

ESTIMACION DE VALOR GENETICO DE CERDOS CC21 CUBANOS CON METODOLOGÍA MODELO ANIMAL BLUP

E León¹, Isabel Santana¹, D Guerra² y F J Diéguez¹

¹ Instituto de Investigaciones Porcinas
Gaveta Postal No.1, Punta Brava
La Habana, Cuba
email: iip@enet.cu

² Centro de Investigaciones para el Mejoramiento Animal
Carretera Central km 21, El Cotorro
La Habana, Cuba

RESUMEN

Se realizó un trabajo de aplicación del procedimiento modelo animal BLUP en la evaluación genética de una población de cerdos de la línea sintética cubana CC21. Se empleó un modelo animal mixto multivariado que incluía los efectos: año, época de nacimiento y su interacción, sexo y edad final como variable regresiva. El paquete estadístico AIREML fue el utilizado para la estimación de los parámetros genéticos de la población y para el cálculo de las estimaciones de valor genético de las medidas analizadas.

Entre los resultados se definió un modelo para rasgos productivos que puede ser empleado para la evaluación de líneas de verracos paternos terminales. Se obtuvieron además los parámetros genéticos de heredabilidades (0.28 ± 0.03 y 0.39 ± 0.03) para los rasgos peso por edad (PPE) y el espesor de grasa dorsal (EGD) respectivamente y la correlación genética (-0.07 ± 0.08) y fenotípica (-0.11 ± 0.02) entre los mismos. Los valores genéticos estimados (VGE) para los dos rasgos fue el principal resultado y a partir de los mismos se calcularon los índices de selección de los animales.

Se sugiere que la aplicación del procedimiento modelo animal BLUP en la evaluación de rebaños genéticos cubanos de cerdos resulta totalmente factible, dadas las condiciones existentes de organización de la actividad y el volumen de información disponible. Esto constituye un paso necesario e imprescindible en aras de obtener mayores ganancias genéticas en los rebaños cubanos, así como mejores resultados en el trabajo técnico de dichos rebaños y de la producción porcina en sentido general. La metodología empleada en el presente trabajo y el modelo definido pueden ser usados en la extensión del mismo a los centros genéticos porcinos de líneas paternas del país.

Palabras claves: cerdo, evaluación genética, modelo animal, BLUP, genotipo CC21

Título corto: Modelo animal BLUP para líneas paternas terminales de cerdos

ESTIMATION OF THE GENETIC VALUE OF CUBAN CC21 PIGS THROUGH BLUP METHODOLOGY

SUMMARY

An application work was conducted concerning the BLUP animal model procedure for the genetic evaluation of a CC21 pig population, a Cuban synthetic line. A mixed animal multivariate model including effects of year, born season and its interaction, sex and final age as regressive variable was employed. The AIREML software was used for estimation of genetic parameters in the animal population and for estimating the genetic value in the analyzed measurements.

A model was defined for productive traits which can be used for the evaluation of lines from terminal, paternal boars. Genetic parameter for heritability (0.28 ± 0.03 y 0.39 ± 0.03) corresponding to weight by age (PPE in Spanish) and back fat thickness (EGD in Spanish) respectively, and the genetic (-0.07 ± 0.08) and phenotypic (-0.11 ± 0.02) correlations, respectively. The VGE values were the best result amongst estimated genetic values and therefore from these the selection indices for animals were calculated.

It is suggested that the application of the BLUP animal model procedure for the evaluation of Cuban genetic herds results totally feasible, due to the existing organization of this activity and the available volume of information. This is a necessary step in order to obtain greater genetic gains in Cuban herds, and overall better results in the technical work on these herds and pig production. The methodology employed in the current work and the defined model can be used to extent it to the pig genetic centres concerning syre lines in the country.

