USO DE LA CORRELACIÓN DEL ERROR DE PREDICCIÓN COMO MEDIDA DE LA CONEXIÓN ENTRE GRUPOS DE COMPARACIÓN

Moreno A., Carabaño M. J., Díaz C.
Dpto. de Mejora Genética Animal. Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA)

INTRODUCCIÓN

La metodología BLUP a través de los modelos mixtos permite obtener valoraciones genéticas de animales en diferentes ambientes o rebaños. Los valores genéticos predichos para animales con realizaciones en diferentes unidades de manejo sólo son comparables si existe conexión entre ellas. En poblaciones donde la inseminación artificial está sistemáticamente establecida, el esquema de machos de referencia genera conexiones entre unidades de manejo (Kennedy y Trus, 1993; Simm y col., 2001), pero aún en estas poblaciones pueden darse bolsas de información aislada, con intercambio de material genético limitado a determinadas zonas. Los criterios más utilizados para determinar el grado de conexión son la varianza del error de predicción (Kennedy y Trus,1993), los coeficientes de conexión de Foulley y col., 1992, el coeficiente de determinación (Lalöe, 1993) y la correlación entre valores genéticos predichos (Lewis y col., 1999). Estos criterios están relacionados con la obtención de varianzas y covarianzas del error de predicción, lo cual requiere la inversión de la matriz de coeficientes de las ecuaciones del modelo mixto (**C**). García Cortés (1995) y Harville(1999) proponen técnicas de muestreo Gibbs para obtener la inversa de una matriz definida positiva, lo cual permitiría obtener los elementos de la diagonal y algunos elementos de fuera de la diagonal que podrían utilizarse para determinar la conexión (Foiulloux y Lalöe, 2001).
El objetivo del presente trabajo es comparar diferentes criterios que permitan determinar el grado de conexión y la identificación de posibles bolsas de información. Para ello se estudió el comportamiento de diferentes criterios de conexión en una población simulada.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se simularon distintos escenarios para una población con seis machos padres de datos, cada uno de los cuales tenía 24 hijos, cada hembra tenía un descendiente. Los padres de datos no tenían información para el carácter. El modelo utilizado para generar la población fue un modelo animal, donde sólo se consideró el rebaño (con tres niveles) como efecto sistemático. La heredabilidad (h^2) del carácter fue de 0.3. Se simularon diferentes situaciones en cuanto al grado conexión y parentesco entre machos padres de datos. En el diseño D1, los machos sólo tienen descendencia dentro de rebaños(en el rebaño uno los machos 1-2; en el dos los machos 3-4, en el rebaño tres los machos 5-6), en el diseño D2 los machos tienen descendencia dentro de rebaño excepto el macho tres que se utiliza como macho de conexión y tiene idéntico número de descendientes en los tres rebaños, por último en el diseño D3 todos los machos tienen idéntico número de descendientes en los tres rebaños. En el esquema A1 no existe ninguna relación de parentesco entre padres de datos y en el esquema AA0 se generó una relación de parentesco de medio hermanos entre pares de machos 1-2, 3-4 y 5-6.
La inversa de **C** se obtuvo utilizando técnicas de muestreo Gibbs (García-Cortés; 1995; Harville,1999).

El algoritmo utilizado es: $x_i / x_{-i} = -\sum \frac{c_{i\ j}\ x_j}{c_{ii}} + \varphi \sqrt{\frac{1}{c_{ii}}}$; $c_{ii\ -1} = \frac{\sum x_i^2}{n}$; $c_{i\ \ j\ -1} = \frac{\sum x_i\ x_j}{n}$

Donde c_{ij} representa el elemento ij de **C**, ϕ indica el valor obtenido del muestreo de la normal (0,1), x_i es el elemento i correspondiente del vector x. c_{ii}^{-1} y c_{ij}^{-1} son los elementos ii e ij de la inversa de **C**, respectivamente, y n representa el número de iteraciones menos el período de calentamiento. En el programa utilizado se determina un período de quemado de 5000 iteraciones y se fijó el número total de iteraciones a 100.000.

