

## ESTUDIO DEL DETERMINISMO GENÉTICO DE LA EFICIENCIA ALIMENTARIA INDIVIDUAL EN UNA POBLACIÓN DUROC

Ibáñez-Escriche, N.<sup>1</sup>, Soler, J.<sup>2</sup>, Varona, L.<sup>1</sup>, Reixach, J.<sup>3</sup>, Tibau, J.<sup>2</sup>, Quintanilla, R.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Genética y Mejora Animal, IRTA-Lleida, 25198 Lleida.

<sup>2</sup>Control Porcí, IRTA, 17121 Monells.

<sup>3</sup>Selección Batallé S.A., 17421 Riudarenes.

[noelia.ibanez@irta.es](mailto:noelia.ibanez@irta.es)

### INTRODUCCIÓN

La mayor parte de los costes de producción porcina proceden de la alimentación, por lo que la optimización de la eficiencia en la utilización de los recursos alimentarios se dibuja como uno de los objetivos principales en la producción porcina. La eficiencia biológica en el aprovechamiento del alimento consumido por un animal respecto a su crecimiento se ha venido estimando habitualmente mediante el índice de conversión, siendo éste el cociente entre el alimento consumido y la ganancia de peso.

Rauw *et al.* (2000, 2002) han descrito un procedimiento que permite comparar líneas genéticas en términos de la eficiencia para destinar la energía y los nutrientes ingeridos a mantenimiento corporal, crecimiento y reservas para hacer frente a las situaciones de enfermedad o estrés. Recientemente, Piles y Varona (2006) han implementado en datos de conejo un método bayesiano basado en esta estrategia. El objetivo del presente trabajo consiste en estudiar la variabilidad y el determinismo genético de la utilización individual de los recursos alimentarios para mantenimiento y crecimiento en porcino, utilizando el procedimiento descrito por Piles y Varona (2006).

### MATERIAL Y MÉTODOS

#### Material animal

El material animal consistió en 370 machos castrados de una línea comercial Duroc, pertenecientes a 5 familias de medio-hermanos paternos y procedentes de 3 granjas distintas. Distribuidos en 4 lotes, los 370 lechones se enviaron al Centre de Control Porcí (CCP-IRTA) a una edad de 22 días de vida, y entraron en la fase de cebo sobre los 63 días de vida, distribuidos en 10 boxes por lote. Durante el periodo de engorde los animales fueron alimentados *ad libitum* con pienso comercial. Durante todo el periodo de cebo se controló periódicamente el peso y espesor de grasa de los animales (aproximadamente a 80, 100, 120, 140, 160, 180 días de edad y el día anterior al sacrificio) y se registró la ingesta diaria de pienso mediante el sistema de alimentación automático con control individualizado de la ingesta disponible en CCP.

A partir de los registros de ingesta diaria y los pesos individuales, se calculó la ingesta de cada animal en periodos de 15 días, así como el peso medio del animal en cada uno de estos periodos.

#### Análisis estadístico

El análisis se basó en el esquema jerárquico de Wakefield *et al.* (1994), y su extensión a modelos con componentes genéticos aditivos (Varona *et al.*, 1997). El modelo del "primer plano" de este análisis fue el siguiente:

$$y_{ij} = a_i + b_i \times P_{ij}^{0.75} + d_i \times G_{ij} + e_{ij}$$

donde:

$y_{ij}$  es la ingesta individual del animal  $i$  en el periodo  $j$ ;

$a_i$  es el término independiente para el animal  $i$ ;

$P_{ij}^{0.75}$  son el peso metabólico medio del individuo  $i$  en el periodo  $j$ , estimado a partir del peso vivo;

$G_{ij}$  es la ganancia de peso del individuo  $i$  en el periodo  $j$ ;

$b_i$  y  $d_i$  son los coeficientes individuales de regresión parcial de la ingesta sobre el peso metabólico y sobre la ganancia de peso respectivamente;

$e_{ij}$  es el efecto residual (ingesta residual).

El modelo asume normalidad de los datos, independencia de los residuos y homogeneidad de varianzas residuales a lo largo de todos los periodos.

En el “segundo plano” del análisis, los coeficientes individuales de regresión ( $\mathbf{b}$  y  $\mathbf{d}$ ) se asumen distribuidos según una normal bivalente, considerando para cada uno de los coeficientes de regresión: efectos sistemáticos ( $\beta_b$  y  $\beta_d$ ; granja de origen y lote de engorde), efectos genéticos aditivos ( $\mathbf{u}_b$  y  $\mathbf{u}_d$ ) con matriz de (co)varianzas  $\mathbf{G}$ , efecto aleatorio del box ( $\mathbf{p}_b$  y  $\mathbf{p}_d$ ) con matriz de (co)varianzas  $\mathbf{P}$ , y efectos residuales con matriz de (co)varianzas  $\mathbf{R}$  dentro de individuo. De este modo:

$$(\mathbf{b}, \mathbf{d} \mid \beta_b, \beta_d, \mathbf{u}_b, \mathbf{u}_d, \mathbf{p}_b, \mathbf{p}_d, \mathbf{G}, \mathbf{R}, \mathbf{P}) \sim N \left( \begin{array}{c} \mathbf{X}\beta_b + \mathbf{Z}\mathbf{u}_b + \mathbf{W}\mathbf{p}_b \\ \mathbf{X}\beta_d + \mathbf{Z}\mathbf{u}_d + \mathbf{W}\mathbf{p}_d \end{array}, \mathbf{R} \otimes \mathbf{I} \right)$$

$$\left( \begin{array}{c} \mathbf{u}_b \\ \mathbf{u}_d \end{array} \mid \mathbf{G} \right) \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{G} \otimes \mathbf{A}) ; \quad \left( \begin{array}{c} \mathbf{p}_b \\ \mathbf{p}_d \end{array} \mid \mathbf{P} \right) \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{P} \otimes \mathbf{I})$$

