

RESPUESTA A LA SELECCION PARA CRECIMIENTO MAGRO EN UNA LINEA DE CERDOS IBERICOS

M.A. Toro, J. Rodríguez, C. Rodríguez y L. Silió

Area de Mejora Genética Animal, CIT-INIA, Apdo. 8111, 28080 Madrid

Objetivos

Entre los objetivos de selección en el cerdo Ibérico, el logro de un mayor crecimiento muscular sintetiza diversos aspectos de marcado interés en una línea especializada paterna: incremento de la proporción de magro en las canales y mejora del índice de conversión. El precoz desarrollo de los tejidos grasos en los animales ibéricos hace que la selección a partir de registros obtenidos en los primeros 4-5 meses de edad sea una opción que posibilita una alta intensidad de selección a costes asequibles, frente a otras alternativas basadas en registros más tardíos.

En la presente comunicación se resumen los resultados de una experiencia de selección con esta orientación. Dadas las limitaciones que plantea la estimación de cambios genéticos mediante el análisis REML-BLUP, se ha aplicado a la inferencia de la respuesta a la selección un enfoque bayesiano, estimando las distribuciones marginales posteriores mediante muestreo de Gibbs.

Material y Métodos

El origen y características de la estirpe *Torbiscal* han sido previamente descritos (Dobao et al., 1985). Al inicio de esta experiencia se establecieron dos líneas C y S, con objetivos respectivos de conservación de recursos genéticos y selección para crecimiento muscular. Los datos disponibles proceden de un total de 2245 animales de ambas líneas nacidos en 508 camadas habidas entre 1989 y 1994 de 86 verracos y 254 cerdas madres.

El periodo de testaje comprende las 9 semanas posteriores al destete, durante las que los lechones permanecen en grupos de 20-30 alojados en parques y son alimentados con pienso comercial. El peso a 4 meses (P4m) se obtiene por interpolación de dos pesadas de semanas sucesivas. El espesor de grasa dorsal (EG) se mide por ultrasonido sobre la última costilla, ajustándose por regresión a un peso de 40 kg. La evaluación genética de los animales se ha realizado mediante BLUP Modelo Animal con el siguiente modelo:

$$y_{ijkl} = \mu + s_i + p_j + c_{jk} + a_{ijkl} + e_{ijkl}$$

siendo y_{ijkl} , registro de P4m o EG en el animal $ijkl$; μ , media general de la población base, s_i , efecto fijo del sexo i ($i=1,2$); p_j , efecto de la paridera j ($j=1,16$); c_{jk} , efecto aleatorio de la camada jk , $N(0, I\sigma_c^2)$; a_{ijkl} , efecto aleatorio del animal $ijkl$, $N(0, A\sigma_a^2)$ y e_{ijkl} , error aleatorio asociado a la observación $ijkl$, $N(0, I\sigma_e^2)$

Las estimas del valor mejorante de ambos caracteres se ponderan en un índice genético $EBV_{P4m} - 4*EBV_{EG}$ que es el criterio de selección utilizado en la línea S. En la elección de

reproductores de la línea C no se tiene en cuenta su índice genético, realizándose por criterios ganaderos condicionados por las normas de reposición de este grupo que tienden a anular la varianza de los tamaños familiares para minimizar la endogamia (Rodríguez et al., 1994). Los diferenciales de selección fenotípicas acumulados (Newman et al., 1973) son: -3.56 mm y 14.91 kg en la línea S, y 0.39 mm y 6.13 kg en la línea C. Estos valores reflejan la selección efectuada en S para ambos caracteres e indican que la elección de reproductores en C conlleva cierta selección a favor del peso.

Para la estimación de componentes de (co)varianza y tendencias genéticas vía REML-BLUP se utilizaron los programas DFREML y PEST con modelos bivariantes. En el análisis bayesiano de la respuesta se ha seguido la metodología propuesta por Sorensen et al. (1994). De acuerdo con Varona et al. (1994) el muestreo se realiza independientemente para los efectos fijos, valores aditivos y efectos de ambiente común a partir de distribuciones condicionales normales y las distribuciones condicionales de las inversas de las matrices de (co)varianzas residuales, aditivas y de ambiente común se muestrean de distribuciones Wishart. Tanto para los efectos fijos como para los componentes de varianza se asumieron distribuciones a priori planas.

