

EVALUACIÓN GENÉTICA EN ESPACIOS PARAMÉTRICOS CIRCULARES: EL CASO DE LA ESTACIONALIDAD EN OVINOS

Casellas¹, J., Martín de Hijas Villalba¹, M., y Id-Lahoucine^{1,2}, S.

¹Dep. Ciència Animal i dels Aliments, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Barcelona. ²Centre for Genetic Improvement of Livestock, Department of Animal Biosciences, University of Guelph, N1K 1E5 Guelph, Canada
joaquim.casellas@uab.cat

INTRODUCCIÓN

Desde un punto de vista teórico, los datos circulares capturan eventos que se distribuyen alrededor de un círculo, generalmente medidos en radianes (0 a 2π ; Fisher, 1993). Difieren claramente de las variables tradicionales porque su espacio paramétrico está cerrado, sin un principio o final evidente. Si transportamos este paradigma a la vida real, este espacio paramétrico circular se puede relacionar con ciclos biológicos en base a una unidad temporal (e.g., ritmos circadianos; Refinetti, 1992; Cancho-Candela et al., 2007), puntos cardinales o coordenadas geográficas (Begall et al., 2008; Schiffner et al., 2014), o escalas circulares de color (Tapp et al., 2011; Girolami et al., 2013). Desafortunadamente, el desarrollo de modelos estadísticos para el análisis de datos circulares en las especies domésticas ha recibido poca atención, y los programas disponibles son escasos y generalistas (Berens, 2009; Kovach, 2011).

La distribución de partos (**DP**) a lo largo del año en el ovino, debe verse como un ejemplo real de variable circular distribuida alrededor de un espacio paramétrico cerrado que empieza el 1 de enero y termina el 31 de diciembre. Además, se trata de una variable productiva relevante para el ovino cárnico, dado el interés de los ganaderos en comercializar corderos a lo largo del año y, en consecuencia, atenuar la estacionalidad de la especie. Las ovejas tienden a mostrar una estacionalidad marcada, concentrando la actividad reproductiva en otoño y principios de invierno, y sufriendo periodos importantes de anestro el resto del año (Rosa y Bryant, 2003; Chemineau et al., 2010). En consecuencia, el objetivo de este trabajo era el desarrollo de un modelo mixto circular para el análisis de la DP en ovino, estudiando la base genética de la estacionalidad, y la posibilidad de reducir la misma mediante selección.

MATERIAL Y MÉTODOS

Los análisis se realizaron sobre la base de datos de DP de la raza ovina Ripollesa, con un total de 26.005 registros de partos entre 1 de enero de 1976 y 31 de diciembre de 2017 (Figura 1; se re-escalaron entre 0 y 2π dentro de cada año). Los datos procedían de 4.681 ovejas distribuidas en 20 rebaños; no obstante, la genealogía incluía 6.537 individuos, de los cuales 303 eran sementales aportando entre 1 y 75 hijas con registros fenotípicos. Del total de ovejas con registros de DP, 1.574 no tenían progenitores conocidos (33,0%), 295 carecían de información referente a uno de los progenitores (6,2%), y 2.895 tenían información genealógica completa (60,8%).

Asumiendo como punto de partida un conjunto de datos circulares (**y**) distribuidos alrededor de un espacio paramétrico circular entre 0 y 2π , podemos modelar un patrón de distribución Gaussiano mediante la distribución de von Mises. Esta última se caracteriza por una media (μ) y un parámetro de dispersión (κ) análogo a la varianza de la distribución normal ($\kappa \sim 1/\sigma^2$; Fisher, 1993). Dentro de este contexto,

$$p(y_i|\mu, \kappa) = [e^{\kappa \cos(y - \mu)}] / [2\pi I_0(\kappa)],$$

donde $I_0(\kappa)$ es la función Bessel modificada de orden 0. La distribución de von Mises converge a una uniforme circular si $\kappa=0$. Considerando que el objetivo final es el análisis de datos de DP en ovino, deberemos jerarquizar los parámetros de centralidad y dispersión tal como se indica a continuación,

