ITEA (1996), Vol. 92A N.º 3, 173-176

APLICACIÓN E IMPLICACIONES DEL MODELO ANIMAL EN PORCINO

J. Estany
D. Babot
L. Alfonso
J.L. Noguera

Area de Producció Animal
Centre UdL-IRTA. 25198 Lleida

RESUMEN

Se presentan las implicaciones que la utilización del BLUP-modelo animal ha tenido en la mejora genética del porcino y se describen algunos aspectos prácticos relacionados con su aplicación en las poblaciones que participan en el sistema GTEP-S.

SUMMARY

Implications of using BLUP-animal model on pig breeding are presented. Some practical aspects associated with its application in the populations involved within the GTEP-S system are described.

A finales de los años ochenta las empresas de mejora porcina empezaron a considerar las ventajas de utilizar el BLUP-modelo animal como método de selección alternativo a los índices tradicionales en uso. Las implicaciones que en la práctica ha tenido la aplicación del BLUP en los programas de mejora porcina han sido tanto tácticas como estratégicas. Por una parte, ha supuesto una redefinición de los objetivos de selección, en los que se ha incluido la prolificidad, lo que a su vez ha llevado a una especialización de las líneas en maternas y paternas. Diversos estudios apuntan a que la ventaja económica de utilizar líneas especializadas en los esquemas de cruzamiento en lugar de líneas de aptitud general es de al menos un 10%; por otra parte, ha condicionado las estructuras de mejora y la propia selección dentro de línea. La posibilidad de comparar animales ubicados en diferentes ambientes ha conducido a que en la actualidad las evaluaciones genéticas se basen fundamentalmente en los datos tomados en granja, dado que así es posible ampliar la base de selección, que puede estar emplazada en varios núcleos. Además de incrementar la precisión de las evaluaciones, la aplicación del BLUP-modelo animal permite optimizar la relación coste-beneficio de la selección dentro de línea, como por ejemplo seleccionando previamente a los animales a controlar según el valor genético predicho a partir de su información genealógica o substituyendo a un reproductor del núcleo sólo cuando haya otro con mayor valor genético (selección secuencial). En relación a los índices tradicionales, la aplicación de la metodología BLUP incrementa en términos medios un 10% la respuesta esperada dentro de

línea, siendo más relevante conforme disminuye la heredabilidad del carácter. En contrapartida, la utilización del BLUP comporta un mayor aumento del nivel de consanguinidad de la población, lo que incrementa el riesgo para el programa a largo plazo. Por esta razón, en los últimos años se ha tendido a aumentar el tamaño de los núcleos y a acelerar la rotación de los machos. Al pasar de 200 a 400 hembras reproductoras la respuesta esperada en una línea materna aumenta del orden de un 10%.

Las expectativas teóricas que ha generado la aplicación del BLUP descansan en la práctica en cuatro supuestos: 1) disponer de una base de datos fiable y completa en cuanto a registros y genealogía; 2) disponer de modelos adecuados para describir los caracteres objeto de la selección; 3) disponer de la evaluaciones genéticas en el momento de la selección, lo que en porcino implica un sistema de procesado de los datos que sea rápido y continuo, en algunos casos semanal; y 4) mayor especialización de los técnicos y usuarios. Los dos últimos requerimientos no son en la actualidad problemáticos, pues existen paquetes estadísticos y sistemas de información lo suficientemente ágiles como para que el ganadero disponga de las evaluaciones genéticas de sus animales en 24 horas. Por otra parte, cada vez es más frecuente que las empresas cuenten con especialistas o asesores externos que conozcan las particularidades de la metodología.

En nuestro caso particular, desde 1990 el esquema de adquisición de datos y el flujo de la información necesario para realizar las evaluaciones genéticas se realiza a partir del sistema GTEP-S. Este sistema consiste fundamentalmente en un programa informático de uso en ordenador personal, una conexión telemática de intercambio de información, una base de datos central y un conjunto de programas específicos destinados a evaluar genéticamente a los animales. El programa GTEP-S, instalado en cada empresa, es el procedimiento mediante el cual el ganadero registra los datos necesarios para predecir el valor genético de los animales para los caracteres número de nacidos vivos, ganancia media diaria y espesor de tocino dorsal, los tres que actualmente sirven como criterio de selección. El resultado de la valoración genética, así como el índice que predice el objetivo de selección, se incorporan automáticamente a los ficheros de los cuales el ganadero obtiene los listados que necesita en granja. El cálculo de la evaluación genética lo puede hacer el propio ganadero, si dispone de los recursos informáticos y técnicos necesarios para hacerlo, o bien se efectúa de forma centralizada en el ordenador del Área de Producción Animal, para lo cual se ha diseñado un procedimiento de intercambio de información vía telemática. La evaluación genética del número de nacidos vivos se realiza mediante un modelo de repetibilidad y de forma independiente a los otros dos caracteres de producción, los cuales se analizan según un modelo bivariado.

