

EFFECTO DE LOS GRUPOS GENÉTICOS EN LA ESTIMA DE PARÁMETROS GENÉTICOS DE LA POBLACIÓN DE LIMUSÍN DE ESPAÑA.

A. Moreno ¹, C. Díaz ² y M. J. Carabaño ²

¹ Federación Española de Criadores de Limusín

² Dpto. de Mejora Genética y Biotecnología. INIA. Apdo. 8111. 28080 Madrid

INTRODUCCIÓN

La estima de varianzas genéticas cuando la población base ha sido seleccionada puede estar sesgada por selección de los ancestros si no se dispone de la información completa del pedigrí y de los datos en los cuales ésta está basada. El conocimiento de la relación de parentesco entre los animales de la base puede eliminar parte del sesgo aunque no se conozcan los datos de la base (Van der Werf y Boer, 1990). Bajo un modelo condicional, asumiendo los animales de la base como fijos, Van der Werf (1992) obtiene estimas de componentes de varianza no sesgadas por la selección de los animales de la base pero se introduce un nuevo sesgo si la selección continúa. Un problema añadido viene del hecho de que los animales de la base además de ser animales seleccionados lo haya sido en periodos de tiempo distinto. Pieramati y Van Vleck (1993) propusieron utilizar una estrategia de grupos genéticos para modelizar el efecto de la selección sobre la varianza aditiva.

La población de Limusín de España se ha generado a partir de múltiples importaciones de animales de raza Limusín francesa que cuenta con un Esquema de Selección sólido y eficiente desde la década de los 60. La importación de animales se ha realizado en diferentes periodos de tiempo, con lo cual, los animales que constituyen parte de la base responde a periodos de selección distintos. Aunque el Libro Genealógico consta de unos 25000 registros la disponibilidad de genealogía es desequilibrada, para unos animales uno se puede remontar ocho generaciones mientras que para otros no es así. Por otra parte, no se dispone de los datos franceses en los cuales están basadas la mayoría de las decisiones de selección.

El objetivo del presente trabajo es estudiar el efecto de incluir grupos genéticos en la estima de los parámetros genéticos para un carácter con influencia materna como es el Peso a los 210 días en la población de Limusín de España.

MATERIAL Y MÉTODOS

Las estimas REML de componentes de varianza fueron obtenidas mediante el programa VCE (Groneveld, 1998) para el carácter peso ajustado a los 210 días de edad con información del control de rendimientos de Limusín en España. Se utilizaron diferentes modelos animales incluyendo únicamente efecto directo (M1), y efecto directo, materno y ambiental permanente (M3). Para los dos modelos la estimación se realizó incluyendo o no grupos genéticos directos (M1) y directos y maternos (M3). El número de animales con dato fue 3055 y el número de animales en genealogía fue de 6535. Todos los animales con dato son españoles, en genealogía el número de animales españoles fue de 5117 y el número de animales franceses fue de 1418. Los efectos fijos incluidos en los modelos fueron: grupo de comparación (344 niveles), sexo y edad de la madre al parto (4 niveles). Los grupos genéticos se definieron bajo diferentes estrategias. En primer lugar asignamos el número de generación a todos los animales de la genealogía, el número máximo de generaciones en genealogía fue de ocho. Los animales con dato constituyen la generación ocho, sus padres pertenecían a la generación siete, y así sucesivamente hasta llegar a los ancestros más alejados de los datos que constituyen la generación uno. La estrategia 1 (E1) consistió en asignar los animales a grupos genéticos a partir de la generación, vía de selección y origen (español o francés). Se definieron un total de 54 grupos. En la estrategia 2 (E2) los grupos se definen según el tipo de vía de selección y generación, resultando en un total de 27 grupos. Para la estrategia 3 (E3) los grupos se constituyen según el tipo de vía y generación, agrupando algunas generaciones para los machos 1-4, 5-6, 7-8 y para hembras 1-5 y 6-7. Con un total de 10 grupos. La estrategia 4 (E4) fue similar a la 3, pero prescindiendo del tipo de vía con lo cual el número de grupos se redujo a 5. En una aproximación distinta, se eliminó la genealogía más allá de los abuelos de animales con