Key words: pigs, genetic evaluation, BLUP animal model, CC21 breed

Short title: BLUP animal model for terminal lines for syre

INTRODUCCIÓN

El programa de evaluación y selección de reproductores porcinos que por más de 20 años se aplica en los centros genéticos porcinos cubanos emplea un índice de selección fenotípico para la selección de los futuros reproductores. Este tipo de índices de selección pese a ser la herramienta más empleada en los últimos 20 años en los programas de mejoramiento genético para cerdos (Long et al 1991), presenta serias desventajas. En la construcción de estos índices de selección, los datos deben estar ajustados anteriormente para los efectos ambientales (rebaño, año, época, estación, sexo, et cetera).

Esto provoca que los estimados de mérito genético tengan una alta probabilidad de sesgo, debido a que los efectos ambientales no son estimados simultáneamente. Además, los índices de selección fenotípicos no suelen usarse cuando los animales tienen diferentes cantidades de información de sus antecesores o varios registros o son de diferentes períodos de evaluación (Bampton 1992). Es por ello que desde finales de los años 80, la innovación en programas de evaluación genética ha sido el desarrollo y uso de procedimientos que aplican el Mejor Predictor Lineal Insesgado (BLUP, Best Linear Unbiased Predictor). Aceptado ampliamente en la actualidad

como un método estándar para la estimación del valor genético en programas de selección, el BLUP es objeto de perfeccionamiento y aplicación por un buen número de investigadores, productores, compañías genéticas y programas de mejora en varios países (Canadá, EEUU, Bélgica, Dinamarca, Reino Unido, Australia, Alemania, España, entre otros). Las mayores ganancias genéticas obtenidas por su uso con respecto a los procedimientos más tradicionales de índices de selección (Webb y Bampton 1988; Long et al 1991; Bampton 1992), entre otras ventajas distintivas, lo avalan.

En Cuba, la metodología modelo animal BLUP se emplea hace ya varios años por investigadores (Cordoví, 1988; Menéndez et al 1997) del Centro de Investigaciones para el Mejoramiento Animal (CIMA), que la han aplicado en la evaluación de ganado vacuno fundamentalmente. Sin embargo, pese a existir condiciones propicias de organización del trabajo genético a través de la Empresa Nacional de Genética Porcina, con una estructura bien definida y un programa nacional de evaluación y selección, en cerdos solo se han realizado algunos trabajos aislados para la aplicación del BLUP a este programa (Guerra et al 1992).

En el Sexto Congreso Mundial de Genética, Benyshek (1998) resumía que la eficiencia en la producción de carnes será un objetivo primordial en el nuevo siglo y la clave del éxito estará dada por la introducción de las técnicas más actuales. En este sentido en el Instituto se desarrolla entre sus líneas de trabajo de primer orden, la aplicación de nuevos métodos de evaluación y selección dentro del programa nacional de mejoramiento genético porcino. Tomando como premisa la existencia de grandes volúmenes de información, registrada a través de más de 15 años de evaluación y selección en los centros genéticos del país, se desarrolló el presente trabajo con el objetivo principal de aplicar de manera consecuente la metodología de modelos mixtos (MMM) o modelo animal BLUP a la evaluación genética de un rebaño de cerdos CC21.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se emplearon como muestra los registros de pruebas de comportamiento en campo de un rebaño de cerdos CC21 cubanos del centro genético "El Jigue". El CC21 es una raza sintética desarrollada en Cuba (Santana et al 1993) para su uso como línea paterna terminal en el programa nacional de cruzamientos. La muestra estuvo constituida por 6 057 animales, de los cuales 5 768 eran cerdos con registros de pruebas de campo y 289 conformaban la población base del rebaño (es decir, animales que aparecían como padre o madre y no poseían registros individuales). A partir de los resultados de la estimación del valor genético de los mismos, se realizó la estimación de la tendencia genética del rebaño.

