

ANÁLISIS DE CANALIZACIÓN SOBRE EL PESO AL NACIMIENTO EN LA RAZA *BRUNA DELS PIRINEUS*

Fina, M¹., Ibáñez-Escriche, N²., Piedrafita, J¹. y Casellas, J¹.

¹Grup de Recerca en Remugants, Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra (Barcelona).

²Genètica i Millora Animal, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries, 25198 Lleida. marta.fina@uab.cat

INTRODUCCIÓN

El peso al nacimiento (PN) es uno de los objetivos de selección en la raza bovina *Bruna dels Pirineus*, en donde los pesos extremos se prefieren evitar para prevenir posibles casos de distocia (en terneros demasiado pesados) o baja viabilidad neonatal (en terneros demasiado ligeros; Tarrés et al., 2005). En relación a la heterogeneidad de la varianza residual, hay estudios de peso en bovinos de carne que evidencian su existencia (Robert-Granié et al., 1999), así como en otros caracteres y especies ganaderas. Por ejemplo, en el tamaño de camada y peso al matadero en cerdos (Sorensen y Waagepetersen, 2003; Ibáñez-Escriche et al., 2007), peso adulto en pollos (Rowe et al., 2006), prolificidad en ovejas (SanCristobal-Gaudy et al., 2001), y caracteres lecheros (Robert-Granié et al., 1999). Por otra parte, cabe destacar, que muchos de estos estudios se realizaron con los modelos desarrollados por SanCristobal-Gaudy et al. (1998) y Sorensen y Waagepetersen (2003), los cuales asumen contribución genética sobre la variabilidad ambiental (canalización). El principal objetivo de este trabajo fue investigar la presencia de efectos genéticos aditivos que influyen en la variación residual del PN en la raza *Bruna dels Pirineus*.

MATERIAL Y MÉTODOS

Este estudio ha sido realizado sobre 8.130 datos de (PN) registrados durante el periodo 1989-2010, pertenecientes a 12 explotaciones conectadas genealógicamente y que participaban en el Programa de Control de Rendimientos y Mejora Genética de la *Bruna dels Pirineus*. El pedigrí incluyó 10.266 animales, de los cuales 2.671 eran madres y 230 padres de animales con información fenotípica. El PN se analizó bajo dos modelos, el de varianzas homogéneas (HO) y el modelo de varianzas heterogéneas (HE) presentado a continuación:

$$y_i = \mathbf{x}'_i \mathbf{b} + \mathbf{w}'_i \mathbf{p} + \mathbf{z}'_i \mathbf{a} + \exp\left(\frac{\mathbf{x}'_i \boldsymbol{\beta} + \mathbf{w}'_i \boldsymbol{\pi} + \boldsymbol{\zeta}'_i \boldsymbol{\alpha}}{2}\right) \boldsymbol{\varepsilon}_i$$

donde \mathbf{b} y $\boldsymbol{\beta}$ son los vectores de parámetros asociados con los efectos fijos de edad de la madre (6 niveles), tipo de parto (simple o doble), sexo del ternero (macho o hembra) y el efecto rebaño-año-estación (135 niveles), \mathbf{p} y $\boldsymbol{\pi}$ son los vectores de parámetros asociados a los efectos ambientales permanentes, y \mathbf{a} y $\boldsymbol{\alpha}$ son los vectores de parámetros asociados al efecto genético aditivo infinitesimal. Nótese que \mathbf{x}_i , \mathbf{w}_i , \mathbf{z}_i , $\boldsymbol{\chi}_i$, $\boldsymbol{\omega}_i$, $\boldsymbol{\zeta}_i$ son los vectores de incidencias correspondientes.

Bajo una aproximación Bayesiana estándar, se asignó una normal multivariante como distribución a priori para los efectos genéticos aditivos (\mathbf{a} y $\boldsymbol{\alpha}$),

$$\begin{pmatrix} \mathbf{a} \\ \boldsymbol{\alpha} \end{pmatrix} \Big| \sigma_a^2, \sigma_\alpha^2, \mathbf{A}, \rho = N\left(\begin{bmatrix} \mathbf{0} \\ \mathbf{0} \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \rho\sigma_a\sigma_\alpha \\ \rho\sigma_a\sigma_\alpha & \sigma_\alpha^2 \end{bmatrix} \otimes \mathbf{A}\right),$$