$$\mu = \mathbf{x}_i\mathbf{b} + \mathbf{z}_{1,i}\mathbf{p}_1 + \mathbf{z}_{2,i}\mathbf{p}_2 + \mathbf{z}_{3,i}\mathbf{a} \quad \text{y} \quad \kappa = \exp(\mathbf{x}_i\boldsymbol{\beta} + \mathbf{z}_{1,i}\mathbf{p}_1 + \mathbf{z}_{2,i}\mathbf{p}_2 + \mathbf{z}_{3,i}\boldsymbol{\alpha}),$$

considerando el efecto sistemático de la edad de la oveja (**b** y **β**), los efectos ambientales permanentes del rebaño-año-estación (**p_1** y **p_1**) y la oveja (**p_2** y **p_2**), y el efecto genético aditivo (**a** y **α**). Para completar el desarrollo Bayesiano, se asumió que los efectos

ambientales permanentes y genéticos se distribuían siguiendo una normal multivariante (NMV),

$$p(\mathbf{p}_j, \mathbf{p}_j | \mathbf{P}_j) = NMV(\mathbf{0}, \mathbf{I}_j \otimes \mathbf{P}_j) \quad \text{y} \quad p(\mathbf{a}, \boldsymbol{\alpha} | \mathbf{A}, \mathbf{G}) = NMV(\mathbf{0}, \mathbf{A} \otimes \mathbf{G}),$$

en las que \mathbf{P}_j era la matriz de (co)varianzas ambientales para el efecto permanente j , \mathbf{G} era la matriz de (co)varianzas genéticas, \mathbf{A} era la matriz de parentescos aditivos, y \otimes representaba el producto de Kronecker. Para los demás parámetros del modelo se asumieron a priori planos, a excepción de las matrices de (co)varianzas para las que se consideraron distribuciones Wishart invertidas.

Los distintos parámetros del modelo se muestrearon a partir de su distribución marginal posterior mediante procedimientos de muestreo de Gibbs (Gelfand y Smith, 1990) o Metropolis-Hastings (Metropolis et al., 1953). En total se lanzaron tres cadenas de Markov de Monte Carlo independientes con 510.000 iteraciones cada una, descartándose las primeras 10.000 como *burn-in*.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Resulta importante destacar que la parametrización desarrollada en el presente trabajo representa la primera adaptación de un modelo mixto de evaluación genética de reproductores al paradigma circular. Además, la jerarquización tanto de la media como de la varianza, siguiendo los planteamientos desarrollados por Ibañez-Escriche et al. (2008), abre las puertas a la selección para incrementar o reducir la varianza, con implicaciones importantes para determinados sectores productivos.

En la Tabla 1 se reportan los componentes de varianza para los efectos ambientales permanentes, destacándose una correlación de 0,917 para el efecto ambiental de oveja, mientras que en el efecto de rebaño-año-estación la correlación sería mínima, o directamente nula.

Tabla 1. Componentes de varianza para los efectos ambientales permanentes.

Componente de varianza	Media posterior	Intervalo de credibilidad al 95%
Rebaño-año-estación		
σ_p^2	0,119	0,093 to 0,182
σ_{pp}	0,023	-0,006 to 0,070
σ_p^2	0,156	0,112 to 0,189
Oveja (permanente)		
σ_p^2	0,092	0,086 to 0,097
σ_{pp}	0,101	0,092 to 0,105
σ_p^2	0,132	0,123 to 0,137

Varianza para el efecto sobre la media (σ_p^2) o sobre la varianza (σ_p^2), y su covarianza (σ_{pp}).

La media posterior (intervalo de credibilidad al 95%) para las varianzas genéticas aditivas asociadas a \mathbf{a} y a $\boldsymbol{\alpha}$ fueron de 0,193 radiantes² (0.152 a 0.219) y 0,228 radiantes² (0,203 a 0,246), respectivamente. Estas estimas y la exclusión del valor nulo en los intervalos de credibilidad corroboran la existencia de variabilidad genética para la DP en la raza Ripollesa, tal como se había sugerido previamente en otras razas mediante aproximaciones lineales (Ricordeau, 1982; Quirke et al. 1986).

