ITEA (2000), Vol. **96A N.° 1,** 77-89

# ANÁLISIS GENÉTICO DEL CRECIMIENTO EN MONTANERA DE CERDOS IBÉRICOS

**A. Fernández, L. Silió, M.C. Rodríguez**

Dep. de Mejora Genética y Biotecnología, SGIT-INIA, Madrid, España

RESUMEN

El crecimiento durante la montanera de 762 cerdos ibéricos ha sido analizado mediante funciones lineales de producción a partir de 2.663 registros de pesos. Se han comparado dos procedimientos de ajuste (previo o conjuntamente con el modelo de evaluación) de los parámetros de la función lineal: intercepto (peso a los 60 días de entrada en montanera), y pendiente (ganancia media diaria en el período de montanera). Aunque las estimas de estos parámetros obtenidas por ambos procedimientos están fuertemente correlacionadas, se ha confirmado en la estimación de la pendiente, la capacidad del ajuste conjunto para disminuir la influencia de los datos aberrantes. Para cada método de ajuste, se han utilizado dos modelos de evaluación distintos, sin y con inclusión de un efecto de ambiente común. La inclusión de este efecto supuso una reducción de la varianza aditiva y de la heredabilidad ($h^2$) del intercepto y de la pendiente. Los valores de $h^2 \approx 0{,}5$ indican la fácil modificación de ambos parámetros mediante selección. Finalmente, se ha estudiado la influencia del método de ajuste en la ordenación de las estimas de los valores mejorantes, que afecta principalmente a aquellos reproductores con información escasa y/o aberrante.

**Palabras claves:** Cerdo Ibérico, Funciones de producción, Análisis Bayesiano.

SUMMARY

GENETIC ANALYSIS OF GROWTH IN THE LATE FATTENING PERIOD OF IBERIAN PIGS

Growth during the late fattening period (*montanera*) of 762 Iberian pigs has been analyzed using linear production functions obtained from 2663 weight records. Two adjustment procedures of the linear function parameters (intercept, weight after 60 days of *montanera* and slope, daily gain during the *montanera*) have been compared, either previous or joint with the evaluation model effects. A strong correlation was observed between the estimates of these parameters obtained by the two procedures but the results confirmed the capacity of the joint ajustment to decrease the influence of outliers on slope estimates. For both adjustment methods, two different evaluation models have been used, with and without the inclusion of a common environmental effect. The inclusion of this effect reduced additive variance and heritability of intercept and slope. The $h^2$ values, close to 0.5, indicate the easy modification of both parameters by selection. Finally, the influence of the adjustment method on the ranking of estimated breeding values has been studied, which is mainly relevant for breeding animals with scarce or aberrant information.

**Key words:** Iberian pig, Production functions, Bayesian analysis.

## Introducción

La fase crítica del ciclo de producción en el cerdo ibérico corresponde al período final de engorde que, en el sistema tradicional de montanera, se basa en el aprovechamiento, entre Octubre y Marzo, de los recursos pastables de la dehesa: bellotas y hierba, principalmente. Este período tiene una influencia determinante sobre el valor económico de los animales, que resultan depreciados si a su término no han alcanzado el peso comercial de sacrificio, próximo a 160 kg, y deben ser por ello finalizados con pienso. Por esta razón, el crecimiento durante la montanera es uno de los caracteres incluidos en el objetivo de selección del esquema de mejora de la asociación de ganaderos, orientado a la mejora genética de las características productivas de la raza en condiciones de manejo extensivo (AECERIBER, 1998).

El número de cerdos ibéricos puros cebados en montanera está doblemente restringido por el número limitado de animales que puede soportar la superficie de dehesa de la Península Ibérica (LÓPEZ-BOTE, 1998) y por la preferencia de la mayor parte de los ganaderos por el engorde de animales cruzados generalmente con *Duroc* (ESPÁRRAGO y col., 1999). Existen otras causas que contribuyen a que la información disponible para la evaluación genética de caracteres productivos en cerdos ibéricos sea escasa. Entre otras, las dificultades que supone el manejo extensivo para el control genealógico, la identificación de los animales y el registro *in vivo* de medidas de cierta complejidad, así como la débil conexión entre ganaderías que se ve limitada al pequeño flujo de reproductores por la inexistencia de centros de inseminación artificial. Todo ello refuerza la necesidad del empleo de métodos que aumenten la eficacia de la evaluación genética a partir de un mejor aprovechamiento de la limitada información disponible.

