

# Modelo de regresión aleatoria para la valoración genética de un criterio de precocidad funcional en el Caballo Trotador Español

D. I. Perdomo-González<sup>1\*</sup>, M. Ripollés-Lobo<sup>1</sup>, M. D. Gómez<sup>1</sup>, A. Molina<sup>2</sup>, M. Valera<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Agronomía, ETSIA, Universidad de Sevilla, Carretera de Utrera Km1, 41013 Sevilla

<sup>2</sup> Departamento de Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba Edif. Gregor Mendel Planta baja. Campus de Rabanales. Ctra. Madrid-Cádiz km396a, 14071 Córdoba

\* Corresponding autor: dperdomo@us.es

## Resumen

El caballo Trotador Español (CTE) es una raza equina usada principalmente para competiciones de trote, tanto nacionales como internacionales. Con el objetivo de evaluar la inclusión del porcentaje de primeros puestos por año de participación (%PPAP) como criterio de selección de la precocidad funcional, en el Programa de Cría del CTE se estudiaron dos modelos genéticos. Un primer modelo animal lineal (AL) y un segundo modelo de regresión aleatoria (RA) que permite evaluar cambios en el rendimiento del animal durante su vida deportiva temprana. La base de datos estuvo formada por 10.665 registros pertenecientes a 4.386 caballos de CTE participantes desde 1.990 en carreras de trote, con un promedio de 2,4 participaciones por animal y con edades comprendidas entre los 2 y los 5 años. El promedio de %PPAP ( $\pm$ s.d.) fue de 42,3 ( $\pm$ 22,6). Con el modelo AL, la heredabilidad fue de 0,16 mientras que con el modelo de RA oscilaron entre 0,17 y 0,26 para los 4 y 2 años, respectivamente. Las correlaciones de Pearson entre los valores genéticos (VG) para %PPAP a diferentes edades (RA) y las obtenidas en el modelo AL resultaron cercanas a 0,3 para todas las edades. Ambos modelos parecen ser efectivos para su inclusión en el Programa de Cría de esta Raza, aunque los VG a diferentes edades proporcionados por el modelo RA permitiría distinguir entre animales estables, robustos o plásticos para %PPAP, lo que podría resultar de gran interés para los criadores de esta raza.

*Keywords: Carrera de trote; Clasificación de llegada; Heredabilidad; Modelo de regresión aleatoria; Rendimiento deportivo.*

## Introducción

Las carreras de trote tienen un gran interés en todo el mundo y la cría de caballos trotones y sus evaluaciones genéticas anuales para rasgos de rendimiento deportivo están muy extendidas en razas como trotadores suecos (Árnason, 1999), alemanes (Bugislaus et al. 2005), franceses (Langlois and Blouin, 2006), italianos (Pieramati et al. 2011) y españoles (Gómez et al. 2010a).

El Caballo de Trote Español (CTE) es de gran importancia en España, en especial en las Islas Baleares con donde se concentra su censo (7.276 animales). El Libro Genealógico (LG) del CTE permite la inclusión de animales de otras poblaciones de trotones, con registros que provienen principalmente de Francia, EE.UU., Suecia, Dinamarca, Italia y Alemania (ASTROT 2022). La Asociación de Criadores y Propietarios de Caballos de Trote (ASTROT), la cual gestiona su LG, publica anualmente un Catálogo de Animales Reproductores, seleccionados según cuatro criterios genéticos: transformación logarítmica de ganancias anuales, raíz cuadrada del porcentaje de victorias/año, tiempo por kilómetro y mejor tiempo de carrera/hipódromo/tipo de salida (Gómez et al. 2010a) mediante un modelo BLUP. El modelo BLUP evalúa cada rasgo como un carácter transversal, asumiendo que está controlado por los mismos genes y con los mismos niveles de expresión génica independientemente de la edad a la que compita cada animal (Gómez et al. 2011), sin embargo, la evidencia sugiere que en las distintas etapas de desarrollo existe una expresión génica variable y diferentes genes que afectan a cada uno de los rasgos, cambiando la fisiología y el rendimiento de los caballos de trote (Bugislaus et al. 2006; Gómez et al. 2010b, 2011).

El Programa de Cría del CTE busca mejorar el rendimiento funcional en competiciones de trote y así también el rendimiento económico de sus animales, es decir, aquellos con una precocidad y longevidad superiores con rápidos retornos de los recursos invertidos (Solé et al. 2017). Las carreras de trote más importantes en España, como el Gran Premio Nacional, se centran en caballos de 3 años,

favoreciendo a competidores precoces que no solo pueden empezar a competir, sino también ganar, a una edad temprana. Hay que destacar que existen estudios que indican que los caballos que comienzan sus carreras temprano tienden a superar a otros y tienen una mayor longevidad en carreras (Saastamoinen y Nylander 1996). En este sentido, la precocidad y el rendimiento del caballo a lo largo de sus primeros años deportivos son consideraciones cruciales para los criadores. Así, el objetivo de este estudio fue investigar la utilidad del modelo de regresión aleatoria para la evaluación genética de la precocidad en las carreras de trote del CTE y evaluar su posible inclusión en el Programa de Cría oficial.

