EL MODELO DE GRUPOS GENÉTICOS EN POBLACIONES ABIERTAS SELECCIONADAS.

D. Babot; J.L. Noguera; J. Estany
Area de Producción Animal. Centre UdL-IRTA.
Rovira Roure, 177. 25198 Lleida.

INTRODUCCIÓN

El uso de la metodología BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*) para la predicción de valores genéticos se ha generalizado en la mayoría de especies, y entre estas en la porcina (Ducos *et al.*, 1992). Asimismo, el uso del modelo de grupos genéticos es habitual para considerar los efectos de la importación de animales, o cuando no se dispone de todos los datos productivos o genealógicos. En todo caso, las buenas propiedades de los estimadores y predictores obtenidos estarán sujetas al cumplimiento de las hipótesis del método (Henderson, 1973) y del modelo de grupos (Quaas, 1988). Así, el objetivo del presente trabajo es evaluar mediante simulación el comportamiento del modelo de grupos para obtener estimadores de los grupos genéticos en poblaciones abiertas seleccionadas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se simuló una población porcina formada por 200 hembras y 20 machos que evolucionaron en generaciones solapadas durante 5 años en los que se practicaron 10 ciclos de reposición. Se analiza el caso en cual se importa el 25% de los machos de la población base, considerando diferentes valores para el diferencial genético (g) entre estos animales y la población receptora. El carácter considerado fue el número de lechones nacidos vivos por parto (NV) asumiendo una heredabilidad de 0.06, valor próximo a las medias obtenidas en condiciones de campo por Alfonso *et al.*, (1996) y Babot (1997). Cuando la población no se selecciona los animales de reposición se eligen al azar. Cuando la población se selecciona, la reposición de animales se realiza a partir de la predicción BLUP de los valores genéticos, considerando dos modelos de predicción alternativos: MCG (modelo con grupos) y MSG (modelo sin grupos). El estimador BLUE de la diferencia entre los machos importados y la población receptora ($\widetilde{g}$) se ha obtenido utilizando la metodología del modelo mixto. A partir de BLUE obtenido en las 500 repeticiones realizadas se ha calculado el sesgo ($S=\widetilde{g}-g$) y la varianza (V) del estimador. Una descripción más detallada de la población simulada, del modelo de simulación y de la selección practicada puede consultarse en Babot (1997).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se presentan los estadísticos V y S obtenidos para el estimador $\widetilde{g}$ después del ciclo 5 y 10 de reposición y habiendo seleccionado a los animales en base a MCG. Puede verse que el comportamiento de MCG en la estimación de $\widetilde{g}$ depende de la selección practicada. Cuando la población no se

selecciona, y se obtiene $\tilde{g}$ a posteriori con MCG, no se detecta sesgo en la estimación del grupo y la varianza de estimación es menor a la obtenida en presencia de selección. En este caso, el valor mínimo de la varianza de estimación fue de 0.17, lo que significa que sólo sería posible detectar diferencias superiores a 0.8 lechones. Cuando la selección se realiza en base a los valores genéticos predichos con MCG las diferencias entre grupos tienden a infraestimarse y se incrementa la varianza de estimación. Así, la diferencia mínima detectable en poblaciones de campo seleccionadas se situaría en los 2 lechones. En la tabla 2 puede verse como el sesgo en la estimación del grupo se mantiene para un amplio rango de valores del diferencial genético. El sesgo en la estimación del grupo se reduce cuando la selección se basa en MSG en vez de MCG. Por tanto, el problema para la estimación de grupos puede ser especialmente importante en poblaciones en las que se haya venido utilizando de forma sistemática el modelo de grupos genéticos para seleccionar a los animales, lo que sucede en la mayoría de poblaciones de vacuno.

Aunque de forma general el método BLUP permite contemplar los efectos de la selección (Henderson 1975), en la práctica las ecuaciones del modelo mixto utilizadas se corresponden con las obtenidas a partir del modelo de Henderson (1973) sin selección. En este caso, para garantizar las propiedades del método BLUP es necesario que el criterio de selección sea independiente de los efectos fijos. Esta premisa no se cumple al seleccionar en base a los valores genéticos predichos con MCG, ya que el criterio depende de los grupos. En esta situación las ecuaciones del modelo mixto con y sin selección no son equivalentes (Henderson, 1975; Gianola *et al.*, 1988). Podría evitarse el sesgo utilizando las ecuaciones del modelo mixto modificadas, propuestas por Henderson (1975), pero sería necesario hacer explícita la selección realizada. Seleccionar dentro de grupo después de importar animales también evitaría esta fuente de sesgo, pero requeriría mantener poblaciones separadas, lo que es poco operativo en la práctica de la mejora animal. Seleccionar con MSG también posibilita la obtención de estimadores insesgados pero no permite aprovechar todo el potencial de la importación de animales (Babot, 1997). Así, cuando se importa animales se presenta el dilema de tener que elegir entre respuesta a la selección o bondad de estimación de las diferencias entre grupos. Si se utiliza MCG la respuesta puede ser mayor a la obtenida con MSG (Babot, 1997), pero existirá infraestimación de $\tilde{g}$. Si se utiliza MSG puede estimarse bien $\tilde{g}$ pero debe renunciarse a una parte de la respuesta.