Los rasgos a incluir en el análisis son los que se emplean en el actual Índice de selección (Diéguez et al 1979) fueron el peso por edad (PPE) y el espesor de la grasa dorsal (EGD) corregido para 100 kg de peso vivo. El modelo lineal mixto empleado en el análisis fue el mismo para ambos caracteres:

$$Y_{ijk} = \mu + Y_i + E_j + YE_{ij} + S_k + Ef_{ijk} + A_{ijk} + e_{ijk}$$

Los coeficientes y variables del modelo aparecen especificados en la tabla 1.

Tabla 1. Descripción del modelo utilizado en el experimento

Componente	Expresión
Y_{ijk}	Observación de la variable dependiente (PPE o EGD)
μ	Media general
Y_i	Efecto fijo del año de nacimiento
$E_j =$	Efecto fijo de la época de nacimiento
YE_{ij}	Efecto fijo de la interacción año-época de nacimiento
S_k	Efecto fijo del sexo
E_{fijk}	Efecto de la edad final (variable regresiva)
A_{ijk}	Efecto aleatorio del individuo (valor genético de cada animal)
e_{ijk}	Efecto del error aleatorio

Los componentes de covarianza se estimaron mediante la Máxima Verosimilitud Restringida (REML, en inglés, de acuerdo con Patterson y Thompson 1971) que es el método indicado para la estimación de componentes de varianza en poblaciones sometidas a selección (Gianola et al 1986). Se empleó el programa AIREML (Johnson 1993), el cual se basa en algoritmos de primeras y segundas derivadas, en este caso el denominado matriz de información promedio.

La evaluación genética de los animales para los caracteres utilizados como criterios de selección, se realizó empleando la metodología modelo animal BLUP, con un análisis multivariado y empleando los parámetros genéticos obtenidos con anterioridad.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Parámetros genéticos

Los modelos estadísticos son solamente una aproximación de la situación real y descansan sobre un conjunto razonable de aspectos asumidos para su validez, en este caso, el modelo estadístico BLUP asume como conocidos los estimados de parámetros genéticos. El BLUP es hasta cierto punto tolerante con los errores en los estimados de varianza genética. Sin embargo, regularmente deben tenerse buenas estimas de los parámetros genéticos para dar estimaciones BLUP insesgadas o libres de sesgo (Caraballo 1998). Es por ello que resultó una etapa muy importante en el presente estudio la estimación lo más precisa posible de los parámetros genéticos de la población a la cual se realizara la evaluación.

Las medias obtenidas para los rasgos incluidos (tabla 2), indicaron la tendencia de los rasgos analizados de incrementos para el PPE y decrecimiento del EGD con respecto a anteriores análisis (Guerra et al 1992), lo cual se corresponde con los objetivos de la mejora genética que sobre la población se realiza desde hace más de 10 años.

Tabla 2. Medias y desviaciones obtenidas en los rasgos analizados

Rasgo	Media y EE
Peso por edad, g	423 ± 49
Espesor de la grasa dorsal, mm	13.2 ± 2.4

Las heredabilidades obtenidas se muestran en la tabla 3. Se puede observar cómo las mismas se ajustaron a los informadas en la literatura tanto nacional como mundial (Bampton y Curran 1976; Standal 1977; Kennedy et al 1985; Bereskin 1987; Guerra et al 1992; Bidanel y Ducos 1995; Rodríguez et al 1998; See 1998, entre otros). Por otro lado, puede observarse que el error fue suficientemente bajo lo que indica una buena precisión de estas estimaciones.

Tabla 3. Heredabilidades (diagonal principal), correlación genéticas (superior) y fenotípica (diagonal inferior) obtenidas

Rasgos	PPE	EGD
PPE, peso por edad	0.28 ± 0.03	- 0.07 ± 0.08
EGD, espesor de la grasa dorsal	- 0.11 ± 0.02	0.39 ± 0.03

El otro resultado esperado de la estimación de componentes de varianza fueron las correlaciones genéticas y fenotípicas entre los rasgos estudiados de la población (tabla 3). Las correlaciones obtenidas entre el PPE y el EGD, tanto las genéticas como las fenotípicas, resultaron ser bajas en todos los casos, como era de esperar, lo cual corrobora la inclusión de ambas en el programa de evaluación y la necesidad de mantenerlas. El signo negativo se ajusta a los resultados esperados de respuesta de la población después de varios años bajo un programa de mejora genética para estos rasgos.

