

## **MODELOS RECURSIVOS NO LINEALES PARA CARACTERES DE PESO EN VACUNO PIRENAICO**

A. González-Rodríguez, J. Altarriba, C. Moreno, L. Varona.  
Unidad de Genética Cuantitativa y Mejora Animal. Universidad de Zaragoza.  
Zaragoza 50013.  
E-mail: aldemarango69@yahoo.es

### **INTRODUCCIÓN**

El peso al sacrificio es uno de los caracteres de interés en la producción de vacuno de carne (Golden. et al, 1998; MacNeil, 2003; Bouquet et al., 2010). En este carácter no se dispone de registros fenotípicos para los candidatos a la selección. Como consecuencia, se utilizan como criterio de selección registros de pesos a lo largo de diferentes etapas del crecimiento, argumentando que las correlaciones genéticas entre los pesos a edades previas y el peso al sacrificio son altas y positivas (Meyer et al., 1993; Altarriba et al., 2009; Bouquet et al., 2010). En este sentido, el programa de mejora genética que aplica la Confederación Nacional de Asociaciones de Vacuno Pirenaico (CONASPI) utiliza datos entre los 110 y 310 días como predictores del peso al sacrificio (Altarriba et al., 1996; Varona et al., 1997).

No obstante, la presencia de crecimiento compensatorio (Smith and Hodnett, 1962; Tolla et al., 2003; Neto et al., 2011) puede reducir la eficiencia de esta estrategia. En un estudio previo (González-Rodríguez et al, 2011) se mostró que la correlación genética entre las ganancias de peso y el peso previo fueron bajas y que la correlación residual entre ambas fue incluso negativa, lo que sugiere la presencia de un crecimiento compensatorio en la población de vacuno Pirenaico.

Por otra parte, los modelos recursivos (Gianola and Sorensen, 2004) pueden ser un enfoque útil para el análisis de caracteres que aparecen secuencialmente a lo largo de la vida del animal, como los pesos a lo largo del crecimiento. Además, una versión no lineal de los modelos recursivos (López de Maturana et al., 2009; Ibáñez-Escriche et al, 2010) permitiría describir la clase de relación existente entre los caracteres bajo la presencia de crecimiento compensatorio.

La finalidad de este estudio es explorar las posibilidades de los modelos recursivos en el análisis de pesos sucesivos en vacuno Pirenaico, con el objetivo de describir el proceso de crecimiento de manera más apropiada.

### **MATERIALES Y MÉTODOS**

*Datos:* Los datos fueron proporcionados por dos entidades, la Confederación Nacional de Asociaciones de Vacuno Pirenaico (CONASPI) y el Sistema de Identificación y Trazabilidad (SITRAN). El primero proporcionó los registros de los pesos vivos y el pedigrí desde 1989 hasta 2009, mientras que el segundo aportó el peso de la canal desde 2003 a 2009.

Los registros de pesos correspondientes a individuos entre 80 y 160 días de edad se atribuyeron al carácter peso a los 120 días (P120), los pesos procedentes de individuos entre 170 y 250 días de edad fueron asignados al carácter peso a los 210 días (P210), y los datos de peso de la canal fría se obtuvieron en el rango entre los 250 y 480 días de edad (PCAN). En el análisis estadístico se generaron tres grupos de datos (P120-P210, P120-PCAN y P210-PCAN), en el que se incluyen los individuos que tuvieron datos disponibles para los dos caracteres dependiendo del grupo a que corresponda, por lo tanto, P120-P210 contó con 8,592 registros, P120-PCAN con 4,648 registros y P210-PCAN con 3,234. En cada caso, los pesos fueron ajustados mediante regresión lineal para cada edad de referencia (120, 210 y 450 días,

respectivamente). En la Tabla 1 se presenta un resumen con las medias y desviaciones típicas fenotípicas.

En cuanto a la genealogía, se utilizaron 56,323 registros para P120-P210, 54,034 para P120-PCAN y 52,620 para P210-PCAN, obtenidos mediante RenumF90 (Misztal, 2001) a partir del pedigrí aportado por CONASPI.

*Modelos de análisis:* Los datos descritos anteriormente se analizaron por parejas mediante modelos recursivos. Para el carácter registrado con anterioridad en la vida del individuo (P120 ó P210) se utilizó el siguiente modelo:

$$y_1 = X_1\beta_1 + Z_1u_1 + e_1$$

Donde  $y_1$  es el vector de datos para el carácter 1,  $\beta_1$  es un vector de efectos sistemáticos en la que se considera la estación de nacimiento, el sexo y la explotación,  $u_1$  es el vector de efectos genéticos aditivos,  $e_1$  es el vector correspondiente a los efectos residuales.  $X_1$  y  $Z_1$  son las matrices de incidencia.

