

A. Molina<sup>1</sup>, A. Menéndez-Buxadera<sup>1</sup>, J.M. Serradilla<sup>2</sup>, F. Barajas<sup>3</sup>,  
M. Valera<sup>4</sup>, C. Medina<sup>1</sup>, J.J. Miguélez<sup>3</sup>, J. Álvarez<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Grupo Meragem. Departamento de Genética, Universidad de Córdoba.

E-mail: agr158ovinos@gmail.com

<sup>2</sup> Departamento de Producción Animal. Universidad de Córdoba.

<sup>3</sup> Asociación Nacional de Criadores de Ganado Merino.

<sup>4</sup> Grupo Meragem. Departamento de Ciencias Agroforestales, Universidad de Sevilla.



# Desarrollo de la metodología de regresión aleatoria en la raza merina: II. Estimación de la función de parámetros genéticos<sup>1</sup>

## INTRODUCCION

En los últimos años se asiste a un creciente desarrollo de las metodologías de estimación de parámetros basadas en la regresión aleatoria (RRM). En estas se asume un «enfoque dimensional infinito», en el cual el fenotipo de un animal es una función continua del tiempo (Schaeffer y Dekkers, 1994). Sus propiedades han hecho que a nivel mundial se esté imponiendo en la valoración genética del ovino y bovino de leche (Swalve, 1995), y se esté poniendo a punto en el resto de especies y aptitudes (Meyer y Hill, 1997). En el caso de España ya se ha desarrollado en vacuno de leche (Rekaya y cols., 1999), ovino lechero (Serrano y col., 2001), caprino (Menéndez-Buxadera y cols., 2008) e incluso caballos de deporte (Gómez y cols., 2008);

En el caso del ovino de carne los trabajos de Lewis y Brotherstone (2002) y Fischer y cols. (2004) demostraron con datos experimentales las posibilidades del uso de la RRM. Más recientemente nuestro grupo de investigación (MERAGEM) ha desarrollado esta metodología con datos de campo en el caso de la raza Merina (Molina y cols., 2007).

En el momento actual y después de 10 años de ejecución oficial del Esquema de Selección del Merino, nos encontramos en la situación ideal de realizar un estudio profundo para evaluar la posibilidad de implantar esta metodología, su ventaja y posibles inconvenientes, así como las modificaciones que sería necesario realizar para su establecimiento. Los beneficios de este estudio afectarán de forma directa a todos los esquemas de mejora del ovino de carne autóctono que como el Merino o el Segureño están basados en un control de rendimientos en finca mediante pesadas periódicas y valoración Blup.

Por lo tanto, en este trabajo pretendemos exponer de forma lo más divulgativa posible la puesta a punto de la metodología de regresión aleatoria por primera vez en el ovino de carne de nuestro país. Para ello se utilizarán básicamente los conjuntos de datos disponibles del esquema de mejora que se lleva a cabo con el Merino (de forma global 140.000 pesos correspondientes a unos 65.000 corderos). No obstante, los resultados que se han derivado del mismo son directamente extrapolables a otras razas autóctonas españolas, que como la Segureña, siguen un sistema de producción extensivo y una metodología de recogida de controles productivos y valoración genética prácticamente idénticas.

Para este trabajo se ha utilizado la base con datos de campo del Esquema de selección de la raza Merino español autóctona, consistente en más de 140.000 pesos correspondientes a cerca de 65.000 corderos controlados en los últimos 11 años en un total de 43 ganaderías. Esta base de datos se sometió a una fase de depuración y validación

## MATERIAL Y MÉTODOS.

### Material animal

Para este trabajo se ha utilizado la base con datos de campo del Esquema de selección de la raza Merino español autóctona, consistente en más de 140.000 pesos correspondientes a cerca de 65.000 corderos controlados en los últimos 11 años en un total de 43 ganaderías. Esta base de datos se sometió a una fase de depuración y validación

<sup>1</sup> Este trabajo es parte del desarrollado en el estudio Técnico *Determinación de la adecuación de la implantación de la metodología de regresión aleatoria en la valoración genética del ovino extensivo autóctono español* desarrollado para la Subdirección General de Medios de Producción Ganadera (Dirección General de Ganadería, MAPA).