La necesidad de utilizar bases de datos históricas, para la estimación de los parámetros genéticos y obtener predicciones del valor genético de los animales, ha comportado algunos problemas en cuanto a la modelización de los caracteres a analizar. En general se han enfatizado las propiedades del BLUP como método óptimo para integrar un número elevado de observaciones, en detrimento de los aspectos relativos a la propia calidad de las mismas, lo que puede ser particularmente problemático cuando se utilizan datos históricos obtenidos en condiciones de campo. A continuación se comentan algunos de los problemas asociados a la estructura de las bases de datos y de las poblaciones que, hoy por hoy,

limitan en la práctica el aprovechamiento de toda la potencialidad que ofrece la metodología del modelo mixto.

En cuanto a la estructura de las bases de datos que manejamos, algunos de los problemas detectados son los siguientes: 1) ausencia de genealogía conocida, que en algunos casos puede llegar hasta el 35% de los animales; 2) registros incompletos (o erróneos) de ciertas variables explicativas, como la edad al parto, la camada de cría o la cuadra de engorde; 3) dificultad en ajustar de forma insesgada el peso a edad constante, o viceversa, a partir de los registros disponibles, pues los mejores animales tienden a controlarse antes; 4) registro selectivo de los datos más antiguos, en el que sólo se conocen las producciones de las hembras más longevas, que se corresponden con las que estaban en activo en el momento de construirse las bases de datos; y 5) preselección de los animales controlados para los caracteres de producción. En la base de datos histórica los lechones controlados proceden sólo de entre un 13-63% de las camadas, controlándose entre 3-4 lechones por camada. Un problema adicional que complica la obtención de criterios de selección insesgados es la naturaleza abierta de nuestros núcleos, por lo general basada en la importación periódica de animales procedentes de orígenes distintos no conectados genéticamente. La estructura de datos que se genera es poco eficiente para estimar las diferencias genéticas que pudieran existir entre ellos, aún asumiendo un modelo de grupos aditivo.

La estructura de los datos condiciona la proposición de modelos más acordes con la realidad observada, pero que requieren diseños más informativos. Aunque se han ensayado para describir la prolificidad diversos modelos con efectos maternos o multicarácter, tratando en este último caso los registros de cada parto como un carácter distinto, éstos no han resultado ventajosos en relación al modelo de repetibilidad. En parte ello puede explicarse por la estructura de datos disponible. Lo mismo sucede cuando se trata de estimar la relación existente entre la prolificidad y los caracteres de producción o la posibilidad de considerar varianzas heterogéneas entre los registros de prolificidad de las hembras del núcleo y los de las multiplicadoras o, para los caracteres de producción, entre sexos o edades. Un elemento importante es el desconocimiento en nuestras poblaciones de las (co)varianzas entre los caracteres de producción controlados en granja y los incluidos en el objetivo de selección, como por ejemplo el índice de conversión o el porcentaje de magro en la canal, lo que hace que el índice utilizado para seleccionar a los animales no sea en rigor más que una ponderación de los caracteres controlados. Finalmente, indicar que todos los problemas mencionados en relación a la estructura de los datos y su modelización cuestionan seriamente la estimación de tendencias genéticas mediante el modelo mixto, que es lo que en último término per-

mite evaluar el resultado de un programa de selección.

Algunos de los problemas asociados con carencias de información pueden solucionarse simplemente con un registro de datos en granja más eficiente, para lo cual la implementación de un sistema de información estándar, como el sistema GTEP-S, resulta suficiente. Sin embargo, para otros, la solución pasa por diseñar experimentos concretos o cambiar el protocolo de controles en granja, lo que puede ser inviable económicamente. En cualquier caso, es importante notar que la aplicación del BLUP y el desarrollo paralelo de sistemas de información han tenido un impacto positivo en la mejora del porcino en España, en tanto en cuanto han tenido al menos un mejor conocimiento de nuestros recursos genéticos y la aplicación de criterios de selección más objetivos.