Los caracteres medidos con posterioridad en el tiempo (P210 ó PCAN) se analizaron mediante los siguientes cuatro modelos:

$$y_2 = \lambda_{21}y_1 + X_2\beta_2 + Z_2u_2 + e_2$$

$$y_2 = \lambda_{21}y_1 + \lambda_{21}^{\prime}y_1^2 + X_2\beta_2 + Z_2u_2 + e_2$$

$$y_2 = \lambda_{21}y_1 + \lambda_{21}^{\prime}y_1^2 + \lambda_{21}^{\prime\prime}y_1^3 + X_2\beta_2 + Z_2u_2 + e_2$$

$$y_2 = \lambda_{21}y_1 + \lambda_{21}^{\prime}y_1^2 + \lambda_{21}^{\prime\prime}y_1^3 + \lambda_{21}^{\prime\prime\prime}y_1^4 + X_2\beta_2 + Z_2u_2 + e_2$$

Donde  $y_2$  es el vector de datos para el carácter 2,  $y_1$  es el vector de datos para el carácter 1,  $\lambda_{21}$ ,  $\lambda_{21}^{\prime}$ ,  $\lambda_{21}^{\prime\prime}$  y  $\lambda_{21}^{\prime\prime\prime}$  son los parámetros de recursión que relacionan los datos registrados con anterioridad elevados a la primera, segunda, tercera y cuarta potencia con los caracteres registrados con posterioridad.  $\beta_2$  es un vector de efectos sistemáticos que incluye los efectos estación de nacimiento, sexo, explotación y matadero para el carácter PCAN,  $u_2$  es el vector de efectos genéticos aditivos,  $e_2$  es el vector correspondiente a los efectos residuales,  $X_2$  y  $Z_2$  son las matrices de incidencia.

Se asumió una distribución normal multivariante para los efectos aditivos y distribuciones uniformes acotadas a lo largo del espacio paramétrico para el resto de los parámetros.

El análisis se efectuó mediante un Análisis Bayesiano utilizando muestreo de Gibbs. Para ello, se utilizó una versión modificada del programa TM (Legarra et al., 2008) mediante una única de cadena de 525,000 iteraciones, de las cuales se descartaron la primeras 25,000.

*Cálculo de correlaciones genéticas:* Los resultados proporcionados por un modelo recursivo corresponden al carácter previo y al segundo carácter corregido o condicionado al registrado con anterioridad.

La matriz de varianzas y covarianzas genéticas no condicionales entre caracteres ( $G_k^*$ ) en el valor fenotípico del primer carácter se calculó a partir de:

$$G_k^* = A_k^{-1}G_0A_k^{-1^t}$$

Donde

$$A_k^{-1} = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ \omega_k & 1 \end{bmatrix}$$

$$G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_{1,2} \\ \sigma_{2,1} & \sigma_2^2 \end{bmatrix}$$

$$A_k^{-1} = \begin{bmatrix} 1 & \omega_k \\ 0 & 1 \end{bmatrix}$$

Identificando al carácter anterior (P120 ó P210) con el subíndice 1 y el carácter posterior (P210 ó PCAN) según corresponda con el subíndice 2 dando como resultado la siguiente matriz de varianzas y covarianzas,

$$G_k^* = \begin{bmatrix} \sigma_1^2 & \sigma_1^2 \omega_k + \sigma_{1,2} \\ \sigma_1^2 \omega_k + \sigma_{1,2} & \omega_k (\sigma_1^2 \omega_k + \sigma_{1,2} + [\sigma_{1,2}]) + \sigma_2^2 \end{bmatrix}$$

Para obtener  $\omega_k$  se calcula la primera derivada respecto a  $k$  en la función de recursión.

$$\omega_k = \frac{\partial f(k)}{\partial k}$$

Finalmente, la correlación genética no condicionada entre caracteres para el valor fenotípico  $k$  del carácter registrado previamente se calcula mediante:

$$r_k = \frac{\sigma_1^2 \omega_k + \sigma_{1,2}}{\sqrt{(\sigma_1^2)(\omega_k (\sigma_1^2 \omega_k + \sigma_{1,2} + [\sigma_{1,2}]) + \sigma_2^2)}} \quad (1)$$

*Comparación de modelos:* Los modelos se compararon mediante LOOCV (Leave One Out Cross Validation), basado sobre la capacidad predictiva de la distribución posterior (Gelfand et. al., 1992). Este enfoque involucra la construcción de la densidad predictiva de la posterior para unos datos  $y_i$  condicionados sobre un modelo  $M$  y sobre el vector de datos, pero deja fuera esos datos particulares,  $y_{-i}$  (Sorensen y Gianola, 2002):

$$p(y_i | y_{-i}, M) = \int [p(y_i | \beta, y_{-i}, M) p(\beta | y_{-i}, M)] d\beta$$

Donde  $p(y_i | y_{-i}, M)$  son los valores predictivos de la densidad posterior, también conocidas como CPO<sub>i</sub> (Conditional Predictive Ordinates) y pueden ser utilizadas como una medida de todos los datos puntuales ajustados por el modelo (Ibañez et. al., 2009). Un CPO<sub>i</sub> más bajo indica un peor ajuste de los datos por el modelo. Estos valores se aproximan mediante:

$$p(y_i | y_{-i}, M) = \frac{1}{\sum_{j=1}^{iter} p(y_i | \beta, y_{-i}, M)}$$

Donde  $p_j(y_i | \beta, y_{-i}, M)$  es la densidad condicional del  $i$ -ésimo dato en la  $j$ -ésima iteración del muestreo de Gibbs e  $iter$  es el número total de iteraciones después de la convergencia.