Algunos resultados presentados en este trabajo han sido publicados en la revista *J. of Animal Science* (Molina et al., 85 (11), p.2830-2839, Nov 2007).

exhaustiva, y para disminuir el desequilibrio en los modelos y mejorar la conexión entre las ganaderías se eliminaron aquellas ganaderías con menos de 500 registros, así como las débilmente conectadas, quedando finalmente un total de 118.941 registros de  $PV_i$  (entre  $i = 1$  y 92 días de edad) pertenecientes a 30.214 animales, hijos de 546 moruecos y 15.586 madres de 30 explotaciones.

El pedigrí de cada animal se confeccionó con la información del libro genealógico de la raza, formando una base de datos global con un total de 45.941 animales.

### Métodos estadístico

Para la estimación de la función de parámetros genéticos para el crecimiento pre y postdeste de los corderos de raza merina, se analizaron 6 modelos de regresión aleatoria (RRM) en los que se consideraron o no los efectos de heterogeneidad de la varianza residual, se compararon modelos con coeficientes de orden 1 y 2 para cada uno de los efectos aleatorios, o se incluyó o no la covarianza entre efecto directo y materno. El modelo básico de todos ellos incluía la siguiente formulación:

$$y = Xb + \sum_{k=0}^{k_a} Z_4 a_k + \sum_{k=0}^{k_m} Z_5 m_k + \sum_{k=0}^{k_p} Z_6 p_k + \sum_{k=0}^{k_w} Z_7 w_k + \epsilon_r$$

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z_4 & X'Z_5 \\ Z_4'X & Z_4'Z_4 + A^{-1} \otimes K_a^{-1} & Z_4'Z_5 + A^{-1} \otimes K_{am}^{-1} \\ Z_5'X & Z_5'Z_4 + A^{-1} \otimes K_{ma}^{-1} & Z_5'Z_5 + A^{-1} \otimes K_m^{-1} \\ Z_6'X & Z_6'Z_4 & Z_6'Z_5 \\ Z_7'X & Z_7'Z_4 & Z_7'Z_5 \end{bmatrix}$$

donde  $A$  es una matriz del numerador de las relaciones de parentesco previamente definida,  $\otimes$  es el símbolo de producto Kronecker y  $K_i$  es la matriz de (co)var de los coeficientes de regresión aleatorios propios de los efectos indicados en los subíndices.

Con los elementos expuestos se obtiene una compleja estructura de (co)var entre interceptos y coeficientes, tanto para efectos genéticos directos ( $a_0$  y  $a_1$ ) como maternos ( $m_0$  y  $m_1$ ); para los efectos permanentes individuales ( $p_0$  y  $p_1$ ) y para los efectos permanentes maternos ( $w_0$  y  $w_1$ ). Esta estructura global de (co)var para los efectos aleatorios de este modelo y un orden de ajuste de 1 (ecuación lineal) será (debido a su complejidad no se incluye la estructura para órdenes superiores):

$$V = \begin{bmatrix} a_0 \\ a_1 \\ m_0 \\ m_1 \\ p_0 \\ p_1 \\ w_0 \\ w_1 \\ r \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\sigma_{a_0}^2 & A\sigma_{a_1}^2 & A\sigma_{m_0}^2 & A\sigma_{m_1}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a_0}^2 & A\sigma_{a_1}^2 & A\sigma_{m_0}^2 & A\sigma_{m_1}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a_0}^2 & A\sigma_{a_1}^2 & A\sigma_{m_0}^2 & A\sigma_{m_1}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ A\sigma_{a_0}^2 & A\sigma_{a_1}^2 & A\sigma_{m_0}^2 & A\sigma_{m_1}^2 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I_n \sigma_{p_0}^2 & I_n \sigma_{p_1}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & I_n \sigma_{p_0}^2 & I_n \sigma_{p_1}^2 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I_w \sigma_{w_0}^2 & I_w \sigma_{w_1}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & I_w \sigma_{w_0}^2 & I_w \sigma_{w_1}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \sum_{c=1}^4 r_c \end{bmatrix}$$

donde:

$y$  es un vector del peso vivo del  $i^{\text{th}}$  animal a la edad  $j$ .