Se calcularon los cocientes de contraste $\gamma'_{ii'} = \frac{L'_{ii'} C^{-}_{R} L_{ii'}}{L'_{ii'} C^{-}_{F} L_{ii'}}$ (Foulley et al, 1990), cuyo valor oscila entre 0 y 1, entre pares de machos padres de datos para los diseños D1, D2 y D3 en los esquemas A1 y AA0. Donde $L_{ii'}$ es el vector de contrastes entre machos, C^{-}_{R} y C^{-}_{F} son la inversa del LHS de las MME de los modelos reducido (sin efecto rebaño) y completo, respectivamente.

Se determinó el coeficiente de conexión estandarizado $\gamma^{*} = \gamma^{1/rangoC}$ como $\gamma = e^{-2D}$ siendo $D = -1/2 ln \frac{|C^{-}_{R}|}{|C^{-}_{F}|}$ (Foulley et al.,1992). Los determinantes $|C^{-}_{R}|$ y $|C^{-}_{F}|$ fueron calculados tanto para toda la parte aleatoria del modelo como sólo para los padres de datos. La correlación media para machos se determinó a partir de la correlación entre valores genéticos predichos entre pares de padres (machos) (Kennedy y Trus,1993; Lewis et al., 1999).

El tamaño efectivo para cada macho fue obtenido como: $n_{e(j)} = \sum_{i} \frac{n_{ij}(n_{i.} - n_{ij})}{n_{i.}}$ (Schmitz et al., 1991). Siendo $n_{e(j)}$ el tamaño efectivo del macho j. n_{ij} el número de hijos del macho j en el rebaño i. $n_{i.}$ el número de animales en el rebaño i. $n_{.j}$ el número de animales del macho j.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Tabla 1 muestra los cocientes de contraste (γ) entre machos padres de datos para el diseño A1 sobre la diagonal y para el diseño AA0 bajo la diagonal. Se observa que en situaciones donde no existe conexión A1 y AA0, bajo el diseño D1 para machos con descendencia en diferentes rebaños, el (γ) entre machos es distinto de cero, por tanto este criterio no permite identificar situaciones de pérdida de conexión. Introducir relaciones de parentesco entre machos dentro de rebaño no ayuda a identificar la pérdida de conexión. Se observa que cuando se generan relaciones de parentesco entre machos con descendencia dentro rebaños disminuye el cociente de contraste. El mayor (γ) de contrastes correspondió a animales con descendencia en el mismo rebaño. En el D2 el mayor (γ) correspondió a contrastes que involucran el macho 'conectante' y el menor γ correspondió a los contrastes que involucran al macho cuatro. Esto puede ser debido a la diferencia en tamaño efectivo (n_e) de machos en el D2, n_e de 19.7 y 6.0 para los machos tres y cuatro respectivamente, para el resto de machos el n_e fue de 13.7. En los diseños D1 y D3 el n_e fue idéntico para todos los machos (12.0 para D1, 20.0 para D3). Hanocq y Boichard (1999) en Holstein francés encuentran que el grado de conexión disminuye con el incremento de parentesco dentro de grupo, los autores lo justifican por la reducción del tamaño efectivo del grupo debido al parentesco entre machos dentro de grupos.

Los resultados obtenidos para los coeficientes de conexión estandarizados (γ^{*}) se muestran en la Tabla 2. Se observa una reducción de los coeficientes en el esquema AA0 respecto al A1 cuando sólo se consideran los machos, ocurre lo contrario al considerar toda la parte aleatoria. Los mayores γ^{*} corresponden al D3, seguido del D2 y por último D1, como se esperaba . Este criterio no permite discriminar entre pérdida y no pérdida de la conexión porque existe un efecto de la cantidad de información.

La Tabla 3 presenta los resultados obtenidos para la correlación media entre machos padres de datos. La correlación media considerando todos los machos padres de datos aumenta al establecerse relaciones de parentesco entre machos. El mayor valor de

correlación se obtuvo para el D3 y la menor para el diseño D1. Hay que notar que este criterio tampoco produce un valor nulo en el diseño D1 en el que no existe conexión entre rebaños.