## Material y métodos

Se utilizaron datos de rendimientos deportivos de la Federación Española de Trote desde 1990 hasta 2022 (FECT 2022) y se seleccionaron las carreras de CTE en sus primeros 5 años de vida. Se eliminaron los castrados, los animales que comenzaron su carrera deportiva después de los 42 meses de vida y los animales sin participación registrada durante 12 meses consecutivos. Finalmente se disponía de 10.665 registros pertenecientes a 4.386 animales (2.267 machos y 2.119 hembras). La variable analizada fue el porcentaje de primeros puestos (1º, 2º o 3º) al año (%PPAP) de cada animal participante. El archivo de pedigrí, con un total de 11.488 animales, se generó a partir de toda la información genealógica oficial proporcionada por ASTROT (ASTROT 2022).

Los parámetros genéticos fueron estimados mediante dos modelos, un modelo animal lineal (AL) y un modelo de regresión aleatoria (RA). El modelo AL en notación matricial fue:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\mathbf{b} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{W}\mathbf{pe} + \mathbf{e};$$

donde  $\mathbf{y}$  es el vector de observaciones,  $\mathbf{b}$  es el vector de efectos sistemáticos,  $\mathbf{u}$  es el vector de efectos genéticos aditivos,  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  y  $\mathbf{W}$  son vectores de incidencia para los efectos fijos, genéticos aditivos y ambiental permanente, respectivamente y  $\mathbf{e}$  es el vector de los residuos. Se asumió que el efecto genético aditivo  $\mathbf{u}$  y ambiental permanente  $\mathbf{pe}$  siguieron una distribución gaussiana con media cero y varianza aditiva  $\sigma_u^2$  y ambiental permanente  $\sigma_{pe}^2$ , respectivamente.

Por otro lado, se desarrolló un modelo de regresión aleatoria (RA) en el cual se estimaron los componentes de (co)varianza a lo largo de los primeros 4 años de participación del animal (2, 3, 4 y 5 años) empleando polinomios de Legendre hasta el segundo grado. La idea básica subyacente en todos los modelos de RA consiste en modelar los valores genéticos aditivos (u otros efectos aleatorios en el modelo) como una función de una variable independiente observada (es decir, la edad) a través de un conjunto de coeficientes aleatorios. El modelo de RA se puede describir como:

$$\mathbf{y} = \mathbf{b} + \sum_{k=0}^{p-1} \beta_k \mathbf{X} \mathbf{k} + \sum_{k=0}^{p-1} \alpha_{ik} \mathbf{Z} \mathbf{k} + \sum_{k=0}^{p-1} \mu_{ik} \mathbf{W} \mathbf{k} + \mathbf{e}$$

Donde  $\mathbf{y}$  es el vector de observaciones y  $\mathbf{b}$  es el vector de efectos fijos.  $\beta_k$  son  $k$  coeficientes de la regresión fija de la trayectoria del %PPAP a lo largo de la edad según los polinomios de Legendre. Los términos  $\alpha_{ik}$  y  $\mu_{ik}$  son conjuntos de coeficientes de regresión aleatoria de segundo orden asociados con la función genética aditiva de los animales y la función ambiental permanente, respectivamente, y  $\mathbf{e}$  es el vector del residuo.  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}$  y  $\mathbf{W}$  son matrices de incidencia que relacionan las observaciones con los nuevos parámetros en  $\beta$ ,  $\alpha$  y  $\mu$ , respectivamente. El modelo de RA asume los componentes de (co)varianza como:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} \mathbf{G} \\ \mathbf{P} \\ \mathbf{R} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{A} \otimes \mathbf{G} & 0 & 0 \\ 0 & \mathbf{I}_p \otimes \mathbf{P} & 0 \\ 0 & 0 & \mathbf{I}_n \otimes \mathbf{R} \end{bmatrix}$$

Donde  $\mathbf{G}$  es una matriz de (co)varianza genética aditiva entre todos los animales;  $\mathbf{P}$  y  $\mathbf{R}$  son las respectivas matrices de (co)varianza entre ambientes permanentes y residuales,  $\mathbf{A}$  es la matriz de relación entre todos los animales en el pedigrí;  $\mathbf{I}_p$  e  $\mathbf{I}_n$  son matrices identidad del orden respectivo al número de animales con registro propio ( $p$ ) y al número de registros ( $n$ ), y  $\otimes$  es el producto de Kronecker.