$b$  es un vector de efectos fijos con matriz de incidencia  $X$ , incluyendo una ecuación de regresión fija de orden  $k_f$  *intra* cada uno de estos efectos.

$a_k$  y  $m_k$  son conjuntos (de dimensión  $n = \text{número de animales}$ ) de  $k$  coeficientes de regresión aleatorios de orden  $k_a$  y  $k_m$  para los efectos genéticos aditivos directos ( $a$ ) y maternos ( $m$ ) respectivamente.

$p_k$  y  $w_k$  son conjuntos de dimensión  $I_n$  e  $I_w$  ( $w = \text{número de madres}$ ), para los efectos aleatorios de ambiente permanente individual ( $p$ ) y para los efectos aleatorios de ambiente materno permanente ( $w$ ). El orden de ajustes de los  $k$  coeficientes de regresión aleatorios fueron  $k_p$  y  $k_w$  para los mismos efectos.

$Z_4$ ,  $Z_5$ ,  $Z_6$  y  $Z_7$  corresponden a matrices de incidencia de dimensión  $n \times k_a$  ( $k_p$ ) para  $Z_4$  y  $Z_6$  y de dimensión  $w \times k_m$  ( $k_w$ ) para  $Z_5$  y  $Z_7$ . Estas matrices contienen como elementos a  $Z_i = \Phi_i = \nabla_i (t_{ij}^c)$  donde  $\nabla_i$  son los coeficientes del polinomio seleccionado y  $t_{ij}^c$  es la edad estandarizada entre  $-1$  a  $+1$  para su utilización en los polinomios ortogonales ( $\Phi_i$ ) de orden  $k_i$ .

$\epsilon_r$  es un vector de efecto residual aleatorio con varianza heterogénea.

Las soluciones EMM para los efectos incluidos en este modelo serán:

$$\begin{bmatrix} X'Z_6 & X'Z_7 \\ Z_4'Z_6 & Z_4'Z_7 \\ Z_5'Z_6 & Z_5'Z_7 \\ Z_6'Z_6 + I_p \otimes K_p^{-1} & Z_6'Z_7 \\ Z_7'Z_6 & Z_7'Z_7 + I_w \otimes K_w^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b \\ a \\ m \\ p \\ w \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z_4'y \\ Z_5'y \\ Z_6'y \\ Z_7'y \end{bmatrix}$$

El término  $\sum_{c=1}^4 r_c$  representa los efectos de la varianza residual heterogénea.

La elección del mejor modelo se llevó a cabo aplicando likelihood ratio test (LRT), mediante el parámetro BIC (*Bayesian Information Criterion*), siguiendo la estrategia descrita por Fischer y cols. (2004).

Una vez determinado el modelo de mejor ajuste se estimó la evolución de los parámetros genéticos en todo el rango de edades analizadas utilizando para ello el algoritmo *Average Information REML* implementado en el software *Asreml* (Gilmour y cols., 2000). Este software brinda las matrices  $K$  de coeficientes de regresión aleatoria para cada efecto incluido en el modelo antes descrito, así como los coeficientes de los polinomios para la edad estandarizada ( $t_j$ ) entre  $-1$  a  $+1$ . Los parámetros genéticos para cada punto de la trayectoria de edad (entre 2 y 92 días) se estimaron manipulando  $K$  y  $t_j$  siguiendo las recomendaciones de Jamrozik y Schaeffer (1997).

Para este estudio ha sido necesario utilizar un amplio rango de paquetes estadísticos como el SAS (@ SAS Institute Inc., Cary, USA), el *Mathematica for Windows* (@ Wolfram Research Inc.) además del programa anteriormente citado ASREML.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