dato con el objeto de establecer la población base en una misma generación para todos los animales. De esta forma, el archivo de genealogía pasó a tener 6242 animales. Sobre esta estructura de información se definieron los grupos en función del sexo del progenitor y la generación, dado que dentro de la genealogía existían abuelos desconocidos. Esto constituyó la estrategia 5 (E5) y resultó en la definición de 4 grupos. En la estrategia 6 (E6) se definieron los grupos según el tipo de vía agrupando las generaciones vía padre. Se obtuvieron un total de 6 grupos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Bajo E1 y E2 el número de grupos obtenidos era suficientemente numeroso como para que la información disponible para estimar parte de ellos fuera muy escasa. Además se producían combinaciones lineales adicionales a las esperadas y el efecto grupo no pudo ser 'estimado' para ninguno de los modelos utilizados. Quass (1988) indica que para un número grande de grupos con poca información el efecto grupo podría confundirse con otros efecto fijos y las diferencias entre valores genéticos podrían no ser invariantes. Bajo la E3 se obtuvieron soluciones para los grupos genéticos utilizando el modelo M1, pero plantea problemas de estimabilidad cuando se incluye el efecto materno en el modelo (M3). Van Vleck (1990) propone la asignación de animales a grupos sin distinguir el tipo de vía y considerando únicamente las dos generaciones de ancestros más próximas a los animales con dato. Los resultados que presentaremos hacen únicamente referencia a las estrategias 4, 5 y 6 bajo los dos modelos.

La Tabla 1 muestra las estimas de componentes de varianza utilizando toda la genealogía completa (C) sin y con los grupos genéticos directos (M1-C,) y directos y maternos (M3-C) bajo la E4.

Tabla 1. Estima de componentes de varianza para diferentes modelos animales , utilizando la genealogía completa (C) , sin incluir grupos genéticos y con grupos genéticos bajo la estrategia 4

modelo	Sin grupos genéticos					Con grupos genéticos (E4)				
	σ_d^2	σ_m^2	σ_{d-m}	σ_{sp}^2	σ_e^2	σ_d^2	σ_m^2	σ_{d-m}	σ_{sp}^2	σ_e^2
M1-C	684,9	-	-	-	467,2	641,7	-	-	-	472,3
M3-C	295,9	260,9	-173,8	79,8	582,6	260,4	252,4	-154,7	77,1	602,0

(M1-C) modelo animal; (M3-C) modelo animal con efecto materno y ambiental permanente.

Tabla 2. Estima de las varianzas directa, materna, covarianza directa-materna y varianza ambiental permanente bajo distintos modelos, utilizando la genealogía reducida (R), sin grupos y con grupos genéticos bajo las estrategias 5 y 6 .

modelo	Sin grupos genéticos					Con grupos genéticos (E5)					Con grupos genéticos (E6)				
	σ_d^2	σ_m^2	σ_{d-m}	σ_{sp}^2	σ_e^2	σ_d^2	σ_m^2	σ_{d-m}	σ_{sp}^2	σ_e^2	σ_d^2	σ_m^2	σ_{d-m}	σ_{sp}^2	σ_e^2
M1-R	301,0	-	-	-	737,3	642,8	-	-	-	471,4	290,9	-	-	-	744,7
M3-R	198,0	46,2	-76,3	173,6	639,4	294,3	274,6	-183,4	74,8	585,5	180,0	48,1	-74,3	176,4	648,1

(M1-R) modelo animal; (M3-R) modelo animal con efecto materno y ambiental permanente

Los resultados obtenidos para estimas de componentes de varianza (Tabla1) con los diferentes modelos utilizados siguen el mismo patrón de comportamiento que los obtenidos por Hernández y col. (1995) y Quintanilla y col.(1995). Estos resultados parecen indicar que en el modelo M1 al ignoran las posibles fuentes de variabilidad ajenas al animal y al propio error, la varianza aditiva directa está sobreestimada. Parece claro que el carácter requiere de una modelización en la que se incluya la componente materna. Incluir el efecto materno en el modelo M3-C supone una fuerte reducción en la estima de la varianza aditiva directa respecto al modelo M1-C.

Cuando los grupos genéticos se definen según la estrategia 4 las estimas de componentes de varianza genética disminuyen en los modelos que incluyen grupos genéticos respecto a los modelos sin grupos. La mayor reducción se observa en la varianza directa (12 %) y en la covarianza directa-materna (11%) bajo el modelo M3-C, aunque la varianza materna prácticamente no se modificó (3%). Bajo el modelo M1-C, la inclusión de grupos supuso una reducción del 6% de la varianza directa. Pieramati y Van Vleck (1993) mediante un estudio de simulación obtuvieron que para el caso de que la población base fuera un población seleccionada la modelización del proceso de selección mediante la incorporación de grupos genéticos permitía obtener una estima de la varianza genética que era la adecuada a la población de referencia. Por el contrario, el ignorar los grupos genéticos o definirlos

aleatoriamente de manera que no reflejaran el proceso de selección aplicado sobre la población simulada, se traducía en una sobreestima de la varianza genética. A la vista de los resultados presentados en la Tabla 1, se podría interpretar que la definición de los grupos genéticos que se ha hecho bajo E4 reflejaría la selección aplicada sobre la componente directa del carácter y que dicha selección no ha actuado sobre la componente materna ó que la estrategia no modeliza la selección ejercida sobre dicha componente.

