

EFFECTOS DE CRUZAMIENTO Y PARÁMETROS GENÉTICOS DE LA PROLIFICIDAD EN TRES VARIEDADES DE CERDO IBÉRICO

Noguera*, J.L.¹, Ibáñez-Escriche, N.¹, Magallón, E.², Varona, L.³

¹Genètica i Milllora Animal. IRTA. Lleida. ²INGA FOOD S.A. Tres Cantos. Madrid. ³Unidad de Genética Cuantitativa y Mejora Animal, Universidad de Zaragoza

*joseluis.noguera@irta.es

INTRODUCCIÓN

Una de las características reproductivas del cerdo ibérico es su baja prolificidad (Pérez-Enciso y Gianola, 1992; Fernández et al., 2008), respecto del cerdo blanco (Rothschild y Bidanel, 1998). En los últimos años, se está produciendo una profunda transformación en el sector porcino de ibérico, con la desaparición de muchas explotaciones tradicionales y su substitución por sistemas de producción intensivos, dónde la mejora de la eficiencia (re)productiva puede repercutir positivamente sobre la viabilidad de la explotación. La productividad numérica de las cerdas se considera como uno de los caracteres de mayor influencia sobre la rentabilidad de la explotación. Su componente más importante es el tamaño de camada al nacimiento (Legault, 1977). Para la mejora genética del tamaño de camada en porcino se utilizan, básicamente, dos estrategias: la selección dentro de una población, aprovechando la variabilidad genética existente en la misma, y el cruzamiento entre poblaciones aprovechando la heterosis debida a la variación genética entre ellas, en el marco de un esquema de diseño piramidal. A diferencia del porcino blanco, dónde están generalizados, en el sector del cerdo ibérico dichos esquemas de mejora genética son prácticamente inexistentes a nivel de campo. El objetivo principal del presente estudio es estimar los efectos de cruzamiento y parámetros genéticos de la prolificidad, en tres estirpes comerciales de cerdo ibérico, para poder definir estrategias de selección y cruzamiento adecuadas en un programa piramidal de mejora genética de ibérico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Animales y diseño experimental. Los datos utilizados en este estudio pertenecen a un diseño experimental dialélico completo constituido por tres líneas (variedades) comerciales de cerdo ibérico, reconocidas en el libro genealógico (AECERIBER): Retinto (RR), Torbiscal (TT) y Entrepelado (EE) y por sus cruces recíprocos. Se obtuvieron durante el periodo 2009-2015. Los animales reproductores están ubicados en dos núcleos de selección y uno de producción, con una capacidad total de 1.800 plazas, en condiciones comerciales intensivas. Un total de 2.771 reproductoras, que incluye tanto líneas puras (RR, TT y EE) como pertenecientes a cada uno de los seis cruzamientos dialélicos F₁ posibles (RT, TR, RE, ER, TE, ET), han dado lugar a 10.936 partos con toda la información relevante registrada, entre ellos el número total de lechones nacidos (NT) y el número de lechones nacidos vivos (NV). El número de datos y distribución por cruce se presentan en la Tabla 1.

Análisis estadístico. Para analizar las variables NT y NV se ha utilizado el siguiente modelo de repetibilidad multi-población siguiendo el método descrito por García-Cortés y Toro (2006), que permite dividir los valores genéticos aditivos en fracciones independientes dependiendo de su origen genético (líneas en este caso):

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \sum_{i=1}^3 \mathbf{Z}_i \mathbf{a}_i + \mathbf{Wp} + \mathbf{e}$$

donde \mathbf{y} representa el vector de observaciones de NT o NV, \mathbf{b} es un vector de efectos sistemáticos: orden de parto (6 niveles), granja-año-estación (56 niveles), línea genética del macho de cubrición (4 niveles), y de acuerdo con el modelo de Dickerson (1969), los efectos directos de línea, materno y de heterosis en el tamaño de camada entre los cruces de las líneas (3 niveles cada uno de ellos), y como efectos aleatorios, \mathbf{a} es el vector de efectos genéticos aditivos, jerarquizado a la línea genética (3.158 niveles), \mathbf{p} es el vector del efecto permanente de la cerda (2.771 niveles), y \mathbf{e} es el vector de errores residuales; \mathbf{X} , \mathbf{Z} , y \mathbf{W} son

matrices de incidencia conocida que relacionan, respectivamente, los efectos fijos y aleatorios con el vector y . El coeficiente ambiental permanente de la cerda p^2 se calculó asumiendo homogeneidad entre líneas. Como distribuciones *a priori*, para los efectos aleatorios, se asignaron distribuciones normales multivariantes definidas a partir de las matrices de parentesco parciales generadas por los fundadores de cada una de las tres poblaciones.