Asimismo, los residuos del “primer plano” del modelo se asumen independientes de los residuos del “segundo plano” del modelo. Los efectos sistemáticos, y los componentes de (co)varianza del modelo se asumieron a priori uniformes y acotados (Press, 1989). Las distribuciones marginales posteriores cada uno de los parámetros se estimaron mediante muestreo de Gibbs (Casella y George, 1992).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el presente trabajo, se han considerado los coeficientes de regresión parcial de la ingesta sobre el peso metabólico y sobre el crecimiento como parámetros indicadores de la eficiencia individual de los animales en la utilización de los recursos alimentarios. La Tabla 1 muestra los estadísticos resumen de las distribuciones posteriores de las varianzas y los parámetros genéticos aditivos de ambos coeficientes de regresión.

Según los estimadores posteriores obtenidos para las  $h^2$  (proporción de la variancia fenotípica del regresor explicada por los valores genéticos) mostrados en la Tabla 1, ambos coeficientes de regresión tomarían valores medios-elevados (0.43 y 0.37). Si bien las distribuciones posteriores de estos parámetros mostraron desviaciones estándar posteriores elevadas (0.18 y 0.16 respectivamente) debido al limitado número de datos, el intervalo mínimo de máxima densidad posterior (HPD) al 95% para ambos ratios ( $h_b^2$  y  $h_d^2$ ) no incluye el cero. Estos resultados indicarían que la eficiencia individual en el uso de los recursos alimentarios para el mantenimiento del peso corporal y para el crecimiento son caracteres con un importante determinismo genético, y susceptibles por tanto de ser seleccionados para la obtención de animales más eficientes en términos de mantenimiento y crecimiento.

Por otro lado, la Tabla 1 también muestra una media posterior de 0.811 para la correlación genética entre ambos coeficientes ( $r_{Abd}$ ), con un intervalo posterior mínimo de máxima densidad entre 0.25 y 1.0. Esto indicaría que los animales genéticamente más eficientes en la utilización del alimento para el mantenimiento lo son también para el crecimiento, y constituiría un elemento favorable a la hora de aplicar un esquema de selección para eficiencia alimentaria.

De este modo, el modelo descrito permitiría evaluar genéticamente a los animales por su eficiencia biológica en el aprovechamiento del alimento consumido por un animal respecto a su peso metabólico y a su crecimiento. Una posible extensión del modelo sería la

introducción de regresores relacionados con otros aspectos metabólicos como el engrasamiento y la deposición de proteína. Por otro lado la ingesta residual también se perfila como un carácter de elevado interés por su papel como predictor de la capacidad de respuesta individual ante situaciones de enfermedad o estrés. En este sentido, también la inclusión de valores genéticos para la ingesta residual, tal y como describen Rauw *et al.* (2000, 2002), se plantea como una interesante extensión de este modelo.

Tabla 1. Estadísticos de las distribuciones marginales posteriores de los componentes de varianza genéticos aditivos ( $\sigma^2_{A(b)}$ ,  $\sigma_{A(bd)}$ ,  $\sigma^2_{A(d)}$ ), las proporciones de la varianza aditiva ( $h^2_b$  y  $h^2_d$ ) y la correlación genética para los coeficientes de regresión parcial de la ingesta sobre peso metabólico y crecimiento (b y d).

	Media	Desviación Típica	Intervalo mínimo de máxima densidad -95%	Error de Monte Carlo
$\sigma^2_{A(b)}$	0.016	0.009	0.000, 0.035	0.000048
$\sigma_{A(bd)}$	0.015	0.007	0.001, 0.030	0.000091
$\sigma^2_{A(d)}$	0.024	0.014	0.000, 0.061	0.000011
$h^2_b$	0.431	0.180	0.073, 0.794	0.000421
$h^2_d$	0.370	0.156	0.068, 0.694	0.000122
$r_{Abd}$	0.811	0.266	0.250, 1.000	0.000665

### AGRADECIMIENTOS

Este estudio ha sido financiado por el proyecto AGL2002-04271-C03-03 (MEC). Los autores agradecen a *Selección Batallé S.A.* su colaboración en la obtención del material animal, y a M. Piles y J.L. Noguera sus comentarios.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Casella, G., y E.I. George. 1992. Explaining the Gibbs sampler *American Statistician*. 46:167-174.
- Piles, M., y Varona, L. 2006 Pages 512-515 in proceedings 8<sup>th</sup> World Congress. on Genetic. Applied Livestock. Production, Belo Horizonte, Brasil.
- Press, W.H. Numerical Recipes in Pascal: The Art of Scientific Computing. Editado por Cambridge University Press.
- Rauw, W.M., Luiting, P., Verstegen, M.W.A., Vangen, O., Knap, P.W., 2000. Differences in food resource allocation in a long-term selection experiment for litter size in mice. II. Developmental trends in body weight against food intake. *Animal Science* 71: 39-47.
- Rauw, W.M., Knap, P.W., Verstegen, M.W.A., Luiting, P., 2002. Food resource allocation patterns in lactating females in a long-term selection experiment for litter size in mice. *Genetic Selection. Evolution* 34: 83-104.
- Varona, L., Moreno, C., García-Cortés, L. A., Altarriba, J. Multiple trait analysis of underlying biological variables of production functions. *Lives. Prod. Sci.* 47:201-209
- Wakefield, J. C., A. F. M. Smith, A. Racine-Poon, and A. E. Gelfand. 1994. Bayesian analysis of linear and non-linear population models by using the Gibbs sampler. *Appl. Statist.* 43:2201-2221.