Además, la correlación genética entre los dos efectos genéticos aditivos alcanzó un valor de 0,815 (media posterior), destacándose una vinculación importante y positiva entre ambas fuentes de variación. Para interpretar este valor debe recordarse que el parámetro de varianza de la distribución de von Mises se comporta de forma inversa a la varianza de la normal. En consecuencia, la selección para avanzar el pico de partos debería reducir el parámetro de varianza de la distribución de von Mises, aproximándola a una distribución

circular uniforme (i.e., menor estacionalidad). Por otro lado, el retraso en el pico de partos aumentaría el parámetro de dispersión, y provocaría una concentración más acentuada de los partos.

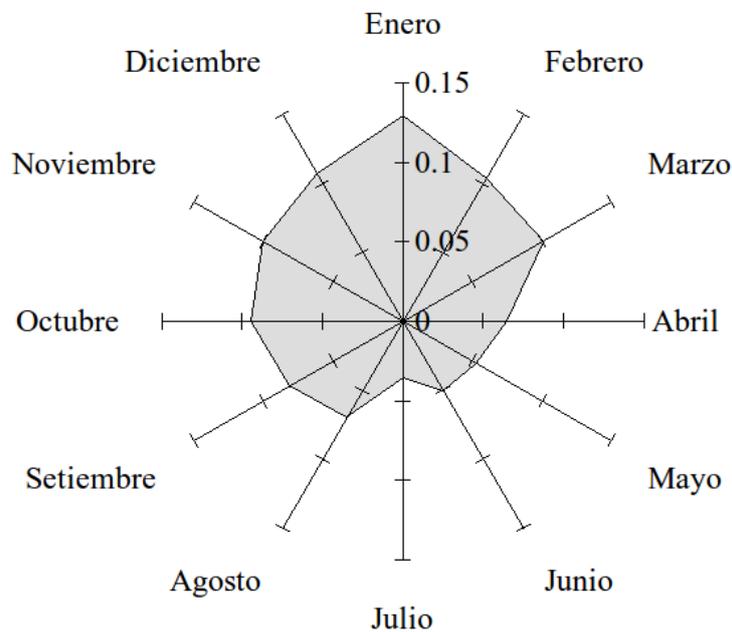


Figura 1. Distribución de partos a lo largo del año en la raza ovina Ripollesa (1976 a 2017).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Begall, S., Červený, J., Neef, J., Vojtěch, O., Burda, H. 2008. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 105: 13451-13455 • Berens, P. 2009. J. Stat. Soft. 31: 1-20 • Cancho-Candela, R., Andrés-de Llano, J.M., Ardura-Fernández, J. 2007. J. Epidem. Community Health 61: 713-718 • Chemineau, P., Bodin, L., Migaud, M., Thiéry, J.C., Malpoux, B. 2010. Reprod. Dom. Anim. 45: 42-49 • Fisher, N.I. 1993. Statistical Analysis of Circular Data. Cambridge University Press, Cambridge, Reino Unido • Gelfand, A., Smith, A.F.M. 1990. J. Am. Stat. Assoc. 85: 398-409 • Girolami, A., Napolitano, F., Faraone, D., Braghieri, A. 2013. Meat Sci. 93: 111-118 • Ibáñez-Escriche, N., Sorensen, D., Waagepetersen, R., Blasco, A. 2008. Genetics 180: 2209-2226 • Kovack, W.L. 2011. Oriana – Circular Statistics for Windows. Kovack Computing Services, Pentraeth, Gales, Reino Unido • Metropolis, N., Rosenbluth, A. W., Rosenbluth, M.N., Teller, A.H., Teller, E. 1953. J. Chem. Phys. 21: 1087-1092 • Refinetti, R. 1992. Behav. Res. Meth. Instr. Comput. 24: 28-36 • Quirke, J.F., Hanrhan, J.P., Loughnane, W., Triggs, R. 1986. Irish J. Agr. Food Res. 25: 167-172 • Ricordeau, G. 1982. 2nd World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. 338-347 • Rosa, H.J.D., Bryant, M.J. 2003. Small Rumin. Res. 48: 155-171 • Schiffner, I., Siegmund, B., Wiltshko, R. 2014. J. Exp. Biol. 217: 2643-2649 • Tapp, W.N., Yancey, J.W.S., Apple, J.K. 2011. Meat Sci. 89: 1-5

Agradecimientos: A la *Associació Nacional de Criadors d'Oví de Raça Ripollesa* (ANCRI) por su colaboración y la cesión de los datos productivos.