

MODELOS RECUSIVOS Y MODELOS MULTICARACTER

Varona^{1*}, L., Altarriba¹, J., López-Carbonell¹, D., Srihi¹, H. y González-Recio², O.

¹Universidad de Zaragoza. Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2). 50013. Zaragoza. ²Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC). 28040. Madrid

*lvarona@unizar.es

INTRODUCCIÓN

Los modelos recursivos son un tipo de modelos de ecuaciones estructurales que postulan una relación causal entre los caracteres (Gianola y Sorensen, 2004). Se puede demostrar que los modelos multicarácter y los modelos recursivos completos tienen una verosimilitud equivalente (Varona *et al.*, 2007), aunque los modelos recursivos están más parametrizados. Por este motivo, la implementación de los modelos recursivos exige imponer algunas restricciones en el espacio paramétrico. La restricción más frecuente consiste en asumir que toda la relación no genética se debe a la causalidad, imponiendo que la matriz de varianzas y covarianzas residuales es diagonal. La equivalencia entre los modelos permite calcular los componentes de varianza y los valores mejorantes de un modelo a partir del otro. Sin embargo, la implementación de un modelo recursivo exige que todos los individuos dispongan de información fenotípica, mientras que en los modelos multicarácter no es un requisito indispensable. El objetivo de este trabajo es mostrar esta posibilidad con un ejemplo práctico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha utilizado una base de datos de 5 caracteres (Peso al Nacimiento –PN-, Peso a los 90 días –P90-, Peso a los 210 días –P210-, Peso de la Canal Oreada –PC- y Conformación –CONF-) procedente de la base de datos utilizada para la valoración genética de la raza bovina Pirenaica. La base de datos consistió en 149.029 pesos al nacimiento, 59.578 pesos a los 90 días, 46.550 peso a los 210 días, 52.110 pesos de la canal fría y 50.459 valoraciones de conformación en la escala SEUROP (Altarriba *et al.*, 2009), además de una genealogía de 343.753 individuos. El análisis de los datos se llevó a cabo mediante un modelo animal multicarácter que incluyó, además de los efectos genéticos aditivos y residuales, los efectos sexo, edad de la madre y rebaño-año-estación. Los resultados de componentes de varianza se transformaron a varios modelos recursivos alternativos mediante la utilización del procedimiento propuesto por Varona y González-Recio (2023) que utiliza transformaciones LDL y Block-LDL de la matriz de varianzas y covarianzas residuales.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La equivalencia de la verosimilitud entre los distintos modelos recursivos y el modelo multicarácter no permite comparar modelos por su grado de ajuste. Sin embargo, los resultados de la transformación LDL y Block-LDL han permitido obtener inferencia a partir de varias estructuras de modelos recursivos desde de los resultados obtenidos en un único modelo multicarácter en una base de datos con información desigual entre los caracteres analizados.

CONCLUSIÓN

La transformación LDL o Block-LDL de la matriz de varianzas residuales permite disponer de varias reinterpretaciones de los datos bajo distintas asunciones de causalidad entre los caracteres sin la necesidad de volver a ejecutar los análisis, dotando de una mayor interpretabilidad a los modelos genéticos que postulan una relación causal entre dos o más caracteres.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Altarriba, J., *et al.* 2009. *Livest. Sci.* 125: 115-120.
- Gianola, S. y Sorensen, D. A. 2004. *Genetics.* 167: 1407-1424.
- Varona, L., *et al.*, 2007. *Genetics.* 177: 1791-1799.
- Varona, L. y González-Recio, O. 2023. *J. Dairy Sci.* (en prensa).

Agradecimientos: Los autores agradecen a CONASPI (Confederación Nacional de Asociaciones de Ganado Pirenaico) por la disponibilidad de la información fenotípica y genealógica.