Recientemente se han descrito técnicas Bayesianas (REKAYA, 1997; VARONA y col., 1997; REKAYA y col., 1998) para el análisis de funciones de producción $f(y|\theta)$ que permiten estimar conjuntamente los parámetros de la función ($\theta$), correspondientes a variables biológicas subyacentes y los parámetros $\phi$ que afectan a las relaciones genéticas y ambientales entre los anteriores. Para el análisis de estas funciones se utiliza comunmente un procedimiento subóptimo en dos fases: una previa, en la que se ajustan los parámetros ($\theta$) para cada uno de los individuos con registros y una segunda, en la que se realiza el análisis de $\theta$ y la evaluación genética de los animales. Frente a este enfoque, las nuevas técnicas permiten el análisis conjunto de toda la información, reducen la influencia de los datos aberrantes y permiten obtener las distribuciones marginales de cualquier carácter de interés predecible a partir de la función de producción.

El presente trabajo es una aplicación de estas técnicas a datos de crecimiento en montanera, registrados por la Asociación de Criadores de Cerdos Ibéricos (AECERIBER), asumiendo una función de crecimiento lineal con dos parámetros: intercepto y pendiente. El primero se define como el peso a los 60 días de entrada en montanera y el segundo, que mide la velocidad de crecimiento en este período, se corresponde con la ganancia media diaria en montanera que hasta ahora se viene incluyendo en el objetivo de selección (AECERIBER, 1998).

## Material y métodos

### Datos

En el presente estudio se ha utilizado un total de 2.663 registros de peso procedentes

de 762 cerdos ibéricos castrados nacidos en 10 ganaderías extremeñas. Los datos fueron obtenidos en el período de montanera a lo largo de seis campañas (1993/94 a 1998/99). De acuerdo con la fecha de sacrificio de los animales se han agrupado en 10 períodos de testaje, siendo 375 días la edad media de los animales al comienzo de la montanera y distribuyéndose las pesadas durante un máximo de 132 días, con un número desequilibrado de registros en los diferentes testajes e individuos. La información disponible para el análisis se muestra en el cuadro 1.

Se ha considerado un efecto ambiental, definido por la fecha común de nacimiento de varias camadas dentro de ganadería, que pretende reflejar el microambiente compartido por los lechones de la misma edad en las condiciones de cría extensiva de cada explotación. En el análisis de datos de crecimiento de cerdo intensivo suele contemplarse un efecto equivalente de ambiente común de camada que ha sido descartado, en este caso, debido al pequeño número de cerdos cebados por camada y a que es frecuente que los lechones se amamanten de varias cerdas lactantes. En cada campaña, a la edad de 3-4 meses los animales fueron trasladados a una finca común para su recría y ceba donde permanecieron en condiciones homogéneas de alimentación y manejo (AECERIBER, 1998).

## Modelos

### *Ajuste conjunto de los parámetros dentro del modelo*

Se ha aplicado el modelo propuesto por VARONA y col. (1997) para una función de crecimiento lineal. La función de producción que asumimos puede describirse:

$$f(\mathbf{y}|\theta) = f(\mathbf{y} \mid a, b, \sigma_t^2)$$

donde $a$ (intercepto) es el peso a los 60 días de entrada en montanera (kg) y $b$ (pendiente) la ganancia media diaria en el periodo de montanera (kg / día). El $j^{emo}$ peso del animal $i^{emo}$ registrado a los $x_{ij}$ días es consi-