Según plantean Vangen (1980) y Pérez et al (1981), en la literatura se informa generalmente una gran variación en este sentido. Históricamente, se informa esta correlación positiva (Hoftra y Minkema 1973; Walters et al 1977; Bereskin 1987); o negativa (Curran 1973; Rico y Menchaca 1985; Kennedy et al 1985). Por otro lado, Standal (1977) obtuvo correlaciones genéticas positivas y negativas según el ajuste que realizó sobre los datos o el método empleado. También Rodríguez et al (1998) halló estas diferencias, lo cual atribuyeron principalmente al tipo de análisis realizado, univariado o multivariado.

Estimación de valor genético

Como resultados de la evaluación realizada para la predicción del valor genético de los animales con metodología modelo animal BLUP, el AIREML ofrece 5 ficheros de salidas (output, en inglés), los cuales aparecen detallados en la tabla 4.

Tabla 4. Ficheros de salida para la predicción del valor genético de cerdos según BLUP

Componente	Expresión
CC21.out	Con los datos generales de la corrida efectuada incluyendo medias fenotípicas, estimas de parámetros genéticos, correlaciones genéticas y fenotípicas, entre otros resultados
CC21.sln	En este fichero se dan las estimaciones de valor genético de cada animal para cada uno de los rasgos analizados
CC21.var	Contiene una matriz de las estimaciones de parámetros de varianza
CC21.inb	información sobre la consanguinidad del rebaño
PRE.in	La estrategia de preparación de datos, que puede ser editado para posteriores estimaciones

Es importante señalar que el fichero de soluciones (CC21.sln), resulta el de mayor interés en este caso: el mismo es un fichero texto con una estructura que contiene los datos del animal, y de los valores genéticos estimados (vge) para PPE e igualmente para EGD. En el mismo, aparecen

evaluados todos los animales, incluyendo la población base (sin registros). Es importante aclarar, que los VGE son desviativos, es decir, son la diferencia del valor genético estimado del animal con respecto a la media de la población evaluada. Para más detalles ver un ejemplo del mismo en la tabla 5.

Tabla 5. Valores genéticos estimados (VGE) para los rasgos PPE y EGD de un grupo de cerdos

Animal	VGE (PPE)	VGE (EGD)
995100	51.091	-2.559
995102	47.272	-1.589
995104	44.185	-1.409
995105	21.641	-1.033
995106	28.406	-0.684
995107	17.959	-1.113
995108	27.044	-1.103
995109	39.771	-0.993
995110	23.758	0.503
995111	39.218	-1.464
995113	38.349	-1.302
995114	23.778	0.434
995115	37.504	-1.055
995117	32.435	-1.740
995118	39.977	-0.998
995119	47.758	-2.025
995120	28.329	-1.142
995122	21.172	-0.106
995125	47.345	-0.572
995129	41.590	-1.549
995131	57.486	-1.998
995133	19.295	0.540
995135	41.236	-0.433
995138	41.436	-1.012
995139	22.384	-0.611
995140	50.513	-0.707
995146	15.495	-0.188
995150	17.141	-0.604
995151	54.025	-1.134
995153	50.158	-1.004

Índice de selección

Este nuevo índice que se incluye en la metodología supera todas estas dificultades que presentaba el índice tradicional (León 1997), y que se emplea actualmente en los centros genéticos porcinos. El mismo se calcula a partir de los VGE para el PPE y el EGD, es decir que emplea una predicción del valor genético del animal para el rasgo, que fue calculado no sólo a partir de su comportamiento individual, sino también de la información de todos los parientes conocidos (Long et al 1991). Se construyó para ello un índice similar al actualmente empleado, pero en lugar de tomar la diferencia del valor fenotípico individual con la media de los contemporáneos para el rasgo, se toma el valor genético desviativo estimado. Luego el índice reajustado quedó de la siguiente manera:

$$IS_i = 100 + [(EVGx_i) P_x - (EVGy_i) P_y]$$

La descripción de este modelo se muestra en la tabla 6.

