

## UN MODELO DE REGRESIÓN ALEATORIA BIVARIANTE PARA EL ANÁLISIS DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE

López-Carbonell\*, D., Sánchez-Díaz, M., Hervás-Rivero, C. y Varona, L.

Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2), Universidad de Zaragoza, 50013 Zaragoza, España

\*davidlc@unizar.es

### INTRODUCCIÓN

La interacción genotipo-ambiente genera variabilidad en el rendimiento de un mismo genotipo en diferentes ambientes (Dickerson, 1962; Falconer y Mackay, 1996). A su vez, tiene consecuencias en la evaluación genética de las poblaciones, ya que puede implicar una reordenación de la predicción de los méritos genéticos de los candidatos a la selección. Los modelos de regresión aleatoria (Jarquín *et al.*, 2014) permiten capturar el gradiente de cambio para cada genotipo en función de una, o múltiples, variables, aunque su puesta a punto en condiciones no experimentales puede ser complejo. El objetivo de este trabajo es incorporar la localización geográfica de la explotación asociada a cada registro fenotípico para ajustar un modelo de regresión aleatoria que considere la latitud y la longitud en la que este genotipo se ha expresado.

### MATERIAL Y MÉTODOS

El análisis se realizó a partir de la información disponible para la evaluación genética de la raza bovina Rubia Gallega. La base de datos de registros fenotípicos incluyó 107.090 registros individuales para el carácter peso de la canal ( $224,58\text{kg} \pm 41,23\text{ kg}$ ). Además, se dispuso de información genealógica con un total de 159.423 individuos. Los registros fenotípicos se generaron en 2.068 explotaciones distribuidas en 156 municipios de la comunidad autónoma de Galicia. Esta información se integró con una base de datos pública (Datos Abiertos de Esri España), que proporciona información geográfica y límite de los municipios de España a partir de la cual se calculó el centroide de cada municipio. Las coordenadas de latitud ( $5141569^\circ$  a  $5423203^\circ$ ) y longitud ( $-1030871,1^\circ$  a  $-762029,2^\circ$ ) de cada municipio fueron descompuestas en 3 polinomios ortogonales de Legendre y se ajustó un modelo de regresión aleatoria bivariante que consideraba estos polinomios, junto con los efectos sistemáticos (edad de sacrificio, sexo, matadero) y un efecto aleatorio rebaño-año-estación. Además, se utilizó un modelo univariante que asumió los mismos efectos sistemáticos y aleatorios más un efecto genético aditivo global. Se estimaron componentes de varianza de ambos modelos empleando el software BLUPF90+ (Miszta *et al.*, 2014) y se compararon mediante AIC (Akaike, 1998). Finalmente, se calcularon las correlaciones genéticas entre las distintas localizaciones geográficas para el modelo con mejor ajuste.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El modelo de regresión aleatoria presentó un mejor ajuste que el modelo animal univariante ( $1024175,5$  vs.  $1024449,8$ ). La varianza genética estimada osciló entre  $213,73\text{ kg}^2$  ( $h^2 = 0,24$ ) y  $557,97\text{ kg}^2$  ( $h^2 = 0,45$ ) en el rango no marginal del espacio paramétrico. Las correlaciones genéticas presentaron un rango entre 0,7 y 1, con magnitudes más elevadas entre los municipios adyacentes. En este ejemplo, se ha utilizado exclusivamente la longitud y la latitud de los municipios, aunque, potencialmente, se pueden incorporar variables ambientales adicionales (temperatura, suelo, humedad, etc.), que permitan describir la interacción genotipo-ambiente bajo condiciones de producción variables.

### CONCLUSIÓN

Los modelos de regresión aleatoria multivariantes permiten capturar la interacción genotipo-ambiente en función de parámetros ambientales.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Dickerson, G.E. 1962. J. Anim. Prod. 4: 47-63.
- Falconer, D.S. y Mackay, T.F.C. 1996. Introduction to Quantitative Genetics.
- Jarquín, D., Crossa, J., Lacaze, X., Du Cheyron, P., Daucourt, J., Lorgeou, J., Piriaux, F., Guerreiro, L., Pérez, P., Calus, M., Burgueño, J., de los Campos, G. 2014. Theo. Appl. Gen. 127: 595-607.
- Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Yutaka, M., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z. 2014 Manual for Blupf90 Family of Programs.
- Akaike, H. 1998. Information Theory and an Extension of the Maximum Likelihood Principle.

**Agradecimientos:** Los autores agradecen a ACRUGA la disponibilidad de la información. D. L. C. está financiado por el Gobierno de Aragón mediante un contrato como investigador predoctoral.