El muestreo de Gibbs fue de una cadena de 505.000 iteraciones, descartándose las 5.000 primeras y tomando una de cada diez hasta un total de 50.000. Análisis preliminares, indicaron que estas condiciones de muestreo permiten estimar, con probabilidad 0.95, los intervalos del 95% de mayor densidad posterior (HPD) de los parámetros de interés con precisión de $\pm 1\%$ (Raftery y Lewis, 1992). Para el análisis post-Gibbs se estimaron los perfiles de las distribuciones marginales con estimadores tipo *kernel* (Silverman, 1986). Por limitaciones informáticas este análisis se efectuó sobre una submuestra de 5.000 puntos extraídos (uno de cada 10) de la muestra Gibbs.

TABLA 1. Análisis del Espesor de Grasa mediante Muestreo de Gibbs y REML: heredabilidad (h^2), coeficiente de ambiente común (c^2), correlación genética (γ_A) y ambiental (γ_C) con Peso a 4 meses, respuesta total ($t_5 - t_0$) y coeficientes de regresión de las medias de valores genéticos sobre el año de nacimiento (δ_1) en las líneas *Torbiscal S* y *C*.

	MUESTREO DE GIBBS				REML
	Media	Moda	Desv.Típica	HPD 95%	
h^2	0.307	0.290	0.050	0.214, 0.410	0.289
c^2	0.132	0.134	0.021	0.092, 0.175	0.132
γ_A	0.188	0.212	0.138	-0.079, 0.455	0.177
γ_C	0.013	0.007	0.060	-0.104, 0.134	0.064
$(t_5 - t_0)^S$	-1.177	-1.156	0.162	-1.506, -0.855	-1.181
δ_1^S	-0.218	-0.216	0.032	-0.282, -0.151	-0.219
$(t_5 - t_0)^C$	0.030	0.039	0.139	-0.251, 0.308	0.025
δ_1^C	-0.002	-0.002	0.027	-0.056, 0.052	-0.002

TABLA 2. Análisis del Peso a 4 meses mediante Muestreo de Gibbs y REML: heredabilidad (h^2), coeficiente de ambiente común (c^2), respuesta total ($t_5 - t_0$) y coeficientes de regresión de las medias de valores genéticos sobre el año de nacimiento (δ_1) en las líneas *Torbiscal S* y *C*.

	MUESTREO DE GIBBS				REML
	Media	Moda	Desv. Típica	HPD 95%	
h^2	0.317	0.321	0.057	0.202, 0.428	0.300
c^2	0.243	0.241	0.026	0.191, 0.296	0.242
$(t_5 - t_0)^S$	2.823	2.857	0.694	1.470, 4.234	2.724
δ_1^S	0.544	0.554	0.134	0.285, 0.819	0.524
$(t_5 - t_0)^C$	1.884	1.902	0.567	0.740, 3.019	1.795
δ_1^C	0.302	0.301	0.108	0.086, 0.525	0.285

Resultados

En las Tablas 1 y 2 se resumen los resultados obtenidos en ambas líneas para los dos caracteres. Como medidas de la respuesta a la selección se han utilizado: a) la respuesta total calculada como la diferencia de las medias genéticas entre las cohortes de animales nacidos en los años 1989 y 1994 ($t_5 - t_0$) y b) el coeficiente de regresión lineal de la media genética de cada cohorte sobre el año de nacimiento (δ_1).

Para el Espesor de Grasa, ambas medidas indican una respuesta en la línea S equivalente a una reducción anual del 2% de la media, sin que en la línea C se observe cambio genético para este carácter. Para el Peso a 4 meses, ambas líneas presentan cambios genéticos anuales positivos equivalentes al 1.3% de la media en la línea S y al 0.7% en la línea C.

El interés práctico de estos resultados se está verificando con información de crecimiento, composición corporal y calidad de carne registrada en lotes de ambas líneas en condiciones de manejo extensivo y sacrificio a los elevados pesos comerciales (170 kg) propios de esta raza.

Agradecimientos

Los autores agradecen a Luis Varona y a Juan Miguel Marín las facilidades recibidas para la utilización de sus programas de muestreo de Gibbs y estimación de densidades.

Referencias

- Dobao M.T. et al. (1985). *Anales INIA Serie Ganadera*, 22(1): 99.
 Newman J.A. et al. (1973). *Canadian Journal Animal Science*, 53: 1.
 Raftery A.E. y Lewis S.M. (1992). *Bayesian Statistics*, 4: 763.
 Rodríguez J. et al. (1994). *Proc. 5th WCGALP*, Guelph (Canada), 21: 524.
 Silverman B.W. (1986). *Density Estimation for Statistics and Data Analysis*, Chapman and Hall.
 Sorensen D.A. et al. (1994). *Genetics Selection Evolution*, 26: 333.
 Varona L. et al. (1994). *Revista Portuguesa de Zootecnia*, 1: 185.