donde $\mathbf{0}$ era un vector de ceros de dimensiones iguales al número de individuos del pedigrí, \mathbf{A} era la matriz de relaciones genéticas aditivas, σ_a^2 era la varianza genética directa del carácter, σ_α^2 era la varianza genética aditiva de la variabilidad residual, ρ era el coeficiente de correlación genética, y \otimes representaba el producto de Kronecker. Los vectores \mathbf{p} y $\boldsymbol{\pi}$ se asumieron independientes con a prioris $\mathbf{p} | \sigma_p^2 = N(\mathbf{0}, \mathbf{I}_p \sigma_p^2)$ y $\boldsymbol{\pi} | \sigma_\pi^2 = N(\mathbf{0}, \mathbf{I}_\pi \sigma_\pi^2)$ donde \mathbf{I}_p y \mathbf{I}_π eran matrices de incidencia de dimensiones iguales que los vectores \mathbf{p} y $\boldsymbol{\pi}$, respectivamente, y σ_p^2 y σ_π^2 eran las varianzas ambientales permanentes que afectaban al carácter y a la log-varianza, respectivamente. La heredabilidad no puede ser reducida a un único valor porque la varianza residual cambia a lo largo de los niveles de los efectos

sistemáticos (Ros et al., 2004; Ibáñez-Escriche, 2008). En este contexto, se aproximó siguiendo la expresión,

$$h_i^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_p^2 + \exp(\mathbf{x}_i' \boldsymbol{\beta} + \sigma_\alpha^2/2 + \sigma_\pi^2/2)}$$

Los modelos descritos se analizaron con el software GSEVM de Ibáñez-Escriche et al. (2010), lanzando tres cadenas de muestreo de 5.050.000 iteraciones y descartando las 50.000 primeras como *burn in*. Los modelos se compararon mediante el *deviance information criterion* (DIC) desarrollado por Spiegelhalter et al. (2002) y se aplicó una aproximación de *step-wise* para identificar los efectos significativos en el término residual.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados del DIC descartaron el modelo de varianzas homogéneas y las fuentes de heterogeneidad vinieron caracterizadas tanto por efectos sistemáticos como aleatorios. De hecho, la inclusión de $\boldsymbol{\pi}$ y $\boldsymbol{\alpha}$ redujo substancialmente el DIC, y también el rebaño-año-estación y el tipo de parto fueron relevantes (Tabla 1). Los efectos sistemáticos de sexo y edad de la madre no fueron relevantes, contrariamente a los resultados descritos anteriormente en vacuno por Kizilkaya y Templeman (2005) o en cerdos por Ibáñez-Escriche et al. (2007). Los resultados de los componentes de varianzas están representados en la Tabla 2. Ambos modelos presentaron similar σ_a^2 (5,88 kg² vs 6,42 kg², respectivamente) pero diferencias importantes en σ_p^2 (0,70 kg² en el modelo HE y 1,58 kg² en el modelo HO). Los dos modelos daban como resultados heredabilidades parecidas (HO con $h^2 = 0,30$; HE con $h^2 = 0,27$), aunque menores que las descritas en otras razas bovinas cárnicas españolas como la Asturiana de los Valles ($h^2 = 0,39$; Gutiérrez et al. 2007) o europeas como la Charolais ($h^2 = 0,46$; Mujibi y Crews, 2009). Los resultados permitieron identificar los toros que proporcionaron una progenie más homogénea con un efecto genético directo intermedio, los cuales deberían ser utilizados preferentemente como progenitores para las generaciones futuras de terneros. Además, observaciones relativas a la tendencia genética permitirían la posibilidad de mejorar las características de crecimiento, lo cual podría usarse como herramienta para aumentar la comercialización y el precio de los animales.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Gutiérrez, J. P., Goyache, F., Fernández, I., Alvarez, I., & Royo, L. J. 2007. J. Anim. Sci. 85:69-75.
- Ibáñez-Escriche, N., Varona, L., Sorensen, D., & Noguera, J.L. 2007. Animal 2:19-26.
- Ibáñez-Escriche, N., Sorensen, D., Waagepetersen, R., & Blasco, A. 2008. Genetics 180:2209-2226.
- Ibáñez-Escriche, N., García, M., & Sorensen, D. 2010 J. Anim. Breed. Genet. 127: 249-51.
- Kizilkaya, K., & Tempelman, R. J. 2005. Genet. Sel. Evol. 37:31-436 56.
- Mujibi, F.D.N., & Crews, D.H. 2009. J. Anim. Sci. 87:2759-2766.
- Robert-Granié, C., Bonaiti, B., Boichard, D., & Barbat, A. 1999. Livest. Prod. Sci. 60:343-357.
- Rodríguez-Almeida, F.A., Van Vleck, L.D., Cundiff, L.V., & Kachman, S.D. 1995. J. Anim. Sci. 73:2579-2588.
- Rowe, S.J., White, I.M.S., Avendano, S., & Hill, W.G. 2006. Genet. Sel. Evol. 38 :617-635.
- Ros, M., Sorensen, D., Waagepetersen, R., Dupont-Nivet, M., SanCristobal, M., Bonnet, J. C., & Mallard, J. 2004. Genetics 168:2089-2097.
- SanCristobal-Gaudy, M., Elsen, J.M., Bodin, L., & Chevalet, C. 1998. Genet. Sel. Evol. 30:423-451.
- SanCristobal-Gaudy, M., Bodin, L., Elsen, J.M., & Chevalet, C. 2001. Genet. Sel. Evol. 33:249-271.
- Sorensen, D., & Waagepetersen, R. 2003. Genet. Res. 82:207-222.
- Tarrés, J., Casellas, J., & Piedrafita, J. 2005. J. Anim. Sci. 83:543-551.
- Spiegelhalter D. J., Best, N. G., Carlin, B. P., & Van der Linde, A. 2002. J. R. Statist. Soc. B 64: 583–639.