La Tabla 2 presenta los componentes de varianza estimados utilizando la genealogía reducida sin grupos genéticos y con grupos bajo las estrategias 5 y 6. El efecto de eliminar parte de la genealogía es notable suponiendo una reducción drástica en la estima de la/las componentes genéticas bajo los dos modelos en ausencia de grupos genéticos. Al eliminar parte de la genealogía la población base queda definida prácticamente por los abuelos y/o bisabuelos y la varianza que estima el modelo es fundamentalmente la de esta generación que obviamente debería ser menor que la varianza inicial en presencia de selección direccional por el efecto del establecimiento de covarianza entre animales, consanguinidad y desequilibrio gamético (van der Werf y de Boer, 1990) o bien puede que la estructura de la información se altere de tal manera que no permita separar la/las componente/es genética/as del residuo. Por otra parte, la implementación de la E5 parece paliar el efecto de la carencia de genealogía aunque no la E6. En el caso de que se disponga de genealogía los grupos genéticos podrían atenuar el efecto de la selección sobre la población base sin embargo, cuando la genealogía es escasa parece suplir únicamente el efecto de la genealogía faltante.

Las estimas de heredabilidad directa (h_d^2) heredabilidad materna (h_m^2) y correlación genética directo- materna (r_{d-m}) se presenta en la Tabla 3.

Tabla 3. Estimaciones de heredabilidades directa, materna y correlación genética directo-materna

Modelo	h_d^2	h_m^2	r_{d-m}
Limusín Frances (Shi y col., 1993)	0,26	0,13	-0,24
M3-C Sin grupos genéticos	0,28	0,25	-0,62
M3-R Sin grupos genéticos	0,20	0,05	-0,80
M3-C Con grupos genéticos E4	0,25	0,24	-0,60
M3-R Con grupos genéticos E5	0,28	0,26	-0,65
M3-R Con grupos genéticos E6	0,18	0,05	-0,80

La estima de parámetros genéticos bajo un modelo animal con efecto materno y ambiental permanente se ve poco afectada al incluir los grupos genéticos en el modelo cuando la genealogía es completa. La eliminación de la genealogía tiene un efecto importante sobre la estimación de los parámetros. La h_d^2 disminuye un 29% , la h_m^2 disminuye un 80% mientras que la r_{d-m} aumenta en valor absoluto un 29% comparando los modelos que no incluyen grupos genéticos. Si se observa que la inclusión de grupos genéticos bajo E5 al reducir la genealogía palia el efecto de la falta de dicha genealogía de manera que según se observa en la Tabla 3 las estimas de heredabilidad directa y materna así como la correlación genética son de la misma magnitud. Por otra parte, la h_d^2 es muy similar a la obtenida en la población francesa, pero la h_m^2 fue aproximadamente el doble de la de la población francesa y la r_{d-m} fue casi el triple de la obtenida en esa población. Los resultados presentados son preliminares y requieren de un estudio de simulación que permita discernir entre el problema de estructura de información y el efecto de la selección.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Groneveld E. 1998. VCE4 (V1-3)
Hernández D., Díaz C., Alenda R. 1995. ITEA. Tomo 1, vol. 16: 221-223.
Pieramati C. and Van Vleck L.D.. 1993. J. Anim. Sci. 71: 66-70.
Quintanilla R., Pujol M.R., Piedrafitra J. 1995. ITEA. Tomo 1, vol. 16: 230-232.
Quass R.L. 1988. J. Dairy Sci. 71: 1338-1345.
Shi M.J., Lalöe D., Ménissier F., Renand G. 1993. Genet. Sel. Evol. 25: 177-189.
Van der Werf, J.H.J. 1992. J. Anim. Sci. 70: 1068-1076.
Van der Werf, J.H.J. and de Boer, I.J.M. 1990. J. Anim. Sci. 68: 3124-3132.
Van Vleck L. 1990. J. Anim. Sci. 68: 3990-4013.