

AJUSTE DE FUNCIONES DE PRODUCCION UTILIZANDO MODELOS ANIMALES

L. Varona, C. Moreno, L.A. García Cortés¹, J. Altarriba
Unidad de Genética Cuantitativa y Mejora Animal
Facultad de Veterinaria. Universidad de Zaragoza.
C/ Miguel Servet 177. 50013. ZARAGOZA.

¹ National Institute of Animal Science. Dept. for Research in Pigs and Horses.
P.O.Box 39. DK-8830. Tjele. Dinamarca.

Introducción.

Las observaciones productivas de los animales domésticos son habitualmente tomadas en su propio sistema de explotación. En numerosas ocasiones se trata de datos que siguen una función de producción a lo largo del tiempo (p.j. Curvas de Crecimiento, Curvas de lactación). El procedimiento habitualmente usado para obtener registros directamente comparables a partir de estas observaciones puntuales es realizar un ajuste previo para cada animal, para posteriormente utilizar los valores ajustados (peso a cierta edad, productividad lechera a los 305 días) como valores fenotípicos.

Este procedimiento de ajuste desprecia la información disponible a partir de las observaciones productivas en animales emparentados. El objetivo de este trabajo es definir un procedimiento de evaluación conjunta de los parámetros de las funciones de producción y de los estimadores de un modelo animal que utilice toda la información disponible.

La estrategia de análisis escogida es un muestreo de Gibbs (Geman y Geman, 1984; Gelfand y Smith, 1990), donde se ha realizado un análisis basado en Data-Augmentation (Tanner y Wong, 1987; Sorensen et al., 1995), considerando como datos faltantes los parámetros de la función de producción.

Métodos.

El modelo descriptivo del proceso es el siguiente: los individuos ofrecen registros (y) a lo largo del tiempo siguiendo una función de producción que tiene unos parámetros (\emptyset). Las observaciones productivas dependen de una función matemática de los parámetros ($g(\emptyset)$) y de un residuo originado por errores de medida y por oscilaciones temporales en torno a su función tipo con varianza σ_r^2 .

$$f(y|\emptyset, \sigma_r^2) = N(g(\emptyset), \sigma_r^2)$$

Estos parámetros de esta función de producción se asume que siguen una distribución correspondiente a un modelo animal, univariante o multivariante dependiendo del número de parámetros.

$$f(\emptyset|B, u) = N(B+u, \sigma_e^2)$$

Con distribuciones a priori:

$$f(B) = k$$

$$f(u|\sigma_a^2) = N(0, A\sigma_a^2)$$

$$f(\sigma_a^2) = k$$

$$f(\sigma_e^2) = k$$

Por lo tanto, la distribución conjunta de las observaciones productivas y de los parámetros es:

$$f(y, \beta, u, \sigma_e^2, \sigma_a^2, \sigma_r^2) = f(y|\beta, \sigma_r^2) f(\beta|u) f(u|\sigma_a^2) f(\sigma_a^2) f(\sigma_e^2) f(\sigma_r^2)$$

En este trabajo se ha realizado un experimento de simulación en el cual se ha utilizado una función de producción lineal.

$$y = a + bx + r$$

donde a es una variable conocida, x es el momento de extracción de muestras, b es la pendiente de la recta y r es un residuo normal con varianza σ_r^2 . El carácter considerado de interés es la pendiente b .

El desarrollo de un procedimiento de muestreo de Gibbs con un algoritmo de Data-Augmentation exigen la descripción de las distribuciones condicionales completas de todos los parámetros de la distribución conjunta (efectos sistemáticos, aleatorios, componentes de varianza y parámetros de la función de producción).

Las distribuciones condicionales de los efectos sistemáticos y aleatorios son normales univariantes, las correspondientes a componentes de la varianza son proporcionales a Chi-Cuadrados invertidas. Nótese que, fijados los parámetros de la función de producción el análisis es idéntico al realizado mediante un modelo animal usando muestreo de Gibbs (Wang et al., 1994, Sorensen et al., 1994).

Las condicionales de los datos faltantes (parámetros de cada función de producción individual) dependen de la naturaleza de esa distribución, pero son siempre función de los datos productivos del individuo y de los valores de estos parámetros en sus parientes ponderados por sus relaciones genéticas. Esta segunda fuente de información es despreciada en el procedimiento habitual de ajuste de funciones productivas.