Ambos modelos se realizaron según el muestreo de Gibbs usando GIBBSF90+ y POSTGIBBSF90 (Misztal et al., 2020) para obtener las distribuciones posteriores marginales utilizando una única cadena de 250.000 iteraciones, 50.000 de burn in, y el resto de las muestras se guardaron para

obtener la media posterior y la desviación estándar posterior de las estimaciones. Los componentes de (co)varianza, los parámetros de heredabilidad ( $h^2$ ), la fracción de varianza fenotípica ( $c^2$ ), el ambiente permanente ( $r_{pe}$ ), las correlaciones genéticas aditivas ( $r_g$ ) y los valores de cría estimados (VG) a lo largo de las edades se estimaron utilizando el procedimiento descrito por Jamrozik y Schaeffer (1997).

En los modelos genéticos, solo se incluyeron aquellos efectos con diferencia estadística significativa (resultados no mostrados). En concreto, **b** está formado por los efectos fijos del sexo (2 niveles), el año de nacimiento (7 niveles; 1986-1990, 1991-1995, 1996-2000, 2001-2005, 2006-2010, 2011-2015, 2016-2020) y las ganancias anuales (3 niveles; <100€, 100–199€, ≥200€). Además, se incluyeron como covariables el número de carreras registradas y la edad del animal (en días) en su primera carrera.

## Resultados y discusión

El CTE se caracteriza por su precocidad, ya que inicia su rendimiento económico a una edad promedio de 2,75 años y logran clasificaciones en el 37,8% de las carreras en las que participan. En promedio, el %PPAP fue de 42,3% (sd.: 22,6), con un mínimo de 2,27%, un máximo de 100% y un coeficiente de variación de 53,42%. Tras la ejecución de los modelos, los valores de DIC indicaron que el modelo que mejor ajuste tuvo fue el modelo AL (Tabla 1), sin embargo, se obtuvieron mayores heredabilidades en el modelo RA, las cuales oscilaron entre 0,17 (4 años) y 0,26 (2 años). Estos valores son ligeramente superiores a los obtenidos en otro trabajo en TE (0,14, Gómez et al. 2010a) y otras razas de trotadores, finlandeses (0,18, Ojala y van Vleck 1981); Suecos y Standardbred (0,19, Rönninger 1975 y Ojala 1987, respectivamente) y nórdicos e islandeses (0,25, Arnason 2008).

**Tabla 1.** Parámetros genéticos del porcentaje de primeros puestos por año de participación (%PPAP) en las carreras de trote en caballos Trotadores Españoles.

Edad	$\sigma_u^2$ [HPD95%]	$\sigma_{pe}^2$ [HPD95%]	$\sigma_e^2$ [HPD95%]	$h^2$ [HPD95%]	DIC	$r_p$
AL	77,21 [59,09; 95,88]	45,48 [29,26; 62,44]	354,09 [342,30; 366,70]	0,16 [0,13; 0,20]	-2.893.293,91	
2	168,02 [149,27; 197,14]	245,98 [214,76; 277,68]		0,26 [0,25; 0,27]		0,30
3	93,92 [86,23; 100,47]	94,27 [88,72; 103,05]	235,04	0,22 [0,22; 0,22]	-1.306.210,43	0,31
RA	69,38 [48,70; 89,52]	94,86 [77,32; 116,53]	[221,90; 248,90]	0,17 [0,14; 0,20]		0,30
5	107,81 [-32,26; 249,44]	154,52 [2,62; 306,67]		0,22 [-0,17; 0,31]		0,27

Modelo Animal Lineal (AL), modelo de regresión aleatoria (RA) varianza aditiva ( $\sigma_u^2$ ), varianza del efecto ambiental permanente ( $\sigma_{pe}^2$ ), varianza residual ( $\sigma_e^2$ ), heredabilidad ( $h^2$ ), Criterio de Información de Devianza (DIC), correlación de Pearson entre los valores genéticos del modelo RA a diferentes edades y los valores genéticos del modelo AL ( $r_p$ ), intervalo de máxima densidad al 95% (HPD95%).

Las correlaciones fenotípicas entre los VG estimados a diferentes edades (RA) y los VG del modelo AL mostraron valores cercanos a 0,30, lo que indica que, aunque existe una correlación positiva y moderada entre ellos, los diferentes modelos están analizando diferentes grupos de genes. Esto ya se evidencia en aquellos estudios que describen que el rendimiento deportivo de los caballos puede cambiar a lo largo de su vida debido a factores ambientales y genéticos (Trotones Alemanes, Bugislaus et al.