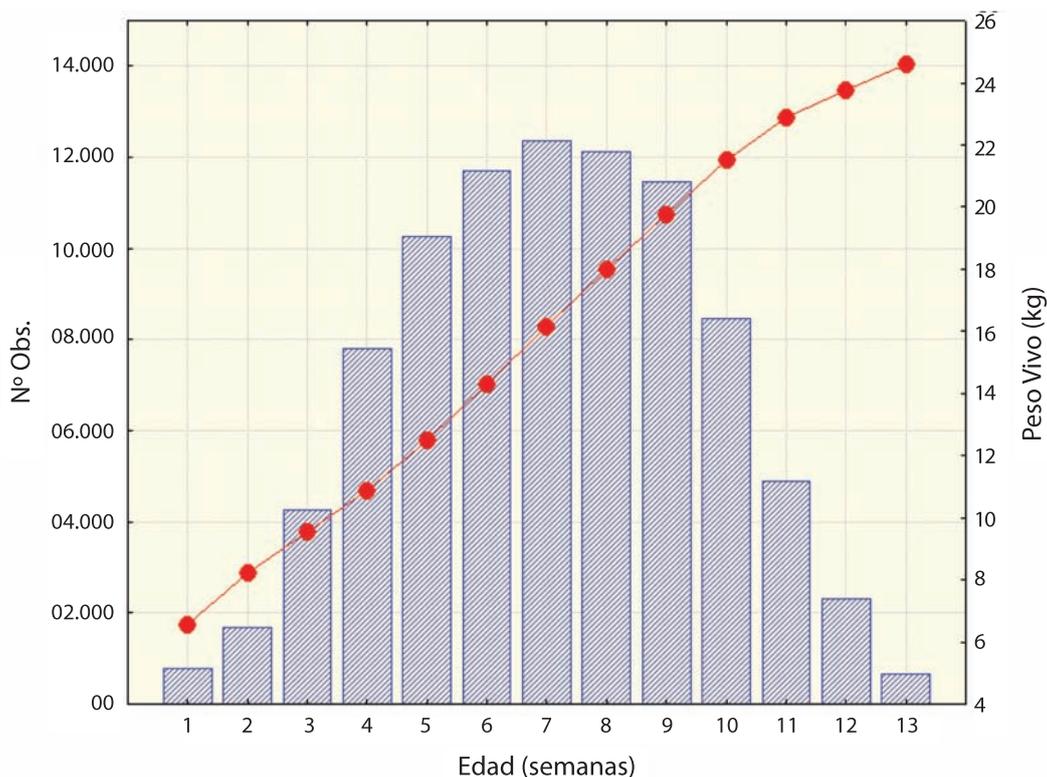
Actualmente ya se han generado una gran cantidad de resultados de aplicación de RRM a datos de la producción de leche, crecimiento, supervivencia, fertilidad, así como estudios de interacción genotipo-ambiente (Schaeffer, 2004), siendo este el primer estudio en especies de aptitud cárnica en España.

En la figura 1 se incluye el número de pesadas utilizadas en cada punto del intervalo analizado (a intervalos semanales para simplificar la gráfica) así como las medias generales para estos mismos intervalos (cada punto de esta curva representa la media fenotípica de un grupo de animales de la misma edad). En general la cantidad de observaciones para cada clase se considera satisfactoria, excepto en la primera semana de edad donde cada día está representado con 50 a 100 registros y en la última semana

de edad (13) con menos de 100 observaciones. Como se puede observar, la trayectoria del crecimiento en los tres primeros meses de edad aparentemente muestra una forma lineal, sin embargo los análisis comparativos de los modelos previos demostraron que una ecuación cuadrática manifiesta un mejor ajuste (Menéndez-Buxadera y cols., 2007). En dicho trabajo se realizó un paso previo a la puesta a punto de la técnica de regresión aleatoria, una estimación de los principales factores ambientales que afectan al crecimiento del cordero merino en los 90 días de vida.

La comparación de los 6 modelos ensayados determinó (resultados no mostrados) que la inclusión de la covarianza entre efectos genéticos directos y maternos incrementó significativamente el nivel de ajuste del modelo, al igual que la inclusión de la heterogeneidad en la varianza residual, seleccionándose finalmente el modelo de RRM que incluía una función cuadrática para los efectos

Figura 1. Número de observaciones y media de peso vivo semanal en la raza Merina.



directos, maternos y permanentes individual y una función lineal para el efecto permanente materno. Esto determinó que este modelo genético de mejor ajuste incluyese 36 parámetros a estimar.

