, vacuno o ratón se basan en ajustar

previamente las curvas y examinar la variabilidad genética de los parámetros ajustados, por lo que tampoco tienen en cuenta la variabilidad del error de ajuste y sus heredabilidades son también elevadas (ver Blasco et al., 1999 para una revisión). Las correlaciones genéticas son muy variables en la literatura. En nuestro caso no parecen ser muy elevadas, por lo que es posible que se pudiera modificar la pendiente de la curva sin cambiar el peso adulto.

Tabla 1. Media y desviación típica (entre paréntesis) de las densidades marginales posteriores de la velocidad de crecimiento (VC) y los pesos al destete (PD) y al sacrificio (PS). C: Control. S: Seleccionado.

	C	S	S-C
PD (g)	574 (26)	607 (22)	33 (32)
PS (g)	2159 (56)	2337 (47)	178 (67)
VC(g/d)	45.3 (1.1)	49.5 (0.9)	4.22 (1.3)

Tabla 2. Media y desviación típica (dt) de las densidades marginales posteriores de los parámetros de la curva de Gompertz. C: Grupo control. S: Grupo seleccionado. M: machos. H: Hembras

	a	dt	*b*	dt	*k*	dt
CM	4392	39	4.39	0.029	0.0289	0.00028
CH	4592	44	4.45	0.029	0.0287	0.00031
SM	4848	19	4.33	0.024	0.0281	0.00022
SH	4750	37	4.50	0.030	0.0305	0.00028
SM-CM	456	43	-0.063	0.032	-0.00078	0.00032
SH-CH	157	55	0.053	0.029	0.0019	0.00036
S-C	307	36	-0.005	0.024	0.0005	0.00025

Tabla 3. Media y desviación típica (entre paréntesis) de las densidades posteriores de las heredabilidades (diagonal) y correlaciones genéticas (sobre la diagonal) de los parámetros de la curva de Gompertz

	a	*b*	*k*
a	0.64 (0.16)	-0.42 (0.26)	-0.49 (0.27)
b		0.75 (0.14)	0.58 (0.26)
k			0.51 (0.18)

Referencias

Blasco A., Gómez E. 1993. A note of growth curves of rabbit lines selected on growth rate or litter size. *Animal Production*. 57: 332-334.

Blasco A., Varona L. 1999. Ajuste y comparacion de curvas de crecimiento. *ITEA*.

Blasco A., Piles M., Varona L., Pla M. 1999. A Bayesian analysis on the effect of selection for growth rate on growth curves in rabbits. *Genetics* (remitido).

Taylor St. C. S. 1985. Use of genetic size-scaling in evaluation of animal growth. *Journal of Animal Science*. 61 Suppl. 2: 118-143.

Varona L., Moreno C., Garcia L.A., Altarriba J. 1997. Multiple Trait genetic analysis of underlying biological variables of production functions. *Lives. Prod. Sci.* 47:201-209.