

NOTA BREVE

CÁLCULO DE PARÁMETROS GENÉTICOS MEDIANTE MODELO DE HERENCIA MIXTA EN ASTURIANA DE LOS VALLES

GENETIC PARAMETER ESTIMATION WITH A MIXED INHERITANCE MODEL IN ASTURIANA DE LOS VALLES BEEF CATTLE BREED

Carleos, C.^{1*}, J. Baro², A. Villa³ y J. Cañón⁴

¹Departamento de Estadística. Universidad Oviedo. 33007 Oviedo. España. *carleos@uniovi.es

²Departamento de Ciencias Agroforestales. Universidad Valladolid. 34004 Palencia. España.

³ASEAVA. Abarrió. 33424 Llanera. Asturias. España.

⁴Departamento de Producción Animal. Universidad Complutense. 28040 Madrid. España.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Loki. Modelo animal. Heredabilidad. Aditividad. Dominancia.

ADDITIONAL KEYWORDS

Loki. Animal model. Heritability. Additive. Dominant.

RESUMEN

El catálogo de la raza bovina Asturiana de los Valles incluye la valoración genética para nueve caracteres. Las valoraciones se vienen realizando tradicionalmente mediante la resolución de un clásico modelo de herencia infinitesimal. Sin embargo, en los caracteres de esta raza tiene una notable influencia un gen mayor (*mh*: hipertrofia muscular, cularidad o doble grupa), lo que resulta en una desviación importante del modelo matemático mencionado.

En un trabajo anterior se presentaron resultados preliminares con el uso de un modelo de herencia mixta (gen mayor más fondo infinitesimal). Se daba el caso de que la estimación de algunos parámetros presentaba problemas de convergencia cuando las cadenas markovianas se movían cerca de la frontera del espacio paramétrico. En el presente trabajo se muestra un método heurístico para evitar tales problemas mediante remuestreo sobre la genealogía original, y se ofrece una comparación estadística entre las ordenaciones de sementales por su mérito genético según ambos modelos.

SUMMARY

Sire catalogs for the *Asturiana de los Valles* beef cattle breed provide breeding values for nine traits. Genetic evaluations have been made under an infinitesimal animal model. Still, there is strong

evidence of segregation of a major gene (*mh*: muscular hypertrophy, cularity, or double rump) on the traits of this breed and, thus, a large bias is incurred under the current assumptions.

Previous work showed preliminary results for the application of a mixed inheritance model: major gene plus infinitesimal effects. We found that estimation of certain parameters failed to attain convergence when markov chains get close to parameter space bounds. This study presents an heuristic method to avoid such problems through resampling on the original genealogy, and provides a statistical comparison among sire ranks on breeding values under both models.

INTRODUCCIÓN

El presente trabajo presenta la estimación de componentes de varianza (y, por tanto, de la heredabilidad) para los fenotipos de interés económico en el programa de mejora genética de la raza bovina Asturiana de Valles (Silva *et al.*, 2002).

Asturias es una región al norte de la Península Ibérica, ribereña del Mar Cantábrico. La población de la raza Asturiana de Valles consta actualmente de unas 50 000 cabezas. La asociación de criadores de la raza, Aseava, realiza mejora genética para nueve

Recibido: 22-11-08. Aceptado: 9-1-09.

Arch. Zootec. 58 (Supl. 1): 549-552. 2009.

caracteres. Los resultados se publican en el catálogo de la asociación. Los nueve caracteres fenotípicos bajo estudio son: distocia (DI), peso al nacimiento (PN), ganancia media predestete (GM), peso al destete (PD), ganancia media postdestete (GP), peso de la canal (PC), conformación de la canal (CC), formato carnípero (FC), calificación como reproductor (CR).

Los análisis que se han venido realizando hasta el momento aplicaban el tradicional modelo infinitesimal. Sin embargo, en la raza está segregándose la mutación *mh* del gen de la miostatina, la cual provoca la hipertrofia muscular o *doble grupa*, por lo que se trata de un gen mayor. Dado que el modelo infinitesimal supone infinitos genes de efecto *pequeño*, cabe preguntarse si es adecuado en presencia de un gen mayor.