El logaritmo de CPO (Geisser, 1993) se calcula mediante:

$$\text{Log CPO}_{\text{modelo } M} = \sum_{i=1}^n \log(p(y_i | y_{-i}, M))$$

que se utiliza como medida diagnóstica. Los modelos que tienen un mayor CPO se identifican como aquellos que tienen mejor habilidad predictiva.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En este análisis se obtuvieron las medias y las desviaciones típicas posteriores de los parámetros estimados, junto con las medidas diagnósticas (LogCPO) presentes en las tablas 2, 3 y 4 para cada uno de los grupos de caracteres seleccionados.

Los resultados de comparación de modelos mediante logCPO indicaron que el modelo con mejor ajuste incluía una dependencia cúbica en los análisis P120-P210 y P120-PCAN y una dependencia cuadrática en el análisis P210-PCAN. Estos resultados indican una relación no lineal entre los caracteres como se refleja en las figuras 1, 2 y 3.

Las estimaciones de la heredabilidad en los caracteres independientes, o registrados con anterioridad (P120 y P210), estuvieron de acuerdo con las estimaciones observadas tanto en la misma (Varona et al., 1997; Altarriba et al., 2009; Varona et al., 2012), como en otras poblaciones (Bennett et al., 1996; Bouquet et al., 2010). Las estimaciones de heredabilidad en los caracteres dependientes, o registrados con posterioridad (P210 y PCAN), no son directamente comparables con otras estimaciones previas, al encontrarse condicionados al carácter independiente. Pese a todo, su rango de valores oscila entre 0.28 (P210) y 0.38 (PCAN), en torno a estimaciones previas en la literatura (Altarriba et al., 2009; Bouquet et al., 2010).

En cuanto a la correlación genética, la media posterior fue cercana a cero, con un rango desde -0.091 a 0.181, en todos los modelos (tablas 2, 3 y 4). Sin embargo, cuando las correlaciones genéticas (no condicionadas) son expresadas a lo largo del rango de valores fenotípicos del carácter independiente mediante la expresión de la ecuación (1), se observaron correlaciones altas y positivas en los valores inferiores del espacio paramétrico y disminuyeron a medida que el valor del carácter independiente aumentaba (figuras 4, 5 y 6), alcanzando valores muy negativos para los análisis P120-P210 y P120-PCAN, mientras que se mostró una variación mucho menor para el análisis P210-PCAN (figura 6).

En mejora genética animal, el análisis conjunto de varios caracteres se realiza habitualmente mediante un modelo animal multicarácter (Henderson, 1984). Este modelo asume que las relaciones entre los caracteres son lineales, es decir, el incremento de una unidad para un carácter implica idéntica modificación en el otro independientemente del rango de valores que se esté considerando. Esta asunción es asumible cuando se analizan caracteres que tienen su expresión fenotípica en un rango limitado de valores, pero cuando los caracteres disponen de un rango fenotípico muy amplio no es descartable que la relación entre ellos sea no lineal. Por ejemplo, en el trabajo de Ibáñez-Escriche et al. (2010), donde el porcentaje de lechones muertos con respecto al tamaño de camada apenas tiene relación en valores bajos, pero se incrementa considerablemente cuando el tamaño de camada es grande.

En este sentido, los modelos recursivos no lineales tienen una mayor flexibilidad que el modelo recursivo lineal o el modelo mixto estándar permitiendo explorar y describir las relaciones no lineales entre los caracteres, como ya lo pusieron de manifiesto López de Maturana et al. (2009) e Ibáñez-Escriche et al. (2010). En este trabajo se ha presentado una variante que utiliza una función no lineal que evita la asunción previa o el cálculo de puntos de corte entre segmentos debido a la complejidad que conlleva calcularlos, permitiendo su implementación con ligeras variaciones de los modelos estándar de análisis Bayesiano; corrigiendo el carácter posterior por el carácter registrado como anterior y por éste elevado al cuadrado, al cubo y a la cuarta potencia.

Con los resultados de este análisis se muestra que las valoraciones genéticas realizadas mediante el modelo mixto estándar u otro pueden no ajustarse a la realidad en el análisis de vacuno de carne en extensivo, ya que asumen un patrón general de dependencia entre observaciones a lo largo de la curva, y no permiten que la relación

entre observaciones esté condicionada a la magnitud del fenotipo en los estadios previos del crecimiento, como ocurre con el crecimiento compensatorio.

Los resultados de este trabajo confirman que la eficiencia de los esquemas de selección para crecimiento basados exclusivamente en pesos previos al sacrificio son discutibles debido a la baja correlación entre crecimientos sucesivos (González-Rodríguez et al., 2011). Por lo tanto, la utilización de información de peso al sacrificio en animales emparentados es relevante (Altarriba et al., 2009) y los modelos que integren esta dependencia no lineal pueden mejorar la capacidad predictiva de los procedimientos de evaluación genética de reproductores.