Agradecimientos: Trabajo enmarcado dentro del Programa de Control de Rendimientos y Mejora Genética de la raza *Bruna dels Pirineus*, y financiado por el *Departament d'Agricultura, Ramaderia, Pesca, Alimentació i Medi Natural*, con la inestimable aportación de los ganaderos de FEBRUPI que han registrado la información productiva.

Tabla 1. Rondas de step-wise mediante DIC (modelo heteroscedástico).

	Rondas de stepwise		
	1	2	3
Modelo base ¹			
Efectos	0	RAE	RAE + TP
DIC	2.920.305	2.603.536	2.482.593
Efectos contrastados			
Edad de la madre (EM)	2.912.759	2.671.208	2.500.636
Sexo del ternero (S)	2.884.956	2.524.370	2.616.098
Tipo de parto (TP)	2.921.794	2.482.593	
Rebaño-año-estación (RAE)	2.603.536		
Efecto seleccionado ²	RAE	TP	Ninguno

¹ Modelo obtenido en la iteración previa del step-wise. Este modelo tiene dos fuentes de variación aleatoria (efectos ambientales permanentes y genéticos aditivos).

² Efecto sistemático del modelo con un valor de DIC menor.

Tabla 2. Componentes de varianza para peso al nacimiento.

Componente de varianza ¹	Modelo HO ²		Modelo HE ³	
	Media	95% IC ⁵	Media	95% IC
σ_a^2	6,42	4,72 a 8,23	5,88	5,00 a 6,23
σ_a^{2a}				
σ_p^2	1,58	1,07 a 2,12	0,70	0,56 a 1,10
σ_e^2	13,22	12,14 a 14,28	-	-
σ_e^{2e}	- ⁴	-	0,55	0,36 a 0,69
σ_π^2	-	-	0,20	0,12 a 0,30
ρ	-	-	0,40	0,37 a 0,54
h^2	0,30	0,23 a 0,38	0,30	0,19 a 0,40

¹ σ_a^2 (σ_a^{2a}): varianza genética aditiva directa (y residual); σ_p^2 (σ_π^2): varianza ambiental permanente (y residual); σ_e^2 : varianza residual; ρ : correlación genética; h^2 : heredabilidad (calculada asumiendo el efecto de partos simples y la media del efecto rebaño-año-estación). ² Modelo homoscedástico. ³ Modelo heteroscedástico. ⁴ No estimable. ⁵ Intervalo de credibilidad.

BIRTH WEIGHT CANALISATION IN BRUNA DELS PIRINEUS BEEF CATTLE BREED

ABSTRACT: Canalisation models have provided new understanding on animal breeding programs and, more specifically, heteroscedacity has become a particular topic of interest in beef cattle. For this reason, birth weight was analyzed in the *Bruna dels Pirineus* beef cattle breed by canalisation models. The analysis was performed on 8,130 BW records collected between 1989 and 2010 in twelve purebred herds. Analytical models accounted for direct additive genetic, permanent environmental and four systematic effects; the residual term accounted for the same effects and they were checked by the deviance information criterion; only residual additive genetic, permanent environment, birth type and herd-year-season remained in the final model. The heteroscedastic model provided moderate heritability (0.30) whereas additional additive genetic variability was revealed in the residual term, this being positively correlated with the direct additive genetic component (0.44). This study must be viewed as a contribution to the canalisation research field, providing relevant information for the breeding scheme of the *Bruna dels Pirineus* breed.

Keywords: beef cattle, Bayesian analysis, heterogeneous variance.