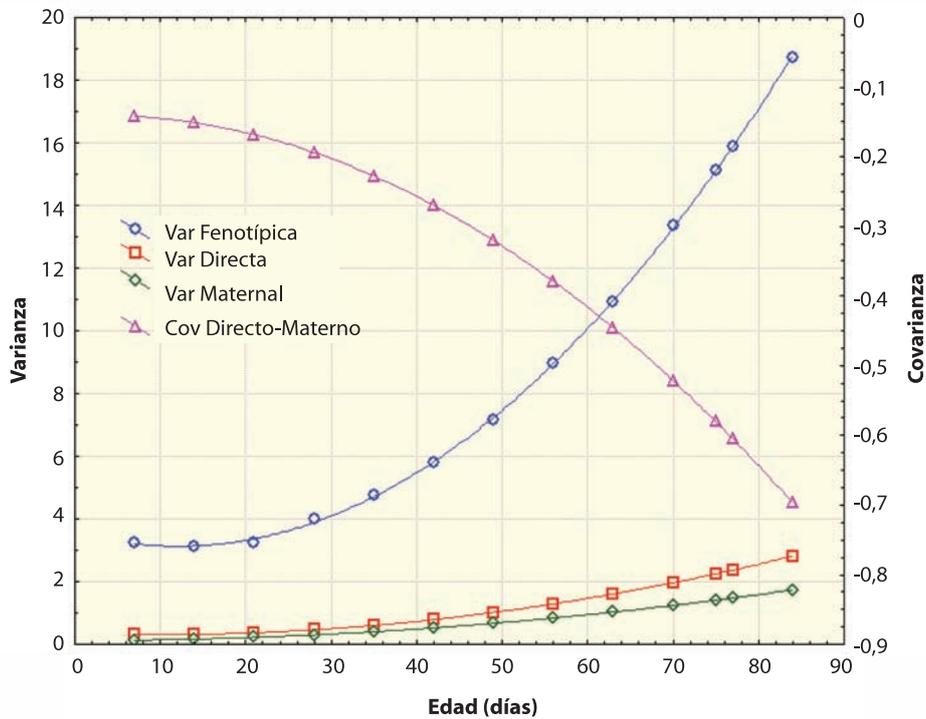
En las figuras 2 y 3 se presentan los componentes de varianza-covarianza obtenidos para este modelo.

Las varianzas para los efectos genéticos directos ( $a$ ); maternos ( $m$ ); los efectos de ambiente permanente, así como la varianza fenotípica total, manifiestan una tendencia positiva pero armoniosa, en toda la trayectoria de edad representada en este estudio (figura 2). Por el contrario, la covarianza entre efectos genéticos directos y maternos ( $C_{am}$ )

presentó valores negativos y decrecientes en este mismo periodo. Este patrón antagónico de  $C_{am}$  es coincidente con resultados previos con esta misma raza (Menéndez Buxadera y cols., 2003) pero estimado mediante un modelo animal multicarácter y datos ajustados previamente a edad fija.

Según nuestros resultados, la heredabilidad para efectos directos y maternos ( $h^2_a$  y  $h^2_m$  respectivamente) aumenta en función de la edad, con estimas en el intervalo de 0.106 a 0.154 para  $h^2_a$  y de 0.042 a 0.110 para  $h^2_m$ , mientras que la correlación entre ambos efectos genéticos ( $R_{am}$ ) decrece marcadamente, oscilando entre  $-0.517$  a  $-0.706$

Figura 2. Evolución de los componentes de la varianza y la covarianza para el peso vivo en la raza Merina.