Los análisis bayesianos se llevaron a cabo mediante el algoritmo de *Gibbs sampling*, con una cadena de 525.000 iteraciones y un periodo de “calentamiento” de 25.000 iteraciones. Para una adecuada interpretación de los efectos directo y materno de cada línea, señalar que éstos están expresados como desviación a la media de los efectos de las tres líneas (RR,TT,EE,). El efecto de cada uno de los nueve tipos genéticos (*TG*): RR, TT, EE, RT, TR, RE, ER, TE y ET se ha calculado como combinación lineal de los efectos directo, materno, y de heterosis de acuerdo con la parametrización del modelo de Dickerson (1969). El efecto de cada uno de los *TG* está expresado como desviación a la media de los nueve tipos genéticos. De cada distribución marginal posterior se obtuvo la media posterior, la desviación típica posterior, y la probabilidad posterior de que un parámetro estimado determinado sea superior a otro (p. ej: la probabilidad posterior de que una determinada línea, o cruce entre ellas, sea superior a las demás).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Componentes de varianza. El modelo estadístico utilizado “multi-población”, basado en el método de García-Cortés y Toro, (2006), permite fraccionar la varianza aditiva en partes independientes en función del origen genético de los animales. Las medias posteriores de la heredabilidad de cada línea genética (EE, RR, TT) para NT y NV figuran en la tabla 2. La línea EE sería la que presenta una mayor heredabilidad (0,14 NT; 0,12 NV), seguida por la línea TT (0,11 NT; 0,10 NV), ambas superiores a las heredabilidades obtenidas en ibérico en estudios anteriores (Pérez-Enciso y Gianola, 1992; García-Casco, et al., 2012), y del mismo rango que las estimadas para las razas más comunes de cerdo blanco (Rothschild y Bidanel, 1998). Sin embargo, las heredabilidades estimadas de NT y NV, en la línea RR, fueron sensiblemente inferiores, similares a los valores obtenidos por Pérez-Enciso y Gianola, (1992). Se obtuvo un valor para p^2 de 0,04 para NT y NV, inferior a los obtenidos por García-Casco et al. (2012) que fueron de 0,09 y 0,10 respectivamente.

Efectos de cruzamiento. Los parámetros de cruzamiento obtenidos (Tabla3) muestran diferencias importantes entre las líneas para los efectos directos de línea, maternos y de heterosis. En concreto, la línea RR muestra efectos directos de línea muy superiores a EE y TT, tanto en NT como en NV. Sin embargo, si consideramos los efectos maternos, la línea EE es la que presenta los mejores valores, mientras que en la RR el efecto materno es claramente desfavorable. En relación a los efectos de heterosis en NT y NV, la combinación ET es claramente la que tiene los valores más altos, seguido de la combinación TR y ER. En la tabla 4, se presenta el efecto de cada *TG*, como diferencia respecto a la media de los nueve *TG*, y la probabilidad posterior de ser el mejor tipo genético de entre las nueve combinaciones genéticas del experimento dialélico. El tipo genético RE es el que tiene el valor más alto para NT y NV, y presenta también la probabilidad posterior más alta de ser el mejor tipo genético, hasta cinco veces más probable respecto a la segunda opción, entre las nueve combinaciones genéticas posibles.

Conclusión. Este estudio muestra en Ibérico una clara superioridad de los tipos genéticos cruzados, respecto de las líneas puras, en prolificidad. Lo cual sugiere que el cruzamiento en Ibérico entre líneas puras puede proporcionar una mejora substancial de la eficiencia reproductiva en las explotaciones de Ibérico, en particular el tipo genético RE. Por otra parte, el determinismo genético de la prolificidad (NT y NV) en las tres poblaciones indicaría la posibilidad de seleccionar por estos caracteres. Estos resultados refuerzan la idea de la importancia de implementar un esquema piramidal de mejora genética en Ibérico.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

•Dickerson G.E. 1969. Anim. Breed. Abstract. 37:191-202. •Fernández A. et al. 2008. Meat Sci. 64: 405-402. •García-Casco et al. 2012. Livest, Sci. 147:1-8. •García-Cortés A., Toro M.