Todo parece indicar que en la práctica puede ser difícil garantizar las propiedades de los estimadores y predictores obtenidos con el modelo de grupos genéticos, y que la elección de un método y modelo de evaluación para seleccionar a los animales en poblaciones abiertas será una tarea difícil. La situación puede complicarse más en el caso de realizar importaciones repetidas o si las evaluaciones se realizan entre poblaciones o entre países (Benyshek *et al.*, 1994; Banos, 1994). En estas condiciones, parece razonable pensar en el uso de métodos bayesianos (Im et al., 1989), pero debe tenerse en cuenta que se conoce poco respecto a que condiciones son necesarias para optimar la respuesta a la selección (Henderson, 1990).

Tabla 1.- Efecto de la presión de selección aplicada en machos (p_m) y en hembras (p_h) sobre la estimación del efecto grupo ($\tilde{g}$: media; V: varianza; S: sesgo).

p_m (%)	p_h (%)	Ciclo 5			Ciclo 10		
		$\tilde{g}$	V	S	$\tilde{g}$	V	S
No	No	0.49	0.27	-0.01	0.53	0.17	0.03
20.0	50.0	0.10	1.26	-0.40*	0.09	1.16	-0.41*
5.0	12.5	0.12	1.30	-0.38*	0.12	1.16	-0.38*

Valores obtenidos para un diferencial entre grupos g=0.5.
Cundo existió selección esta se realizó en base al modelo de grupos genéticos (MCG).
* $p<0.05$

Tabla 2.- Estimación de la diferencia entre grupos ($\tilde{g}$: media; V: varianza; S: sesgo) después de seleccionar a partir de un modelo con (MCG) o sin (MSG) grupos.

g	MCG			MSG		
	$\tilde{g}$	V	S	$\tilde{g}$	V	S
-2.0	-2.25	1.25	-0.25*	-2.06	0.74	-0.06
-1.5	-1.93	1.15	-0.43*	-1.53	0.64	-0.03
-1.0	-1.51	1.09	-0.51*	-1.06	0.64	-0.06
-0.5	-1.02	1.15	-0.52*	-0.59	0.53	-0.09*
0.5	0.12	1.16	-0.38*	0.53	0.52	0.03
1.0	0.78	0.98	-0.22*	1.03	0.42	0.03
1.5	1.19	1.06	-0.31*	1.53	0.42	0.03
2.0	1.69	1.05	-0.31*	2.06	0.41	0.06*

*$p<0.05$

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Alfonso, L., Noguera, J.L., Babot, D., Estany, J. (1997). Liv. Prod. Sci. 47:149-156

Babot, D., (1997). *Tesis Doctoral.* Universidad de Lleida.

Banos, G., (1994). Proc. of 5th World Congress on Genetics Applied to Livestok Production, Guelph. XVII:3-10.

Benyshek, L.L., Herring, W.O., Bertrand, J.K., (1994). Proc. of 5th World Congress on Genetics Applied to Livestok Production, Guelph. XII:153-160.

Ducos, A., Bidanel, J.P., Ducrocq, V., (1992). Journées de la Recherche Porcine en France, 24:39-46.

Gianola, D., Im, S., Fernando, R.L., (1988). J. Dairy Sci., 71:2790-2798.

Henderson, C.R., (1973). Proc. Animal Breeding Genetics Symposium In honour of Dr. J.L. Lush. ASAS and ADSA; Champaign Illinois pp. 10-14.

Henderson, C.R., (1975). Biometrics, 31:432-447.

Henderson, C.R., (1990). In; Statistical methods for genetic improvement in livestock. (Ed. D. Gianola and K. Hammond). Sprinter-Verlag. pp 413-436

Im, S., Fernando, R.L., Gianola, D., (1989). Gen. Sel. Evol. 21:399-414.

Quaas, R.L., (1988). J. Dairy Sci., 71:1338-1345.