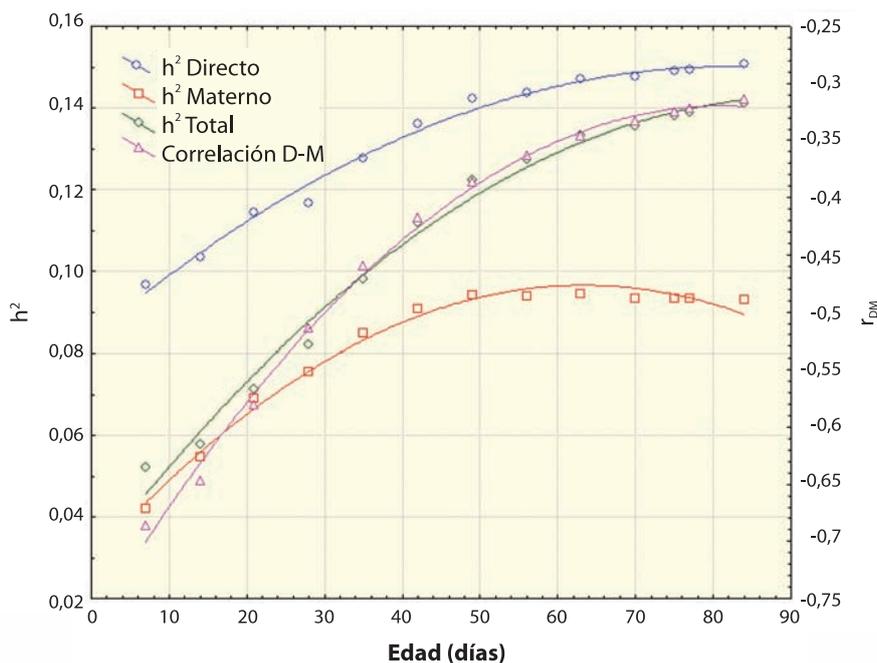


durante los primeros 28 días, para declinar posteriormente hasta alcanzar valores de  $-0.340$  a  $-0.356$  entre los 70 y 84 días de edad. (figura 3).

Los resultados de Fischer y cols. (2004) y Lewis y Brotherstone (2002) muestran patrones semejantes aunque con mayor magnitud para  $h^2_a$  y  $h^2_m$ . En ambos casos estos auto-

res aplicaron RRM, pero no incluyeron el  $C_{am}$  en el modelo. En términos generales puede indicarse que los resultados de este estudio están dentro del contexto de otras publicaciones que utilizan otras metodologías en ovinos de carne de España (Jurado y cols., 1987; Sierra y cols., 1998; Molina y cols., 2003).

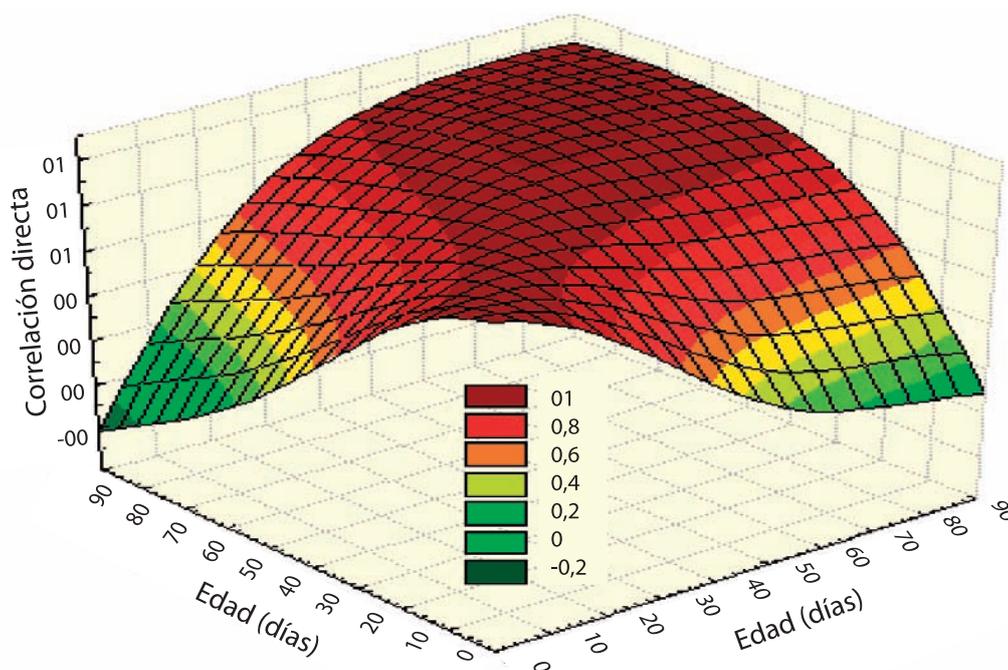
Figura 3. Evolución de la heredabilidad directa, materna, total y la correlación genética directa-materna para el peso vivo a lo largo del periodo analizado en la raza Merina