2006. Genet. Sel. Evol. 38: 601-615: 573-579. •Legault C.1977. Jour. Rech. Porcine en France 9:63-68. •Pérez-Enciso, M., Gianola, D. 1992. Livest. Prod. Sci. 32: 283-293. •Rothschild M., Bidanel J.P. 1998. The genetics of the pigs. 313-343.

Agradecimientos: Financiado por CDTI (IDI-20100447; IDI-20140447). Los autores expresan su agradecimiento a los veterinarios de la empresa INGA FOOD S. A.: M.J. García, L. Muñoz, P. Díaz, M. Ramos y a J. P. Rosas (IRTA).

Tabla 1. Distribución del número de cerdas (*número de partos*), en función de su tipo genético, en el esquema de cruce dialélico, en pureza (EE, RR, TT) en la diagonal, y cruzadas (ER, ET, RE, RT, TE, TR)* fuera de la diagonal.

Padre ↓ / Madre →	Entrepelado (EE)	Retinto (RR)	Torbiscal (TT)
Entrepelado (EE)	365 (1164)	247 (674)	172 (526)
Retinto (RR)	86 (255)	645 (2971)	402 (1597)
Torbiscal (TT)	34 (96)	359 (1537)	448 (2116)

*Orden: Línea del padre x Línea de la Madre

Tabla 2. Media y (*desviación estándar*) posterior de la heredabilidad (h^2) para el número total de lechones nacidos (NT) y nacidos vivos (NV) por parto.

Caracteres	Entrepelado (EE)	Retinto (RR)	Torbiscal (TT)
NT	0.14 (0.033)	0.034 (0.016)	0.11 (0.026)
NV	0.12 (0.031)	0.020 (0.013)	0.10 (0.024)

Tabla 3. Media y (*desviación estándar*) de la distribución posterior de las diferencias del efecto directo (L) y materno (M) de las líneas Entrepelada (EE), Torbiscal (TT) y Retinto (RR), referidos a la media de los efectos de las tres líneas, y los efectos de heterosis (H) de los cruces entre estas líneas para los caracteres NT y NV.

Caracteres	L _{EE}	L _{TT}	L _{RR}	M _{EE}	M _{TT}	M _{RR}	H _{ET}	H _{ER}	H _{TR}
NT	-0.215 (0.242)	-0.420 (0.189)	0.635 (0.157)	0.313 (0.132)	0.010 (0.114)	-0.323 (0.086)	0.795 (0.186)	0.260 (0.146)	0.472 (0.111)
NV	-0.099 (0.236)	-0.485 (0.186)	0.584 (0.148)	0.247 (0.131)	0.029 (0.113)	-0.277 (0.083)	0.755 (0.185)	0.240 (0.143)	0.507 (0.110)

Tabla 4. Media y (*desviación estándar*) (*des*) de la distribución posterior de las diferencias del efecto tipo genético, referidos a la media de los nueve tipos genéticos, y probabilidad posterior (*Prob. Pos.*) de ser el mejor tipo genético (TG) para los caracteres NT y NV.

Tipo Genético	Media (<i>des</i>) NT	Prob. Pos. mejor TG (NT)	Media (<i>des</i>) NV	Prob. Pos. mejor TG (NV)
EE	-0.242 (0.216)	0.000	-0.186 (0.210)	0.001
ET	0.293 (0.128)	0.051	0.303 (0.126)	0.087
ER	-0.336 (0.136)	0.000	-0.273 (0.134)	0.000
TE	0.307 (0.263)	0.190	0.232 (0.260)	0.158
TT	-0.749 (0.163)	0.000	-0.790 (0.159)	0.000
TR	0.061 (0.135)	0.005	0.090 (0.131)	0.010
RE	0.588 (0.174)	0.744	0.541 (0.171)	0.733
RT	0.106 (0.134)	0.009	0.107 (0.129)	0.011
RR	-0.027 (0.141)	0.001	-0.026 (0.133)	0.001