Tabla 1. Cociente del contraste entre machos modelo reducido al modelo completo (γ) . Por encima de la diagonal diseño A1, por debajo de la diagonal diseño AA0. ($h^2 = 0.3$)

	Macho 1			Macho 2			Macho 3			Macho 4			Macho 5			Macho 6		
	D1	D2	D3	D1	D2	D3	D1	D2	D3	D1	D2	D3	D1	D2	D3	D1	D2	D3
M1	---	---	---	0.86	0.86	0.86	0.44	0.70	0.86	0.44	0.47	0.86	0.44	0.52	0.86	0.44	0.52	0.86
M2	0.84	0.84	0.84	---	---	---	0.44	0.70	0.86	0.44	0.47	0.86	0.44	0.52	0.86	0.44	0.52	0.86
M3	0.35	0.62	0.82	0.35	0.62	0.82	---	---	---	0.86	0.66	0.86	0.44	0.70	0.86	0.44	0.70	0.86
M4	0.35	0.43	0.82	0.35	0.43	0.82	0.84	0.66	0.84	---	---	---	0.44	0.47	0.86	0.44	0.47	0.86
M5	0.35	0.45	0.82	0.35	0.45	0.82	0.35	0.62	0.82	0.35	0.43	0.82	---	---	---	0.86	0.86	0.86
M6	0.35	0.45	0.82	0.35	0.45	0.82	0.35	0.62	0.82	0.35	0.43	0.82	0.84	0.84	0.84	---	---	---

Tabla 2. Coeficientes de conexión estandarizados. Toda la parte aleatoria γ^* y sólo machos padres de datos(γ^*)

h^2	Diseño A1			Diseño AA0		
	D1	D2	D3	D1	D2	D3
0.3	0.836 (0.50)	0.837 (0.55)	0.842 (0.72)	0.837 (0.44)	0.839 (0.51)	0.844 (0.67)

Tabla 3. Correlaciones medias entre machos padres de datos *. Correlación media entre machos, con descendencia en diferentes rebaños para diseño D1 y D2, correlación media de machos con el macho de conexión en el diseño D2 (subcaso 1) y correlación media entre machos D3 **

h^2	Diseño A1*			Diseño AA0*			Diseño A1**			Diseño AA0**		
	D1	D2	D3	D1	D2	D3	D1	D2	D3	D1	D2	D3
0.3	0.099	0.147	0.245	0.122	0.142	0.318	0.00	0.0043 (0.2058)	0.2449	0.00	0.0696 (0.2588)	0.3185

En D1 la correlación media entre machos con descendencia en diferentes rebaños es cero y añadir relaciones de parentesco entre machos dentro de rebaños no cambia la correlación dada. En los diseños D2 y D3 el establecimiento de parentesco entre machos mejora la conexión. La conexión para el D2 fue muy débil cuando se consideró la correlación media entre machos con descendencia en diferentes rebaños. Este criterio permite diferenciar situaciones donde no existe conexión, lo cual permitiría detectar bolsas de información.
Se propone utilizar el criterio de correlación media de valores genéticos directos predichos entre machos padres de datos con descendencia en distintos rebaños para efecto directo y la correlación media, para valores genéticos maternos predichos, entre abuelos maternos para efecto materno en las poblaciones de Limusín y Avileña Negra Ibérica.

REFERENCIAS

Fouilloux M. N, Laloë D., 2001.Genet. Sel. Evol., 33:473-486.
Foulley J. L., Hanocq E., Boichard D., 1992. Genet. Sel. Evol. 24: 315-330.
Foulley J. L., Bouix J., Elsen J. M., 1990. Gianola D., Hamond K.eds. Spring-Verlag, Heidelberg, 277- 308.
García Cortés L. A., 1995. 2nd European Workshop on Advanced Biometrical Methods in Animal Bredding. Salzburg Austria
Harville D. A., 1999. Linear Algebra and its Applications 289: 203-224.
Hanocq E., Boichard D., 1999. Genet. Sel. Evol. , 31:163-176.
Kennedy B.W.,Trus D., 1993.J. Anim. Sci., 71:2341-2352.
Lalöe D., 1993.Genet. Sel. Evol. 25:557-576.
Lewis R. M., Crump G., Simm G., Thompson R., 1999. In:Proc. Brit.Soc. Ani. Sci., Scarbourgh, U.K. p. 121(Abst.)
Schmitz F., Everett R. W. and Quass R. L., 1991. J. Dayiry Sci. 74: 629-636.
Simm G., Lewis R. M., Collins J.E., Nieuwhof G. J., 2001.J. Anim. Sci.79 (E.Suppl):E255-E259.