

## MODELOS DE VARIANZA RESIDUAL HETEROGÉNEA CON EFECTOS GENÉTICOS DIRECTO Y MATERNO AFECTANDO AL CARÁCTER

Cervantes<sup>1\*</sup>, I., Formoso-Rafferty<sup>2</sup>, N. y Gutiérrez<sup>1</sup>, J.P.

<sup>1</sup>Dpto. Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM;

<sup>2</sup>Dpto. Producción Agraria. ETSIAAB, UPM

\*icervantes@vet.ucm.es

### INTRODUCCIÓN

La reducción de la varianza residual en caracteres como el peso al nacimiento puede ser de interés en especies prolíficas porque se ha demostrado que trae beneficios directos en supervivencia y bienestar animal (Formoso-Rafferty *et al.*, 2016; López-Vergé *et al.*, 2018). La modelización de la varianza residual asumiendo que parte de ésta se debe al componente genético requiere la utilización de modelos complejos que precisan de una estructura fuerte de datos. Estos modelos requieren disponer de datos repetidos por individuo por lo que ajustan el efecto materno afectando la variabilidad, siendo también el único efecto genético que se incluye afectando al carácter debido a su complejidad. No obstante, ignorar el efecto genético de la cría podría sesgar las estimaciones de los parámetros del modelo cuando este componente existe. El objetivo de este trabajo fue explorar mediante simulación el rendimiento del modelo heterogéneo cuando se ajustan efectos genéticos directo y materno sobre un carácter como peso al nacimiento.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Se simularon el efecto genético directo y materno del carácter y el materno de la variabilidad con diferentes magnitudes de correlaciones habitualmente encontradas. Se crearon 5.000 datos de tres generaciones discretas, siendo 50 el número aproximado de datos simulados por cada madre. El pedigrí contenía 6.000 individuos. Se reconstruyó un fenotipo incluyendo los tres efectos genéticos y otro incluyendo únicamente los efectos maternos. Se probaron diferentes modelos que incluían o no el efecto directo del carácter en ambos fenotipos. Se utilizaron ASREML v4.2 (Gilmour *et al.*, 2015) y GSEVM (Ibáñez-Escriche *et al.*, 2010).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados mostraron que el modelo que incluía todos los efectos genéticos y sus correlaciones era capaz de separar los distintos componentes y estimar sus correlaciones en el escenario simulado en este trabajo en el que se asegura una fuerte estructura de datos. Se observó una infraestimación de todos los componentes genéticos y de la correlación entre el carácter y su variabilidad cuando existía componente genético directo, pero no era incluido en el modelo. Asimismo, el modelo detectó correctamente la inexistencia de efecto genético directo cuando el mismo no había sido incluido en la simulación. Aunque se ha mostrado que el peso al nacimiento tiene principalmente un componente genético materno, tanto en poblaciones experimentales (Formoso-Rafferty *et al.*, 2023) como en porcino (Kapell *et al.*, 2011), la aplicación de modelos que incluyen únicamente el efecto materno sobre el carácter sólo presentaría un buen rendimiento cuando el componente directo fuera poco importante. Una vez comprobado el funcionamiento adecuado del modelo completo, se precisa su aplicación en datos reales para poder concluir la pertinencia o no de incluir ambos efectos genéticos afectando al carácter.

### CONCLUSIÓN

La estructura de datos simulada permitió comprobar que, aunque el modelo es complejo puede determinar la existencia de efecto directo del carácter, si lo hubiera. Cuando el modelo de análisis no se correspondió con el dato simulado, se observaron sesgos en la estimación de los parámetros.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Formoso-Rafferty *et al.* 2016. *Animal* 10: 1770-1777
- Formoso-Rafferty *et al.*, 2023. *Proceedings 74th EAAP*
- Ibáñez-Escriche *et al.* 2010. *J. Anim. Breed. Genet.* 127: 249-251
- Kapell *et al.* 2011. *Livestock Science* 135: 215-224
- Gilmour *et al.* 2015. UK: VSN International Ltd. Retrieved from [www.vsnl.co.uk](http://www.vsnl.co.uk).
- López-Vergé *et al.* 2018. *Translational Animal Science* 2: 383-395

**Agradecimientos:** Este estudio está financiado por un proyecto del Ministerio de Innovación Ciencia y Universidades: PID2023-149012OB-I00 (RoPIG).