2006; Pura Sangre Brasileño, Buxadera et al. 2008; Trotador Español, Gómez et al. 2010b, 2011; Caballos de Deporte Húngaros, Posta et al. 2010; Caballos de Deporte Español, Bartolomé et al. 2013; Caballos Árabes, Önder et al. 2022). Además, el modelo RA se muestra eficaz para estimar el potencial genético y describir la variabilidad genética a través de diversos factores externos, como la edad de los animales (Gómez et al. 2011). Se puede observar en la Figura 1, que los animales 1 y 2 tienen valores genéticos para el %PPAP que disminuyen con la madurez, mientras que el potencial de los animales 5 y 6 aumenta, así como que existen ejemplos de animales que tienen un rendimiento estable a lo largo del tiempo como los animales 3 y 4. La existencia de diferencias genéticas en un animal a lo largo de la edad, implica una interacción subyacente entre genotipo y ambiente, lo que se denomina

plasticidad en genética evolutiva (Jong y Bijma, 2002).

## Conclusión

Los parámetros genéticos obtenidos en este trabajo sugieren potencial para mejorar la precocidad funcional a través de un programa de selección bien diseñado y, aunque aumentar el número de rasgos a incluir en el proceso de selección conlleva el riesgo de obtener una menor respuesta a la selección, la incorporación del %PPAP como criterio de selección en el Programa de Cría del CTE permitiría, por un lado, la selección temprana de animales por su precocidad funcional y por el otro lado la identificación de animales estables, robustos o plásticos, según las necesidades de los ganaderos.

## Agradecimientos

Los autores desean dar las gracias a la Asociación de Criadores y Propietarios de Caballos de Trote y a la Federación Nacional de Trote por facilitar los datos utilizados en este estudio.

## Referencias

Arnason TA. 1999. *J Anim Breed Genet.* 116:387-398 • Arnason TA. 2008. Interstallion seminar. May 29-30. Uppsala. Sweden [http://www.biw.kuleuven.be/genlog/livgen/workshop/S\\_ThrovaldurA.pdf](http://www.biw.kuleuven.be/genlog/livgen/workshop/S_ThrovaldurA.pdf). • ASTROT 2022. <https://www.astrot.com/buscarLibro.php>. • Bartolomé E. et al. 2013. *J Anim Breed Genet.* 130:190-198. doi: 10.1111/jbg.12001 • Bugislaus AE. et al. 2005. *Livest Prod Sci.* 92(1):69-76. doi: 10.1016/j.livprodsci.2004.08.008. • Bugislaus A.E. et al. 2006. *J Anim Breed Genet.* 123: 39-246. doi: 10.1111/j.1439-0388.2006.00596.x. • Buxadera AM. et al. 2008. *Livest Sci.* 117:298-307. doi: 10.1016/j.livsci.2007.12.027. • FECT 2022. <https://www.federaciobaleardetrot.com/> • Gómez M.D. et al. 2010a. *Livest Sci.* 127(2-3):197-204. doi: 10.1016/j.livsci.2009.09.012. • Gómez MD. et al. 2010b. *J Anim Breed Genet.* 127(5):385-94. doi: 10.1111/j.1439-0388.2010.00865.x. • Gómez MD. et al. 2011. *Livest Sci.* 137:87-94. doi: 10.1016/j.livsci.2010.10.004. • Jamrozik J. et al. 1997. *J Dairy Sci.* 80(4):762-770. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(97)75996-4 • Jong de G. et al. 2002. *Livest Prod Sci.* 78:195-214. • Langlois B. et al. 2006. *Livest Sci.* 107(2-3):132-141. doi: 10.1016/j.livsci.2006.09.017 • Misztal I, et al. 2020. Athens: University of Georgia; 142 • Ojala M. 1987. *J Anim Sci.* 64:117-125. doi: 10.2527/jas1987.641117x • Ojala M. et al. 1981. *J Anim Sci.* 53:611-619. doi: 10.2527/jas1981.533611x • Önder H. et al. 2022. *Animals* 12(19):2630. doi: 10.3390/ani12192630 • Pieramati C. et al. 2011. *Ital J Anim Sci* 10:233-236. doi: 10.4081/ijas.2011.e53 • Posta J. et al. 2010. *J Anim Breed Genet* 127(4):280-288. doi: 10.1111/j.1439-0388.2009.00848.x • Rönninger K. 1975. *Z Tierz Zuchtbiol.* 92:164. • Saastamoinen MT. et al. 1996. *Livest Prod Sci.* 45:63-68. doi: 10.1016/0301-6226(95)00080-1 • Solé M. et al. 2017. *Eq Vet J.* 49(3):288-293. doi: 10.1111/evj.12632.