En este trabajo se analizan los caracteres del catálogo de Aseava mediante el modelo infinitesimal y mediante un modelo de herencia mixta (gen mayor más fondo infinitesimal, Álvarez *et al.*, 2000).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se dispone de información genealógica de un total de 248 753 animales. Los números de fenotipos conocidos son los siguientes: 126367 de DI, 34 896 de GM, 35955 de PD, 2163 de GP, 23 198 de CC, 25 366 de PC, 17995 de FC y 17 985 de CR. Se genotiparon 2518 animales, con el resultado: 87 individuos *+/+*, 713 *mh/+* y 1 718 *mh/mh*.

Con ánimo de destacar las ideas fundamentales, presentaremos los modelos estadísticos de forma simplificada. El modelo infinitesimal será:

$$y = Xb + Zu + e$$

donde: *y* es el carácter fenotípico, *b* el vector de efectos fijos, *e* el vector de residuos ambientales con distribución $N(0; s_e^2 E)$, *u* el vector de parámetros de los efectos aleatorios con distribución $N(0; s_u^2)$, y *X* y *Z* son matrices de incidencia.

En este trabajo tendremos interés en *u*, los valores mejorantes, y en la heredabilidad infinitesimal $H_i^2 = h_i^2 = \sigma_u^2 / (\sigma_e^2 + \sigma_u^2)$.

El modelo de herencia mixta incluye un término más:

$$y = Xb + Zu + Gg + e$$

donde: *G* es una matriz de incidencia de los genotipos, y *g* es el vector de efectos del gen *mh*;

éstos se parametrizarán según Fálconer en aditividad *a* y dominancia *d*:

$$a = (\mu[mh/mh] - \mu[+/+])/2$$

$$d = (\mu[mh/mh] + \mu[+/+])/2 - \mu[mh/+]$$

aunque para realizar comparaciones se calcularán sus versiones relativas a la desviación típica de cada carácter. También se puede expresar el efecto del gen mediante σ_g^2 , la varianza contribuida por el mismo. Se puede hablar entonces de la heredabilidad mixta total $H_m^2 = (\sigma_u^2 + \sigma_g^2) / (\sigma_e^2 + \sigma_u^2 + \sigma_g^2)$ y la heredabilidad mixta aditiva $h_m^2 = \sigma_u^2 / (\sigma_e^2 + \sigma_u^2 + \sigma_g^2)$.

Para la resolución de los modelos se ha recurrido al programa Loki (Heath, 1997), que emplea un algoritmo bayesiano basado en cadenas markovianas de Montecarlo. Dado que para procesar alguno de los caracteres el programa requiere más memoria de la disponible en los ordenadores de que

Tabla I. Frecuencia estimada del alelo *mh* para cada uno de los caracteres analizados (entre paréntesis, el error típico). (Estimated frequency of *mh* allele for each analysed trait).

DI	PN	GM	PD	GP	PC	CC	CR	FC
80 (2,0)	78 (2,0)	78 (2,1)	79 (2,5)	78 (2,2)	78 (2,0)	78 (2,4)	78 (1,3)	77 (2,5)

PARÁMETROS GENÉTICOS CON HERENCIA MIXTA EN VACA ASTURIANA

Tabla II. Valores de heredabilidades infinitesimal (H_i^2), mixta (H_m^2) y aditiva (h_m^2) con los errores estándar entre paréntesis para los nueve caracteres analizados. (Infinitesimal, mixed and additive heritabilities, standard errors between brackets).

Carácter	DI	PN	GM	PD	GP	PC	CC	CR	FC
H_i^2	43 (2)	54 (10)	49 (3)	18 (8)	48 (2)	50 (19)	52 (10)	50 (20)	52 (22)
h_m^2	48 (2)	60 (14)	47 (4)	30 (10)	48 (2)	52 (20)	50 (3)	48 (15)	32 (7)
H_m^2	59 (3)	63 (13)	49 (3)	33 (11)	50 (2)	56 (20)	89 (2)	50 (17)	37 (8)

disponemos (ocho gigaoctetos), se ha recurrido a un algoritmo de remuestreo para obtener las estimaciones (se reitera un muestreo aleatorio de individuos de la población original, así como la estimación de parámetros, hasta que se comprueba que las estimaciones son coherentes).

RESULTADOS

En la **tabla I** se presentan las estimaciones de la frecuencia del alelo *mh* obtenidas en cada análisis univariante. Todas están en torno al 80%.