Tabla 6. Descripción del modelo reajustado propuesto

Componente	Expresión
IS_i	Índice de selección del i-ésimo animal
$EVGx_i$	Estimado de valor genético para el rasgo x del i-ésimo animal
Px	Peso económico asociado al rasgo x (PPE)
$EVGy_i$	Estimado de valor genético para el rasgo y del i-ésimo animal
Py	Peso económico asociado al rasgo y (EGD)

Hay que señalar que este índice de selección se comparó con el índice tradicional que se emplea en los centros genéticos porcinos del país (León et al 2003), y se evidenció la mayor exactitud y variabilidad del mismo, demostrando la importancia del trabajo con este índice de selección calculado a partir de los valores genéticos estimados de los animales. Además, es de utilidad práctica el hecho de poder evaluar y seleccionar los animales incluso cuando no se pueda contar con las mediciones fenotípicas de los rasgos por alguna dificultad, algo que resulta imposible con el índice tradicional.

La aplicación de la metodología de modelos mixtos (MMM) o modelo animal BLUP para la evaluación genética es perfectamente factible en las poblaciones genéticas cubanas de cerdos, como se ha demostrado en el presente trabajo, en aras de obtener mayores ganancias genéticas en estos rebaños, entre otros beneficios conocidos. Se cuenta con un gran volumen de información registrada a través de más de 20 años de selección en los centros genéticos, la cual es de vital importancia en este tipo de análisis, y existen las condiciones indispensables de organización de la actividad de evaluación y selección, personal y estructura centralizada del programa.

Se considera que es muy necesario el trabajar con una metodología de evaluación genética similar a la del presente estudio en cuanto al modelo definido para rasgos productivos en la evaluación de animales destinados a líneas paterno terminales, y estudiar la posibilidad de un modelo de repetitividad para rasgos reproductivos en la evaluación de los animales de interés como líneas maternas. Igualmente, se deben mejorar los métodos de estimación (emplear sistemas que den la precisión de las estimaciones) y trabajar en la construcción de un Índice de selección basado en valores económicos óptimos y reales.

REFERENCIAS

- Bampton, P.R. y Curran, M.K.. 1976. Genetic and phenotypic parameters estimated for individually feed recorded pigs measured "on farm". In: Proceedings of the British Society of Animal Production Meeting
- Bampton, P.R. 1992. Best lineal unbiased predictor for pigs-the commercial experience. Pig News and Information, 13:125-129
- Benysheck, L.L. 1998. Taking beef cattle breeding into 21st Century. In: Proceedings of the 6th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production, 23:43
- Bereskin, B. 1987. Genetic and phenotypic parameters for pig growth and body composition estimated by intraclass correlation and parent offspring regression. Journal of Animal Science, 64:1619-1625