Cuadro 1
Datos disponibles para el análisis
*Table 1*
*Available data for analysis*

| | |
|---|---|
| Ganaderías | 10 |
| Períodos de testaje | 10 |
| Niveles de ambiente común | 204 |
| Animales en genealogía | 1282 |
| Animales con datos | 762 |
| Con 2 pesadas | 166 |
| Con 3 pesadas | 203 |
| Con 4 pesadas | 318 |
| Con 6 pesadas | 75 |
| Media días de montanera (d.t.) | 103,4 (23,4) |

derado como una muestra de la distribución normal:

$$y_{ij} \mid a_i, b_i, \sigma_t^2 \sim N(a_i + b_i x_{ij}, \sigma_t^2)$$

donde $\sigma_t^2$ es el componente de varianza no explicado por la función lineal. Los parámetros de la función de producción (*a* y *b*) tienen causas de variación genéticas y ambientales, que en el análisis se han representado mediante los siguientes modelos estadísticos alternativos:

$$1)\ \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}_1\mathbf{u} + \mathbf{e} \quad 2)\ \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}_1\mathbf{u} + \mathbf{Z}_2\mathbf{c} + \mathbf{e}$$

Por tanto, $\phi$ puede contener efectos sistemáticos ($\beta$), de ambiente común (**c**) y aditivos (**u**) para cada animal y matrices de (co)varianzas aditivas, de ambiente común y residuales (**G, C** y **R**). Para el modelo más complejo:

$$f(\theta \mid \phi) = f(a, b, \sigma_t^2 \mid \beta, \mathbf{u}, \mathbf{c}, \mathbf{R}) =$$
$$= f(a, b \mid \beta_a, \beta_b, u_a, u_b, c_a, c_b, \mathbf{R})\, f(\sigma_t^2)$$

$$f(a, b \mid \beta_a, \beta_b, u_a, u_b, c_a, c_b, \mathbf{R}) \sim$$

$$N\begin{pmatrix} X\beta_a + Z_1 u_a + Z_2 c_a \\ X\beta_b + Z_1 u_b + Z_2 c_b \end{pmatrix}, R \otimes I\Big)$$

Se consideran distribuciones a priori planas $f(\beta)$, $f(\sigma_t^2)$, $f(\mathbf{C})$, $f(\mathbf{G})$, $f(\mathbf{R})$, y $f(\mathbf{u}\ \mathbf{G}) \sim N(0, \mathbf{A} \otimes \mathbf{G})$ y $f(\mathbf{c} \mid \mathbf{C}) \sim N(0, \mathbf{I} \otimes \mathbf{C})$.

La distribución posterior conjunta es:

$$f(a, b, \sigma_t^2, \beta, \mathbf{u}, \mathbf{c}, \mathbf{C}, \mathbf{G}, \mathbf{R} \mid \mathbf{y}) \propto$$

$$f(\mathbf{y} \mid a, b, \sigma_t^2)\, f(a, b \mid \beta, \mathbf{u}, \mathbf{c}, \mathbf{C}, \mathbf{G}, \mathbf{R})$$
$$f(\sigma_t^2)\, f(\mathbf{u} \mid \mathbf{G})\, f(\mathbf{c} \mid \mathbf{C})\, f(\mathbf{G})\, f(\mathbf{C}) f(\mathbf{R})\, f(\beta)$$

*Ajuste individual previo de los parámetros fuera del modelo*

En una primera etapa se calcularon por regresión lineal para cada uno de los individuos los parámetros de la función de producción (*a* y *b*). Dado que en todos los casos se disponía de al menos dos pesadas no fue necesaria la exclusión de ningún animal. En una etapa posterior, se llevó a cabo el análisis genético de estos parámetros y la evaluación genética de los animales utilizando los mismos modelos explicativos 1 y 2. Para ello, se empleó la metodología bayesiana propuesta por SORENSEN y col. (1994), extendida a modelos bivariantes por Varona y col. (1994) y a modelos con inclusión de un efecto de ambiente común por RODRÍGUEZ y col. (1996).