En la **tabla II** aparecen los valores de las heredabilidades infinitesimal (H_i^2), mixta (H_m^2) y aditiva (h_m^2) para cada uno de los caracteres incluidos en el análisis.

En la **tabla III** se presentan las estimaciones de los efectos aditivos y dominantes del gen de la miostatina sobre cada uno de los caracteres incluidos en el análisis.

Con el fin de comparar los dos modelos en relación a las ordenaciones de los animales según su mérito genético, se ha medido,

para cada carácter, la correlación entre la ordenación de los animales según su mérito genético obtenida mediante el modelo infinitesimal y la obtenida mediante el modelo de herencia mixta (**tabla IV**).

DISCUSIÓN

La enorme implantación del alelo *mh* en la raza (cerca del 80%) supone una escasez acusada de animales con genotipo corriente (+/+).

Al comparar las H_i^2 y las H_m^2 se ve que, salvo para FC, las segundas son mayores. Esto podría indicar que el modelo de herencia mixta explica mejor la herencia en tales caracteres. Sin embargo, la diferencia entre ambas heredabilidades es notable sólo para DI y CC, por lo que sólo para tales caracteres se justificaría la introducción de un modelo más complejo.

El gen *mh* tiene efecto significativo para DI, GM, CR y FC. Resulta ser un alelo dominante para DI y GM, y aditivo para CR y FC. Sin embargo, estos resultados deben tomar-

Tabla III. Estimaciones de aditividades y dominancias (entre paréntesis, los errores típicos) que para los caracteres productivos registrados ejerce el gen de la miostatina. (Additive and dominance effects of the myostatine gene on registered traits, standard errors between brackets).

Carácter	DI	PN	GM	PD	GP	PC	CC	CR	FC
<i>a</i>	-0,33 (0,05)	+1,2 (0,6)	-0,19 (0,09)	-9,0 (8,5)	+0,04 (0,02)	-22 (25)	+0,7 (0,9)	+1,6 (0,7)	+2,3 (0,3)
<i>d</i>	-0,34 (0,05)	+1,5 (1,1)	-0,18 (0,09)	-9,2 (14,8)	+0,4 (0,26)	-20 (33)	-2,4 (1,3)	-0,7 (1,1)	+0,1 (0,9)

Tabla IV. Correlaciones de Pearson y Spearman entre la ordenación por el mérito genético obtenido mediante un modelo infinitesimal y la ordenación obtenida mediante un modelo de herencia mixta en el caso de considerar todos los animales y en el caso de considerar sólo los de inseminación artificial (I.A.). (Pearson and Spearman correlations between the individual genetic merits predicted under an infinitesimal model and under a mixed genetic model).

		DI	PN	GM	PD	Carácter				FC
						GP	PC	CC	CR	
Todos	Pearson	25	40	55	55	86	16	6	43	47
	Spearman	56	46	69	54	92	37	65	57	68
I.A.	Pearson	32	36	55	48	88	15	4	24	33
	Spearman	59	37	59	46	94	16	10	31	38

se con las debidas precauciones, pues la estimación de efectos para DI resulta de signo contrario a lo esperado.

En lo que respecta a la variaciones en las ordenaciones de animales según su valor mejorante, el cambio de modelo afecta especialmente a PC y CC.

CONCLUSIONES

El uso de un modelo de herencia mixta pue-

de ser importante para la selección para CC.

Las estimaciones de aditividad y dominancia no son fiables, debido al escaso número de homocigotos corrientes.

AGRADECIMIENTOS

Los autores quieren agradecer al personal de Xata Roxa por su intestimable ayuda. El proyecto FICYT IE05-147 ha sufragado parcialmente los gastos del presente trabajo.

BIBLIOGRAFÍA

- Álvarez, R., J.A. Baro, C. Carleos, D. García and R. Pong-Wong. 2000. Beyond infinitesimal model BVs: on the use of identified QTLs for the estimation of polygenic breeding values. *Ann. Hum. Genet.*, 64: 457-458.
- Heath, S.C. 1997. Markov chain Monte Carlo segregation and linkage analysis for oligogenic models. *Am. J. Hum. Genet.*, 61: 748-760.
- Silva, B., A.R. Castañón, A. Villa, L. Alonso, C. Carleos, J.A. Baro y J. Cañón. 2002. La raza Asturiana de los Valles 2: caracteres de crecimiento. *FEAGAS*, 20: 67-70.