El modelo propuesto explora exclusivamente la recursión entre caracteres a nivel fenotípico. En un futuro se pretende explorar el grado de recursión a nivel genético y residual siguiendo las propuestas de Varona y Sorensen (2007).

## REFERENCIAS

- Altarriba, J., Garcia Cortes L. A., Moreno, C., Varona, L., 1996. ITEA, 92:107-116.
- Altarriba, J., Yagüe, G., Moreno, C. & Varona, L. 2009. Livest. Sci. 125:115-120.
- Bennett, G. L., Gregory, K. E. 1996. J.Anim.Sci., 74: 2598-2611.
- Bouquet A., Fouilloux M.-N., Renand G. & Phocas F. 2010 Livest. Sci. 129:38-48.
- Congdom, P. 2001. *Bayesian Statistical Modeling*. pp 469-477.
- Geisser, S., 1993. *Predictive inference: An introduction*. pp 88-107.
- Gelfand, A. E., 1996. *Model determination using sampling-based methods*. pp 145-161.
- Gelfand, A. E., Dey, D. K., y Chang, H., 1992. *Model determination using predictive distributions with implementation via sampling-based methods* pp 147-167.
- Gianola, D., Sorensen D., 2004. Genetics 167:1407-1424.
- Golden, B. L., Garrick, D. J., Newman, S. & Enns, R. M. Economically relevant traits a framework for the next generation of EPDs, Review <http://www.beef.org.nz/research/breeding/beefert.pdf>
- González-Rodríguez, A., Altarriba, J., Moreno, C., Varona, L., 2011. AIDA, 2:458-460.
- Henderson, C. R., 1984. *Applications of linear models in animal breeding*. University of Guelph. Guelph, Ontario, Canada.
- Ibañez-Escriche N., Lopez de Maturana E., Noguera J., & Varona L. 2010 J. Anim. Sci. 88:3493-3503.
- Ibañez-Escriche, N., Varona L., Casellas J., Quintanilla R., y Noguera J. L., 2009.
- Legarra, A., Varona, L., Lopez de Maturana, E., 2008. *Program Threshold Model*. INRA-SAGA, Toulouse, France, Universidad de Zaragoza, INIA, Madrid.
- Lopez de Maturana E., Wu X.-L., Gianola D., Weigel K. A., & Guilherme J. M., 2009 Genet. 181:277-287.
- MacNeil, M. D. 2003. J. Anim. Sci., 81: 2425-2433.
- Meyer, K., Carrick, M. J., Donnelly, B. J. 1993. J. Anim. Sci. 71: 2614-2622.
- Misztal, I., 2001. *RENUMF90 - remembering program for the BLUPF90 family*. University of Georgia.
- Neto, S.G., Bezerra, L. R., Medeiros, A. N., Ferreira, M. A., Pimenta, E. C., Candido, E. P., Oliveira, R. L., 2011. Asian-Aust. J. Anim. Sci. 24:791-799.
- Raftery, A. E., and Lewis S. M., 1992. *How many iterations in the Gibbs Sampler*. pp 763-774.
- Smith, C.A., Hodnett, G. E., 1962. Nature, 195:919-920.
- Sorensen, D., y Gianola D., 2002. *Likelihood, Bayesian and MCMC methods in quantitative genetics*. Springer, New York.
- Tolla, N., Mirkena, T., Yimegnihal, A., 2003. Anim. F. Sci. Tec., 103:29-39.
- Varona L., Sorensen D., & Thompson R. 2007 Genetics, 177:1791-1799.
- Varona, L., Moreno, C., Altarriba, J., 2012. Animal, 00:1-7.
- Varona, L., Moreno, C., García Cortés, L. A., Altarriba, J. 1997. Livest. Prod. Sci., 47: 201-209.

**Agradecimientos:** Los autores agradecen a CONASPI y a SITRAN por la disponibilidad de los datos utilizados.

**Tabla 1.** Medias y desviaciones típicas fenotípicas de los caracteres analizados. P120 (peso a 120 días de edad), P210 (peso a 210 días de edad) y PCAN (peso de la canal fría).

GRUPO	Nº	1 <sup>er</sup> Carácter			2 <sup>o</sup> Carácter		
		Media	Dev. Típicas	Edad Media	Media	Dev. Típicas	Edad Media
P120-P210	8,592	154.88	37.58	115.26	275.04	53.93	209.84
P120-PCAN	4,648	168.90	42.07	120.898	302.72	54.13	364.47
P210-PCAN	3,234	278.51	55.14	204.74	302.13	52.56	366.8

**Tabla 2.** Media posterior (y desviación típica), estimación de varianzas genéticas y residuales, covarianza, correlación genética, heredabilidades, soluciones de modelos recursivos y Log CPO para los caracteres P120-P210.

