

DERREGRESAR LOS CAMBIOS EN INFORMACIÓN DE LAS ESTIMACIONES SUCESIVAS DE VALOR DE CRÍA A LO LARGO DEL TIEMPO

Legarra^{1*}, A., VanRaden², P.M., Mantysaari³, E.A. y Sullivan⁴, P.G.

¹CDCB, Bowie, MD, USA; ²USDA, Beltsville, MD, USA; ³LUKE, Jokioinen, Finland;

⁴Lactanet, Guelph, ON, Canada

*andres.legarra@uscpcb.com

INTRODUCCIÓN

El método de pruebas derregresadas convierte (en general para un sub-conjunto de animales de interés) la estima del valor genético ((G)EBV) y de su (con)fiabilidad (Rel) en un pseudo-fenotipo (prueba derregresada, DRP) y un pseudo-número de registros (número de registros equivalente, ERC), de tal manera que un BLUP simplificado usando DRP y ERC “devuelve” los EBV y fiabilidades originales del subconjunto, sin necesitar el juego de datos original, condición llamada “reversibilidad”. En forma escalar, las ecuaciones son $erc = \alpha Rel / (1 - Rel)$ [equivalentemente $Rel = n / (n + \alpha)$] y $drp = \hat{u} / Rel$ con $\alpha = (1 - h^2) / h^2$. Estos DRPs y ERCs se usan para evaluaciones internacionales en Interbull, control de sesgo, o GWAS. En ocasiones es necesario separar la información de evaluaciones genéticas “temprana” (“p” de “partial”) de la “final” (“w” de “whole”), resultando en una DRP y ERC “intermedia” (“w-p”). Adicionando “p” y “w-p” debe resultar en GEBVs y Rel de “w”. No existe un método “matricial” (todos los animales juntos; e.g. Calus *et al.*, 2016) para extraer la información “intermedia”. Este trabajo compara dos ecuaciones escalares, una sugerida por VanRaden (2021) y una nueva propuesta por los autores. La propuesta de VanRaden no cumple reversibilidad (escalar), mientras que la nueva sí. Sin embargo, al ser escalares, ambas son aproximaciones y se comparan en un juego de datos de toros Jersey para recuento de células somáticas (SCS).

MATERIAL Y MÉTODOS

La ecuación de VanRaden (2021) primero obtiene los ERCs en cada momento $n_p = \alpha (Rel_p) / (1 - Rel_p)$ y $n_w = \alpha (Rel_w) / (1 - Rel_w)$, genera la fiabilidad de la información nueva como $Rel_{w-p} = (n_w - n_p) / (n_w - n_p + \alpha)$ y finalmente derregresa como $drp_{w-p} = GEBV_p + (GEBV_w - GEBV_p) / Rel_{w-p}$. Esta ecuación se usa en el test GEBV con el que Interbull verifica las evaluaciones genómicas nacionales (Sullivan, 2023).

La nueva ecuación propuesta genera los ERCs de cada momento de la misma manera, los DRPs con las ecuaciones $drp_w = \hat{u}_w / Rel_w$ y $drp_p = \hat{u}_p / Rel_p$ y finalmente $drp_{w-p} = (n_w drp_w - n_p drp_p) / n_{w-p}$. Se puede demostrar que la ecuación de VanRaden no cumple reversibilidad y esta sí. Sin embargo, las dos ecuaciones son muy parecidas, y Himmelbauer *et al.* (2023) observaron que, para detectar sesgo, la ecuación de VanRaden fue mejor, probablemente porque ambas son una aproximación al ser escalares y la aproximación de VanRaden compensa ese error.

El juego de datos consistió en 122 toros Jersey activos en diciembre de 2024, con GEBVs y fiabilidades para SCS en ese momento y en diciembre de 2021, con promedios de fiabilidad de 0.89 y 0.76 respectivamente. Se intentó reconstruir el GEBV (test de reversibilidad) mediante BLUP, a partir de dos “datos” por toro, los DRP, uno en 2021 y otro de 2022-2024, cada uno con sus respectivos ERCs. Se modelizaron los parentescos como no relacionados, o con genealogía (pero no con marcadores).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Cuando los animales se asumen no emparentados, tanto la nueva propuesta como el método de VanRaden cumplen el test de reversibilidad. Cuando se utiliza una matriz de parentesco genealógica, cuantas más generaciones se consideran hacia atrás, menos se cumple la “reversibilidad” ya que la aproximación de considerar no parentesco es cada vez más falsa. Ambos métodos son igual de “malos” en ese sentido. Por ejemplo, remontar dos generaciones resulta en una correlación entre GEBV “final” y GEBV “reconstruido” (a partir de drp_p y drp_{w-p}) de 0.73, con un coeficiente de regresión de 0.57.

CONCLUSIÓN

Ambos métodos de derregresión escalares funcionan bien si se consideran los animales no emparentados, y son igual de incorrectos cuando se consideran parentescos. Necesitamos mejores métodos matriciales para derregresar GEBVs en intervalos temporales.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Calus *et al.* 2016. J. Dairy Sci. 99: 6403-6419.
- Himmelbauer *et al.*, 2023. J. Dairy Sci. 106: 9026-9043
- Sullivan 2023. Interbull Bull. 58: 7-16.
- VanRaden. 2021. Interbul Bull. 56: 65-69.