*Algoritmo de resolución*

Las distribuciones marginales posteriores de los parámetros de interés se obtuvieron en todas las situaciones analizadas (ajustes y modelos) mediante el algoritmo de muestreo de Gibbs.

Las distribuciones condicionales posteriores requeridas para el proceso de muestreo son Normales para *a*, *b*, $\beta_a$, $\beta_b$, $u_a$, $u_b$, $c_a$, $c_b$, Wishart invertidas para **G, C** y **R,** y chi-cuadrado invertidas para $\sigma_t^2$. Detalles acerca de estas distribuciones pueden encontrarse en VARONA y col. (1997) para el ajuste conjunto y en VARONA y col. (1994) y RODRÍGUEZ y col. (1996) para el ajuste previo fuera del modelo.

La longitud total del muestreo de Gibbs tanto para el análisis con ajuste individual previo como para el análisis conjunto dentro del modelo fue de 1.500.000 muestras, descartándose las 500.000 primeras (calentamiento) y guardando solamente una muestra de cada 100 iteraciones. El tamaño efectivo de las cadenas para los diferentes parámetros se encuentra comprendido entre 6.057 y 8.276 muestras independientes para

el primer método y 1.286 y 2.926 para el segundo.

## Resultados y discusión

La elección de una función lineal descriptiva del crecimiento en montanera de cerdos ibéricos puede justificarse de acuerdo a los datos presentados en la figura 1. En ella se ha representado la evolución del peso medio de los animales en función del número de días en montanera para cada uno de los ocho períodos de testaje en que se dispone de más de dos pesadas. Se ha elegido este criterio para la descripción del crecimiento por constituir el efecto sistemático de mayor influencia sobre los datos, ya que refleja la cantidad y calidad de los nutrientes disponibles en la correspondiente montanera así como el perfil climatológico de la misma. En los ocho periodos de testaje, una función lineal representa adecuadamente el crecimiento medio observado en los animales.

### *Parámetros de la función de producción: intercepto (a) y pendiente (b)*

Tanto el análisis con ajuste individual previo como el análisis conjunto dentro del modelo proporcionan para cada animal estimas de los parámetros de la función de crecimiento lineal: intercepto y pendiente.

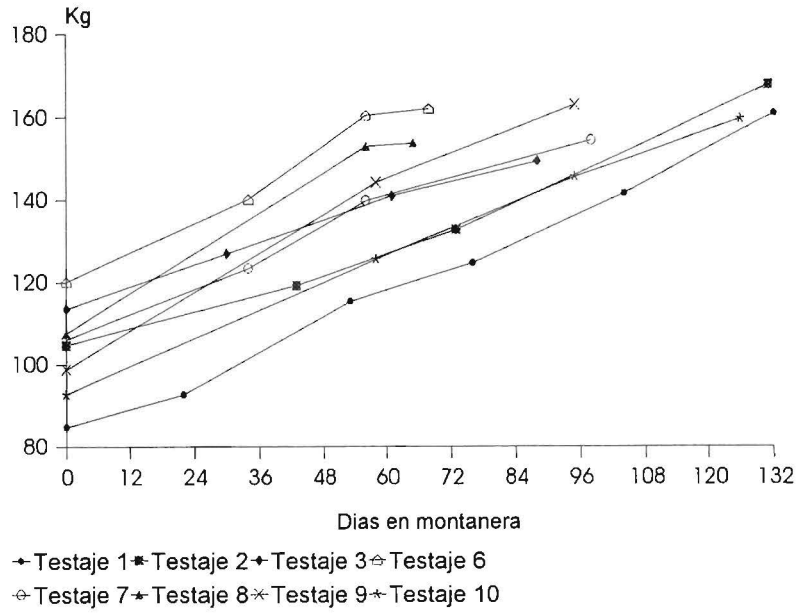



Figura 1. Peso medio de los animales en función del número de días en montanera en ocho periodos de testaje

*Figure 1. Mean weight of animals in relation to days in montanera for eight testing periods*

El atractivo del ajuste conjunto reside en que tiene en cuenta tanto la información obtenida para cada animal como la procedente de los parientes y de los animales cuyos datos están localizados en los mismos efectos sistemáticos (VARONA y col., 1997). Los valores del intercepto y pendiente de la función de crecimiento obtenidos mediante ambos procedimientos correspondientes al modelo con efecto de ambiente común se muestran en la figura 2.