Estas distribuciones condicionales se construyen mediante la ponderación de dos distribuciones normales.

$$f(b|\beta, u) = N(\beta + u, \sigma_e^2) \text{ y } f(b|y, \sigma_r^2) = N(\sum(y-a)x / \sum x^2, \sigma_r^2/n)$$

El distribución $f(b|\beta, u, y, \sigma_r^2)$ es una nueva distribución normal con los siguientes parámetros:

$$\mu = ((\beta + u) * \sigma_r^2/n + \sum(y-a)x / \sum x^2 * \sigma_e^2) / (\sigma_e^2 + \sigma_r^2/n)$$

$$\text{Var} = (\sigma_e^2 * \sigma_r^2/n) / (\sigma_e^2 + \sigma_r^2/n)$$

La distribución condicional de la varianza se muestreo (σ_r^2) es proporcional a una Chi-Cuadrado invertida.

Resultados y Discusión.

Se ha simulado un proceso de crecimiento lineal, con un peso a tiempo 0 conocido (100 Kg.). Los parámetros de crecimiento han sido simulados asumiendo un modelo animal con media 0,6 kg./día y desviación típica fenotípica de 0,141. La desviación típica asociada a la toma de muestras fue de 5 kg. Las heredabilidades simuladas fueron 0,20, 0,40, 0,60 y 0,80.

Se simularon 20 réplicas de 3000 individuos estructurados en 3 generaciones discretas. En cada individuo se tomaron de 2 a 5 pesos repartidos al azar entre los días 0 y 100. Todas las observaciones se localizan en el mismo nivel de un único efecto sistemático.

Los datos se analizaron mediante un ajuste conjunto mediante el procedimiento descrito (METODO I) y después de un ajuste individual previo (METODO II). En los dos métodos el análisis se realizó mediante muestreo de Gibbs con una cadena única de 11000 iteraciones y se despreciaron posteriormente las 1000 primeras.

La predicción de los valores mejorantes se calculó el promedio de las 10000 observaciones Gibbs en ambos métodos.

Los resultados de presentan en la siguiente tabla:

Tabla I. Resultados de estimación de la heredabilidad y correlación entre valores genéticos predichos y simulados con los métodos I y II.

h ²	METODO I		METODO II		r _I (\hat{u} ,u)-r _{II} (\hat{u} ,u)
	h ²	r _I (\hat{u} ,u)	h ²	r _{II} (\hat{u} ,u)	
0,20	0,199±0,009	0,521±0,005	0,167±0,011	0,514±0,007	0,007±0,001
0,40	0,392±0,008	0,683±0,003	0,346±0,007	0,677±0,004	0,006±0,001
0,60	0,598±0,008	0,786±0,003	0,529±0,009	0,781±0,003	0,005±0,001
0,80	0,794±0,012	0,868±0,002	0,695±0,013	0,860±0,003	0,008±0,001

El estimador de la varianza de muestreo (σ_r^2) se localizó siempre en torno al valor simulado.

La correlación estadística entre los predictores de los valores genéticos mediante el método I fueron siempre superiores al método II en todas las heredabilidades. Por lo tanto, la esperanza de progreso genético es superior con el método I. Es decir, la utilización de valores fenotípicos ajustados previamente provoca una reducción de la eficacia de la selección. Por otra parte, el método I permite evaluar la calidad de la toma de observaciones a partir de la varianza de muestreo (σ_r^2).

La heredabilidad estimada mediante el método II esta infraestimada, debido a que el método no asume la existencia de la varianza de muestreo y atribuye esta variabilidad a la varianza residual.

La asunción de métodos mas complejos en la función de producción como curvas de crecimiento o curvas de lactación exige la definición de modelos multicarácter con los parámetros de las curvas y la construcción las distribuciones condicionales. Pese a todo, el método puede llevarse a cabo con distribuciones complejas mediante técnicas de muestreo de distribuciones desconocidas (Gilks et al., 1992).

Referencias.

- Gelfand y Smith. 1990. *J.A.S.A.* 85, 398-409.
 Geman y Geman. 1984. *IEEE Trans. Pattn. Anal. Mach. Intell.* 6, 721-741.
 Gilks et al. 1992. *J. R. Statist. Soc. C.* 41, 337-348.
 Sorensen et al. 1994. Proc. V Congreso Mundial de Genética aplicada a la Producción Animal. 321-328.
 Sorensen et al. 1995. *Genet. Sel. Evol.*
 Tanner y Wong. 1987. *J.A.S.A.* 82, 528-550.
 Wang et al. 1994. *Gen. Sel. Evol.*