Parámetros	Modelo 1	Modelo 2	Modelo 3	Modelo 4
$\sigma_g^2$ P120	224.97 (23.89)	224.46 (23.40)	222.77 (23.36)	225.07 (24.71)
$\sigma_g^2$ P210	224.89 (26.77)	222.16 (27.01)	218.39 (26.48)	215.31 (27.46)
Cov P120-P210	40.54 (22.72)	38.76 (23.91)	35.56 (23.287)	33.88 (22.81)
$\sigma_e^2$ P120	448.36 (17.93)	448.68 (17.64)	449.80 (17.69)	448.26 (18.39)
$\sigma_e^2$ P210	539.37 (20.47)	539.02 (20.62)	540.20 (20.48)	542.09 (20.95)
$r_g$	0.181 (0.099)	0.174 (0.106)	0.162 (0.105)	0.155 (0.102)
$h^2$ P120	0.334 (0.032)	0.333 (0.031)	0.331 (0.031)	0.334 (0.033)
$h^2$ P210	0.294 (0.032)	0.292 (0.032)	0.288 (0.032)	0.284 (0.033)
$\lambda_{21}^f$	1.001 (0.028)	1.249(0.055)	0.808 (0.114)	1.047 (0.259)
$\lambda_{21}^f$	-	-0.132 (0.025)	0.3905 (0.126)	-0.0846 (0.453)
$\lambda_{21}^f$	-	-	-0.184 (0.044)	0.186 (0.333)
$\lambda_{21}^f$	-	-	-	-0.0975 (0.085)
Log CPO	-40461.366	-40457.728	-40449.83	-40460.38

$\sigma_g^2$  (Varianza genética), Cov (Covarianza),  $\sigma_e^2$  (Varianza residual),  $r_g$  (Correlación genética),  $h^2$  (Heredabilidad),  $\lambda_{21}^f$  (efecto del carácter anterior sobre el posterior),  $\lambda_{21}^f$  (elevado al cuadrado),  $\lambda_{21}^f$  (elevado al cubo),  $\lambda_{21}^f$  (a la cuarta), P120 (Peso a 120 días de edad), P210 (Peso a 210 días de edad).

**Tabla 3.** Media posterior (y desviación típica), estimación de varianzas genéticas y residuales, covarianza, correlación genética, heredabilidades, soluciones de modelos recursivos y Log CPO para los caracteres P120-PCAN.

Parámetros	Modelo 1	Modelo 2	Modelo 3	Modelo 4
$\sigma_g^2$ P120	378.12 (61.72)	384.86 (60.21)	377.50 (60.26)	382.72 (59.65)
$\sigma_g^2$ PCAN	294.81 (50.54)	290.42 (50.12)	287.24 (56.07)	287.43 (53.13)
Cov P120-PCAN	32.41 (56.16)	37.05 (61.05)	36.20 (66.74)	32.65 (62.72)
$\sigma_e^2$ P120	491.27 (45.35)	486.55 (44.15)	491.58 (44.63)	487.98 (43.93)
$\sigma_e^2$ PCAN	595.75 (38.56)	597.82 (38.20)	599.57 (41.04)	598.86 (39.81)
$r_g$	0.097 (0.165)	0.112 (0.176)	0.105 (0.193)	0.100 (0.183)
$h^2$ P120	0.433 (0.062)	0.440 (0.059)	0.443 (0.060)	0.438 (0.059)
$h^2$ PCAN	0.330 (0.051)	0.326 (0.051)	0.323 (0.056)	0.323 (0.054)
$\lambda_{21}$	0.51 (0.056)	0.723 (0.086)	0.232 (0.187)	0.2745 (0.275)
$\lambda_{21}^2$	-	-0.099 (0.029)	0.398 (0.179)	0.344 (0.4115)
$\lambda_{21}^3$	-	-	-0.151 (0.054)	-0.121 (0.271)
$\lambda_{21}^4$	-	-	-	-0.006 (0.064)
Log CPO	-22287.74	-22285.98	-22282.21	-22283.71

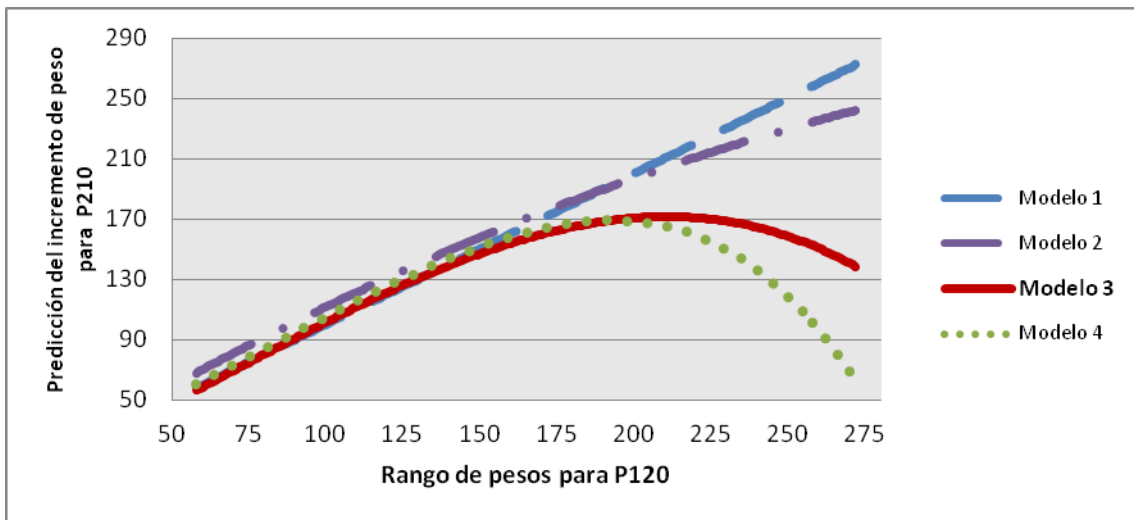
$\sigma_g^2$  (Varianza genética), Cov (Covarianza),  $\sigma_e^2$  (Varianza residual),  $r_g$  (Correlación genética),  $h^2$  (Heredabilidad),  $\lambda_{21}$  (efecto del carácter anterior sobre el posterior),  $\lambda_{21}^2$  (elevado al cuadrado),  $\lambda_{21}^3$  (elevado al cubo),  $\lambda_{21}^4$  (a la cuarta), P120 (Peso a 120 días de edad), PCAN (Peso de la canal).

