APLICACIÓN DE LA METODOLOGÍA BAYESIANA EN LA ESTIMA DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA LA PRODUCCIÓN DE LECHE

D. Hernández[1], P. López[1], M.J. Carabaño[1], R. Alenda[2]
[1]Depto. de Mejora Genética y Biotecnología, INIA. Apdo. 8111, 28080 Madrid
[2]Depto. de Producción Animal. ETSIA. Ciudad Universitaria s/n 28040 Madrid

INTRODUCCIÓN

En un trabajo previo (Hernández y col., 1998) se planteó la actualización de las estimas de parámetros genéticos de los caracteres de producción lechera en la raza Frisona española mediante la utilización de nuevos procedimientos que permiten la utilización de bases de datos más numerosas. En ese trabajo se utilizó la totalidad de datos disponibles para la valoración nacional, obteniendose valores de heredabilidad para los caracteres kg de leche y kg de proteína próximos a 0.23, frente al valor 0.25, empleado en las valoraciones nacionales de esta raza. Estimas recientes obtenidas sobre muestras de esta misma población son cercanas a 0.26 (Ibáñez y col., 1999, Rekaya, 1997) o ligeramente superiores (Charffeddine, 1998). Por otra parte, las actualizaciones de parámetros genéticos en otras poblaciones de ganado Frisón han producido estimas de heredabilidades al alza, en torno o por encima del valor 0.30. La participación de nuestro país en comparaciones internacionales da más relevancia al valor que se asigna a la heredabilidad en la valoración nacional. Una de las causas de la menor heredabilidad en el estudio que incluía la totalidad de los datos podría ser la incorporación al control lechero de una alta proporción de animales provenientes de CC.AA. con baja heredabilidad. En un estudio previo sobre la heterogeneidad de varianzas en el carácter kg de leche se detectaba mediante la utilización de un modelo estructural sobre las varianzas (Foulley y col., 1990) una heterogeneidad de heredabilidades ligada al factor región (Ibáñez y col., 1999).

El objetivo de este trabajo fue el de estimar parámetros genéticos en las diferentes CC.AA. que aportan datos para la valoración nacional. Con ello se pretende investigar las posibles causas de la relativamente baja heredabilidad encontrada al nivel nacional y contrastar los resultados encontrados previamente sobre heterogeneidad de heredabilidades en la población Frisona española.

MATERIAL Y MÉTODOS

El archivo original con los datos disponibles para la valoración nacional de vacuno Frisón de enero-1998 para kg de leche fue dividido en 12 archivos de acuerdo con la comunidad autónoma (CA) de procedencia. Los datos y la genealogía fueron aportados por CONAFE. En la primera parte de la Tabla 1 se muestra el número de datos por CA.

La estimación de los parámetros de interés, los componentes de varianza y la heredabilidad y repetibilidad, se llevó a cabo con los datos de cada uno de los 12 archivos por separado. Se utilizó un procedimiento Bayesiano asociado al algoritmo de muestreo de Gibbs para obtener las distribuciones marginales a posteriori de los mencionados parámetros.

El modelo aplicado fue el que actualmente se emplea en la valoración nacional de Frisón (Pena, 1998. Comunicación personal), que es un modelo animal de medidas repetidas. La especificación de las distribuciones a priori, verosimilitud y distribuciones condicionales requeridas para la implementación del procedimiento de estimación pueden encontrarse en Hernández y col. (1998). El programa informático utilizado fue desarrollado por Rekaya (1997).

La implementación del muestreo de Gibbs se hizo mediante el uso de una única cadena larga, excepto en las primeras 15.000 iteraciones. Durante esta fase inicial se utilizaron dos cadenas que partían de distintos valores iniciales pero usaban la misma semilla para generar el muestreo aleatorio, de acuerdo con el método de cadenas pareadas propuesto por Johnson (1996).Una vez determinado el periodo mínimo de calentamiento, se obtuvo el número efectivo de muestras y la autocorrelación entre las mismas a partir de 4000 puntos obtenidos tras el calentamiento y con un intervalo entre muestras determinado por el procedimiento

de Raftery y Lewis (1992). A partir del número de tamaño efectivo más bajo se calculó el número de iteraciones necesarias para obtener un total aproximado de 1000 muestras independientes.

RESULTADOS

En las Tablas 1 y 2 se presentan los estadísticos de tendencia central y la varianza de las distribuciones marginales posteriores de la heredabilidad y repetibilidad y de las varianzas, respectivamente. Todos los parámetros presentan valores acordes con los valores globales encontrados previamente para el total de datos(Hernández y col., 1998). Por otra parte, no se han detectado heredabilidades más bajas en CC.AA. que han incorporado más recientemente explotaciones al control lechero (caso de Galicia). Una posible explicación a la menor heredabilidad observada en el mencionado estudio podría ser la incorporación de grupos genéticos en el modelo, factor no considerado en otros trabajos en los que se han obtenido estimas más altas para esta población (Rekaya, 1997, Charffeddine, 1998, Ibáñez y col., 1999). De acuerdo con el trabajo de Pieramati y Van Vleck (1993), la inclusión de grupos genéticos reduce las estimas de varianza aditiva, lo que podría traducirse en menores estimas de la heredabilidad.

Tabla 1.- Número de lactaciones, número de animales con datos, estadísticos de tendencia central y varianza de la distribución marginal posterior de la heredabilidad y repetibilidad del carácter kg de leche en cada comunidad autónoma.