- Bidanel, J. P. y Ducos, A. 1995. Variability and genetic trend of traits in Pietrain pigs recorded at performance test station. *Journée de la Recherche Porcine en France (Paris)*, 27:149-154 (en francés)
- Caraballo, M. J. 1998. Estima de componentes de varianza. In: VIII Curso Internacional sobre Mejora Genética Animal. Madrid, pp 47
- Cordoví, J. 1988. Programas para estimaciones BLUP: VALGEN 1 y VALGEN 2. Guía del usuario. Mimeo. pp 21
- Curran, M.K. 1973. On the farm performance testing of pigs in Britain. *World Research of Animal Production*, 9(4):58
- Diéguez, F.J., Trujillo, G., Rojas, P., Gómez, J. y Roque, R. 1979. Las pruebas de comportamiento en campo para la selección de cochinos y cochinas en los centros genéticos de Cuba. *Ciencia y Técnica en la Agricultura. Ganado Porcino*, 2(3):7-
- Gianola, D., Foulley, J.L. y Fernando, R.L. 1986. Prediction of breeding value when variance are not know. *Génétique, Sélection et Evolution*, 18:475-484
- Guerra, D., Diéguez, F.J., Santana, I., Gerardo, L. y Trujillo, G.. 1992. Parámetros genéticos y fenotípicos de una raza sintética paterna de cerdos. *Revista Cubana de Ciencia Agrícola*, 26:11-16
- Hofstra, B.V. y Minkema, D. 1973. Field testing of young breeding pigs. II. The accuracy of yield testing. *Journal of Genetics and Selection Animal*, 5:389-
- Johnson, D.L. 1993. AIREML. Livestock Improvement Corporation. Hamilton (New Zealand)
- Kennedy, B.W., Johansson, K. y Hudson, G.F. 1985. Heritabilities and genetic correlations for backfat and age at 90 kg in performance-tested pigs. *Journal of Animal Science*, 61:78-82
- León, E. 1997. El BLUP en la mejora genética del cerdo. Reseña bibliográfica. *Revista Computadorizada de Producción Porcina*, 4(1):1-17
- León, E., Guerra, D., Santana, I., Diéguez, F.J., Brache, F. y Hernández, S. 2003. Comparación de índices de selección calculados en una población de cerdos CC21. *Revista Computadorizada de Producción Porcina*, 11(1):94-100
- Long, T., Brandt, H. y Hammond, K. 1991. Application of best linear unbiased predictor to genetic evaluation in pigs. *Pig News and Information*, 12:217-219
- Menéndez, A., Rodríguez, M., Guerra, D., Planas, T. y Ramos, F. 1997. Resultados de la evaluación genética nacional de los animales de razas de carne. XI Forum de Ciencia y Técnica. CIMA. Loma de Tierra
- Patterson, H.D. y Thompson, R. 1971. Recovery of inter-block information when block size are unequal. *Biometrika*, 58:545-554
- Pérez, T., Diéguez, F.J., Menchaca, M. y Vachal, J. 1981. Estimación de parámetros genéticos en pruebas de comportamiento en campo en cerdos Duroc. *Ciencia y Técnica en la Agricultura, Ganado Porcino*, 4(4):23-31

Rodríguez, M.C., Silió, L., Toro, M.A., Gómez, J. y Simón, B. 1998. Tendencias y parámetros genéticos en dos núcleos de cerdos Landrace y Large white. In: Organización de Programas de Mejora en Porcino. VIII Curso Internacional sobre Mejora Genética Animal. Madrid, pp 80

Rico, C. y Menchaca, M. 1985. La prueba de comportamiento en campo de cerdos Duroc. Influencias ambientales y parámetros genéticos de los caracteres que integran el índice de selección. Revista Cubana de Ciencia Agrícola, 19:233-240

Santana, I., Trujillo, G., Diéguez, F.J. y Gerardo, L. 1993. Uso de verracos CC21 en el cruce terminal. Zootecnia de Cuba, 3(3):7-25

See, M.T. 1998. Heterogenicity of co(variance) among herds for backfat measurement of swine. Journal of Animal Science, 76:2568-2574

Standal, N. 1977. Studies on breeding and selection schemes in pigs. V. Phenotypic and genetic parameters estimated from "on-the-farm" test data. Acta Agriculturae Scandinavica, 27:13-

Vangen, O. 1980. Studies on a two traits selection experiment in pigs. V. Correlated responses in reproductive performance. Acta Agriculturae Scandinavica, 30:309-

Walters, J.R., Curran, M.K. y P.A. 1977. Genetic and phenotypic parameters in performance tested pigs. Animal Production, 25:225-

Webb, A.J. y Bampton, P.R. 1988. Impact of the new statistical technology on pig improvement. In: Animal Breeding Opportunity. British Society of Animal Production Occasional Publication, 12:111-128