**Tabla 4.** Media posterior (y desviación típica), estimación de varianzas genéticas y residuales, covarianza, correlación genética, heredabilidades, soluciones de modelos recursivos y Log CPO para los caracteres P210-PCAN.

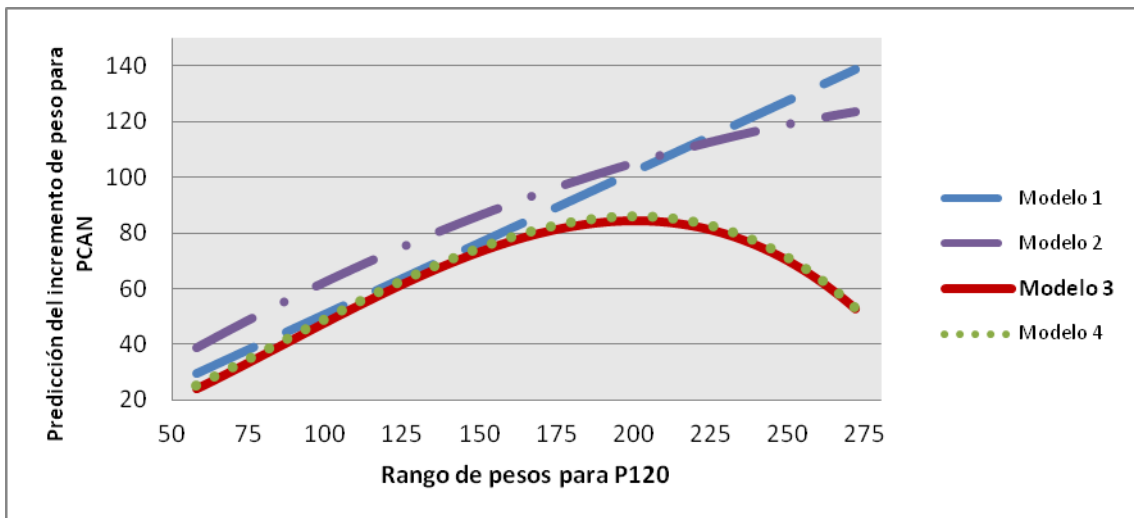
Parámetros	Modelo 1	Modelo 2	Modelo 3	Modelo 4
$\sigma_g^2$ P210	642.76 (119.13)	656.75 (121.90)	647.72 (113.46)	653.26 (120.97)
$\sigma_g^2$ PCAN	312.79 (63.21)	303.34 (65.85)	301.81 (61.71)	304.84 (63.73)
Cov P210-PCAN	-16.95 (84.55)	-12.86 (81.22)	-25.88 (85.87)	-43.46 (92.73)
$\sigma_e^2$ P210	960 (91.11)	951.89 (92.89)	957.91 (87.42)	954.13 (92.10)
$\sigma_e^2$ PCAN	505.82 (47.91)	511.87 (50.10)	511.75 (47.07)	509.81 (47.25)
$r_g$	-0.035 (0.186)	-0.028 (0.182)	-0.060 (0.192)	-0.091 (0.196)
$h^2$ P210	0.399 (0.066)	0.407 (0.067)	0.402 (0.062)	0.405 (0.066)
$h^2$ PCAN	0.381 (0.068)	0.371 (0.072)	0.370 (0.068)	0.373 (0.068)
$\lambda_{21}$	0.459 (0.045)	0.554 (0.068)	0.024 (0.171)	-0.441 (0.3)
$\lambda_{21}^2$	-	-0.0326 (0.019)	0.384 (0.12)	1.001 (0.345)
$\lambda_{21}^3$	-	-	-0.098 (0.028)	-0.419 (0.17)
$\lambda_{21}^4$	-	-	-	0.057 (0.0302)
Log CPO	-15377.69	-15374.47	-15375.36	-15377.23

$\sigma_g^2$  (Varianza genética), Cov (Covarianza),  $\sigma_e^2$  (Varianza residual),  $r_g$  (Correlación genética),  $h^2$  (Heredabilidad),  $\lambda_{21}$  (efecto del carácter anterior sobre el posterior),  $\lambda_{21}^2$  (elevado al cuadrado),  $\lambda_{21}^3$  (elevado al cubo),  $\lambda_{21}^4$  (a la cuarta), P210 (Peso a 210 días de edad), PCAN (Peso de la canal).