			Heredabilidad			Repetibilidad		
	N. Lact.	N. Anim.	Media	Moda	Varianza	Media	Moda	Varianza
Andalucía	52941	25822	0.2052	0.2023	1.379E-4	0.4394	0.4396	3.602E-5
Aragón	16988	8008	0.2507	0.2498	3.701E-4	0.4749	0.4744	8.987E-5
Asturias	88117	38531	0.2107	0.2091	1.098E-4	0.4594	0.4590	2.296E-5
Baleares	91701	32313	0.2282	0.2254	1.133E-4	0.4586	0.4587	2.353E-5
Cantabria	125094	56899	0.2489	0.2485	9.505E-5	0.4469	0.4468	6.582E-5
Cast-León	25527	16233	0.1883	0.1858	3.025E-4	0.4715	0.4722	8.326E-5
Cast-Mancha	11743	7488	0.2002	0.2017	4.737E-4	0.4037	0.4036	2.127E-4
Cataluña	154364	65872	0.2296	0.2297	4.181E-5	0.4723	0.4726	1.568E-5
Galicia	239677	110508	0.2427	0.2435	5.203E-5	0.5297	0.5294	6.461E-6
Madrid	17893	9052	0.1747	0.1841	3.521E-4	0.4281	0.4295	1.124E-4
Navarra	90182	34929	0.2397	0.2401	1.073E-4	0.4728	0.4730	1.916E-5
País Vasco	166822	58537	0.2532	0.2520	5.715E-5	0.4618	0.4619	1.171E-5
Valencia	3837	1965	0.1276	0.1183	8.222E-4	0.3173	0.3175	5.974E-4

En cuanto a la heterogeneidad de varianzas, puede observarse en la Tabla 2 que existe una heterogeneidad de varianzas entre CC.AA., más marcada para las varianzas residuales que para las genéticas y permanentes. Parece observarse una tendencia a observar una menor varianza residual en las CC. AA. pertenecientes a la Cornisa Cantábrica y a Baleares, frente a las CC.AA. de las regiones más secas. Unas condiciones ambientales más homogéneas en los sistemas de explotación de la Cornisa Cantábrica podría ser una explicación. Otra explicación sería un efecto de escala, ya que algunas de las comunidades con menor variabilidad residual muestran un coeficiente de variación fenotípico más alto.

La heterogeneidad en heredabilidades es, sin embargo, relativamente baja en las CC.AA. que aportan el mayor volúmen de datos a la valoración, si bien se han encontrado valores de heredabilidad notablemente bajos en algunas CC.AA. con

menor volumen de datos. Este resultado contrasta con la mayor heterogeneidad de heredabilidades encontrada en el estudio de Ibáñez y col. (1999). La inclusión de un volumen importante de datos más recientes y la utilización de distinta metodología podrían explicar las diferencias entre ambos estudios.

Tabla 2.- Estadísticos de tendencia central y varianza de la distribución marginal posterior de las varianzas del carácter kg de leche en cada comunidad autónoma.

	Varianza Aditiva			Varianza Permanente			Varianza Residual		
	Media	Moda	Varianza	Media	Moda	Varianza	Media	Moda	Varianza
Andalucía	189897	187783	1.33E+8	216614	216011	1.07E+8	518644	517421	2.21E+7
Aragón	247992	247159	4.27E+8	221688	222775	3.16E+8	519161	519001	6.34E+7
Asturias	170530	168609	8.32E+7	201336	201879	5.42E+7	437380	437588	8766441
Baleares	188977	186264	9.61E+7	190745	190928	4.40E+7	448277	448434	9012490
Cantabria	172091	172469	4.84E+7	136894	136898	3.27E+7	382652	381874	2.33E+8
Cast-León	170387	167881	2.71E+8	256249	257860	2.54E+8	478115	477020	5.86E+7
C.-Mancha	210481	209417	5.84E+8	213776	209653	5.38E+8	626477	627622	2.08E+8
Cataluña	212714	212296	4.15E+8	224927	224809	4.18E+7	488494	488279	6868859
Galicia	409781	409598	3239173	250086	251257	3.47E+7	409781	409598	3239173
Madrid	179809	190313	4.16E+8	260512	259807	3.47E+8	588032	587839	9.05E+7
Navarra	221381	222123	1.07E+8	215321	215037	6.97E+7	486825	486874	9410925
País Vasco	197426	196153	4.18E+7	162680	162932	2.52E+7	419679	419586	4300264
Valencia	122933	112544	8.05E+8	182595	182737	1.14E+9	656578	653697	5.41E+8

CONCLUSIONES

De acuerdo con los resultados de este estudio y del estudio que consideraba el total de datos, no parece justificado modificar al alza el actual valor de heredabilidad empleado en la evaluación nacional. Por otra parte, la notable heterogeneidad de heredabilidades entre regiones encontrada en un estudio previo se ha visto reducida en este trabajo. Esto hace que la premisa de heredabilidad constante asumida por el actual procedimiento de ajuste de heterogeneidad de varianzas sea más asumible, al menos en lo que al factor región se refiere.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Charffeddine, N. 1998. Tesis Doctoral. ETSI Agrónomos. Universidad Politécnica de Madrid.

Foulley, J.L., D. Gianola, M. San Cristobal, S.Mi., 1990. J. Dairy Sci. 73 : 1612-1624.

Hernández, D., M.J. Carabaño, R. Rekaya. 1998. ITEA. 94A: 305-315.

Ibáñez, M.A., M.J. Carabaño, R. Alenda. 1999. Livest. Prod. Sci. (En prensa).

Johnson, V.E. 1996. J. Amer. Statist. Assoc. 91: 154-166.

Pieramati. C. , L.D. Van Vleck. 1993. J. Anim. Sci. 71: 66-70.

Rekaya. R. 1997. Tesis Doctoral. ETSI Agrónomos. Universidad Politécnica de Madrid.