Las estimaciones de correlaciones genéticas para los efectos genéticos directos ( $R_a$ ) para el peso vivo estimado a diferentes edades se muestran en la figura 4. En esta se manifiesta el clásico patrón donde la magnitud de  $R_a$  decrece

en la medida que aumenta la diferencia de edad entre dos estimaciones de peso vivo (igual hecho se obtiene en el caso de las correlaciones para los efectos genéticos maternos, resultados no mostrados).

**Figura 4. Evolución de la correlación para los efectos genéticos directos para el peso vivo a lo largo del periodo analizado en la raza Merina**



Es interesante destacar que el peso vivo a 35 o 42 días de edad presenta valores de correlación genética superiores a 0.9 con el peso vivo a 75 días de edad que se corresponde con el principal objetivo de selección en el Merino español.

Los resultados de este estudio demuestran que es posible aplicar la metodología de regresión aleatoria en la valoración genética del crecimiento del ovino extensivo. Las propiedades de esta nueva metodología de valoración hacen que sea aconsejable su desarrollo e implementación en las razas ovinas de aptitud cárnica españolas, como la Merina o la Segureña, por lo que recomendamos su consideración por cada una de estas razas.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Fischer T.M., Van der Werf J.H.J., Banks R.G. y Ball A.J. *Livest. Prod. Sci.*, 2004, 11 pag in press.  
 Gilmour A., B.R., Cullis, S.J., Wellham y R., Thompson, 2000. ASREML manual. 161p.  
 Gómez M.D., M. Valera, A. Molina, A. Menéndez-Buxadera. 2008 ITEA 104(2): 133-138  
 Jamrozik and L.R. Schaeffer, 1997. *J. Dairy Sci.* 80, 762-770.  
 Jurado J. R. Alenda, A. Alonso y A. Sánchez de la Blanca 1987. 38 Annual Meet. of EAAP. Lisboa, Portugal, 7 pag.  
 Lewis R.M. and S. Brotherstone, 2002., *Anim. Sci.* 74, 63-70.

Menéndez Buxadera A. J.M. Serradilla; M. Valera; A. Molina. 2003. X Jornadas Sobre Producción Animal. Zaragoza  
 Menéndez-Buxadera A., M. Valera, F. Barajas, C. Medina, J.J. Miguelez, J. Álvarez, A. Molina. 2007. *Feagas* 32:111-117  
 Menéndez-Buxadera A., F. Romero, O. González, F. Arrebola, A. Molina. 2008 ITEA 104(2): 127-132  
 Meyer, K., and W. G. Hill. 1997. *Livest. Prod. Sci.* 47:185-200  
 Molina, A., Valera, M., Juárez, M., Barajas, F., Rodero, A., Moreno, M. 2003. *Buletin Usamv-CN* 1454: 109-111.  
 Molina A., A. Menéndez-Buxadera, M. Valera, J.M. Serradilla, *J. of Animal Science* 85 (11): 2830-2839.  
 Rekaya, R., Carabaño, M.J., Toro, M.A., 1999. *Livest. Prod. Sci.* 57:203-217.  
 Schaeffer L.R. 2004. *Liv. Prod. Sci.* 86: 35-45.  
 Schaeffer, L.R., and J.C.M. Dekkers. 1994. Vol. XVIII. p. 443-446. *In Proceedings 5th World Congress Genet. Appl. Livest. Prod.*, University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada.  
 Serrano, M., Ugarte, E., Jurado, J.J., Pérez-Guzmán, M.D., Legarra, A., 2001. *Livest. Prod. Sci.* 67:253-264.  
 Sierra A., A. Molina, C. Barba, F. Barajas y A. Rodero 1998. *World Merino Conference*, 29-31 March, 1998, Christchurch, New Zeland, 3 pag.  
 Swalve, H. H. 1995. *Arch. Anim. Breed.* 38:591-612.