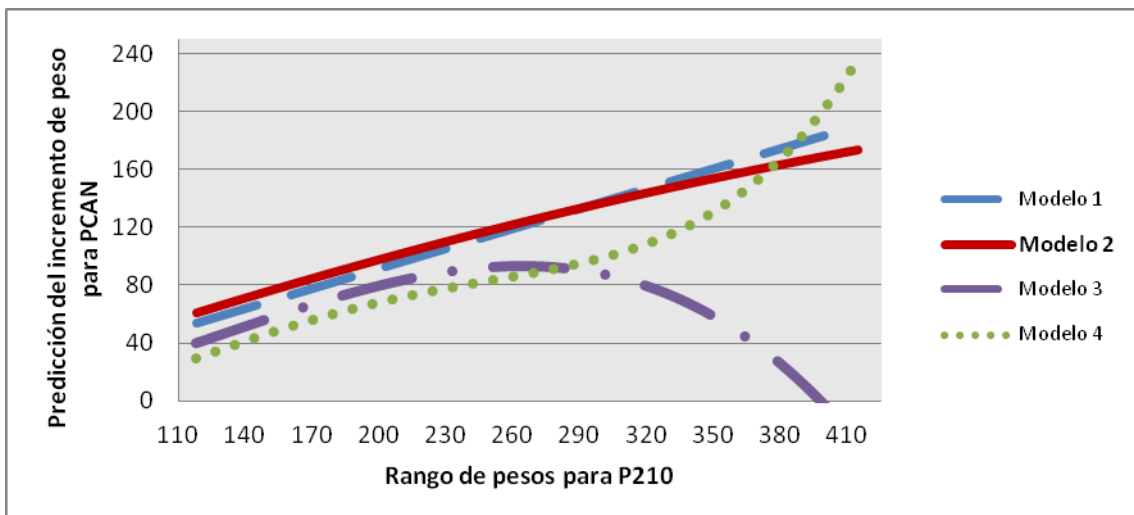
**Figura 1.** Predicción del incremento de peso para P210 dado P120 mediante el modelo recursivo lineal y los modelos recursivos no lineales.



**Figura 2.** Predicción del incremento de peso para PCAN dado P120 mediante el modelo recursivo lineal y los modelos recursivos no lineales.

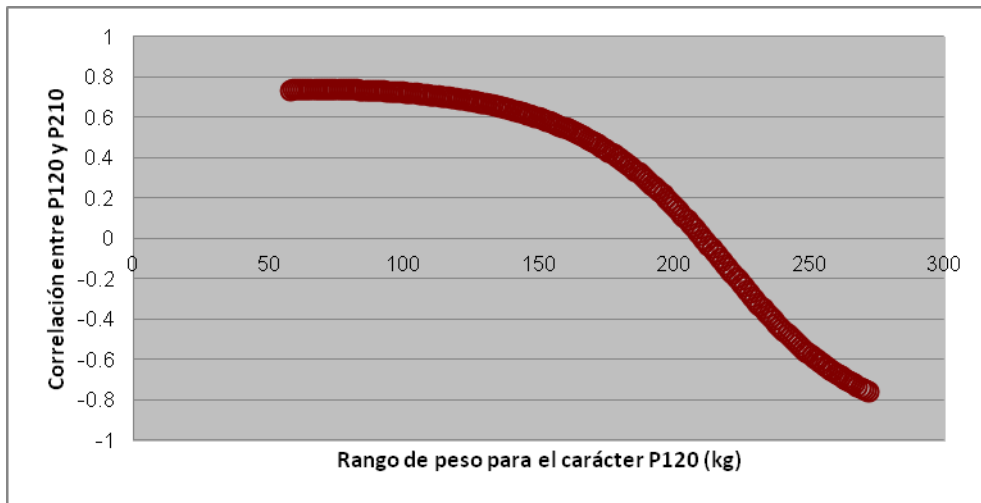


**Figura 3.** Predicción del incremento de peso para PSAC dado P210 mediante el modelo recursivo lineal y los modelos recursivos no lineales.

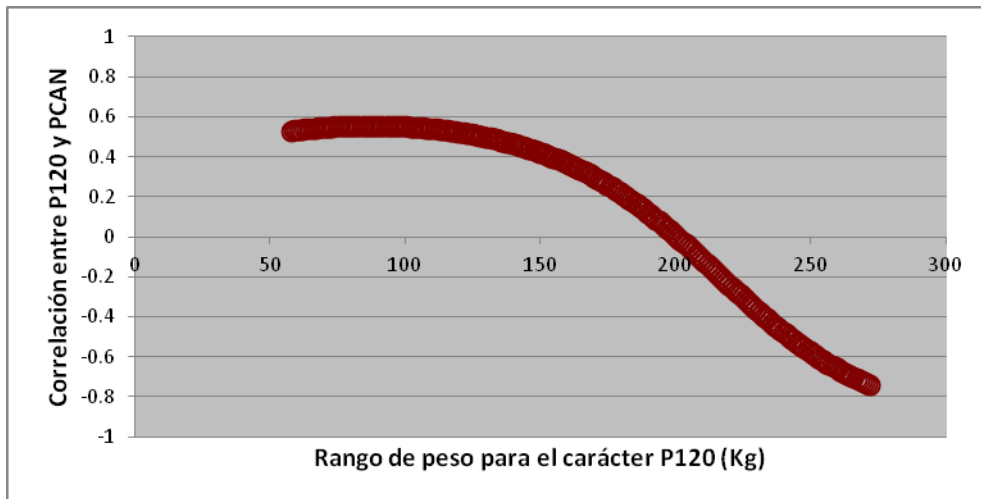




**Figura 4.** Correlación genética entre P120 y P210 para el rango de valores del espacio paramétrico de P120.

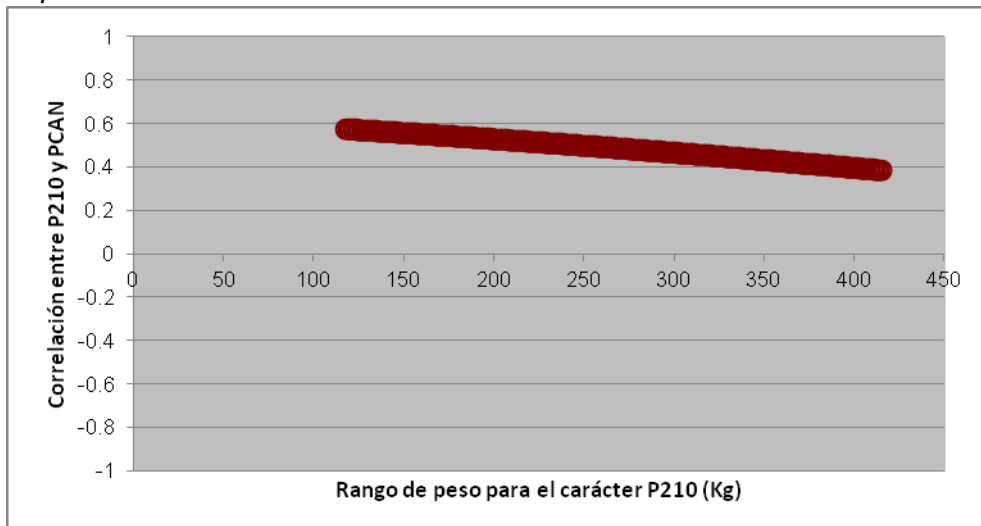


**Figura 5.** Correlación genética entre P120 y PCAN para el rango de valores del espacio paramétrico de P120.



espacio paramétrico de P120.

**Figura 6.** Correlación genética entre P210 y PCAN para el rango de valores del espacio paramétrico de P210.



## **NONLINEAR RECURSIVE MODELS FOR WEIGHT TRAITS IN THE PIRENAICA BEEF CATTLE BREED**

A. González-Rodríguez, J. Altarriba, C. Moreno, L. Varona.  
Unidad de Genética Cuantitativa y Mejora Animal. Universidad de Zaragoza.  
Zaragoza 50013.  
E-mail: aldemarango69@yahoo.es

**ABSTRACT:** One of the main objectives of beef cattle selection is to increase carcass weight. Live weights along different growth stages are frequently used as selection criteria under the hypothesis that there exists a high and positive genetic correlation with weight at slaughter. However, the presence of compensatory growth may bias the prediction ability of early weights. Recursive models may represent an interesting alternative to understand the genetic and phenotypic relationship between weight traits along growth. We have performed three different analyses to study weight at 120 days (P120) and at 210 days (P210), P120 and carcass weight at slaughter (PCAN) and P210 and PCAN in the Pirenaica beef cattle breed. The number of available data for each analysis was 8,592, 4,648 and 3,234, respectively. Further, we included a pedigree composed by 56,323 individuals. The statistical model includes sex, season of birth, herd and slaughterhouse, plus a recursive dependency between traits. This dependency was modeled as a polynomial up to the fourth degree and was compared using a logCPO approach. The results of model comparison suggest that the best models were the third degree polynomial for P120-P210 and P120-PCAN and the second degree polynomial for P210-PCAN, indicating a nonlinear relationship between traits. Moreover, the posterior mean estimates for heritabilities ranged between 0.29 to 0.44, in concordance already published results. However, the posterior mean estimates of the genetic correlations between previous and subsequent weight traits were null or very low, showing that the relationship between traits is fully captured by the recursive dependency. These results imply that there is a low predictive ability of the performance of future growth by using only records of early weights and confirm the convenience of slaughterhouse records in beef cattle breeding evaluation.

**Keywords:** Beef Cattle, Compensatory Growth, Genetic Correlation, Recursive Models.