Los resultados indican una alta correlación entre las estimas obtenidas por uno y otro procedimiento (0,997 y 0,949 para *a* y *b* respectivamente). Sin embargo, como se ha mencionado previamente, una de las principales ventajas del ajuste conjunto es que disminuye la influencia que los datos aberrantes, generados por errores de medida o por oscilaciones de origen fisiológico, tienen en la estimación de los parámetros de la función de producción y por tanto en la de los valores mejorantes (VARONA y col., 1997). Esto puede comprobarse al comparar el rango de variación entre las estimas de *b* (ganancia media diaria en la montanera) obtenidas por ambos métodos. Con el ajuste previo fuera del modelo, los valores de *b* oscilan entre 0,187 y 1,362 kg/día, mientras que con el ajuste conjunto se reduce al intervalo de 0,264 a 0,976 kg/día. En las estimas del intercepto *a* (peso a los 60 días de montanera), la influencia del método de ajuste es menor, como refleja el hecho de que todos los puntos se concentran a lo largo de la diagonal. El criterio elegido para la definición del intercepto, próximo al promedio del número de días de ceba, posibilita una estimación más precisa de este parámetro, siendo por ello menores las discrepancias entre métodos.

A modo de ejemplo, podemos fijarnos en las estimas para la pendiente obtenidas para los animales *MA31098* y *JS74172* para los que se dispone de tres registros de peso en cada uno de ellos. Con el método de ajuste previo fuera del modelo la ganancia media diaria fue de 1,36 kg/día (*MA31098*)

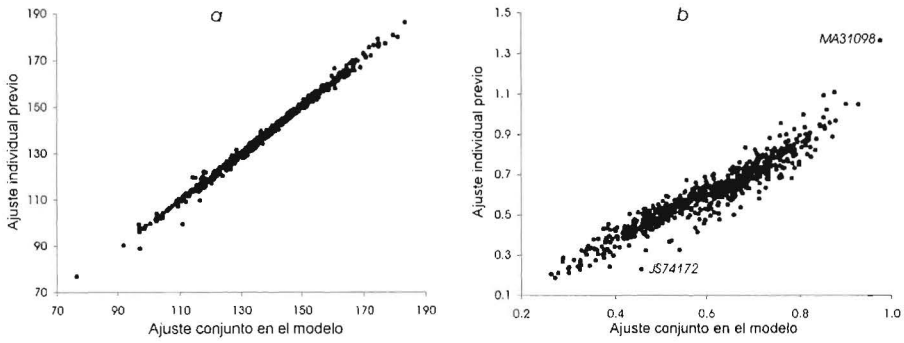



Figura 2. Relación entre los estimadores del intercepto (a) y pendiente (b) obtenidos por ambos métodos: ajuste previo fuera del modelo vs conjunto dentro del modelo

*Figure 2. Relation between the estimates of intercept (a) and slope (b) obtained by the two methods*

y 0,23 kg/día (*JS74172*) mientras que con el ajuste conjunto fueron de 0,97 y 0,46 kg/día, respectivamente (figura 2). El ajuste conjunto tiende a acercar estos valores a los de las medias de los animales que comparten sus mismos efectos fijos: 0,77 kg/día y 0,75 kg/día respectivamente. El examen de los correspondientes registros permite explicar la causa de estos valores aberrantes. En el caso del animal *MA31098*, que habría engordado 91 kg en sus últimos dos meses de vida, se trata de un claro error de pesada. Este tipo de error parece descartable en el otro animal cuyo bajo crecimiento habría de atribuirse a alguna patología no detectada durante la ceba. El ajuste conjunto resulta por tanto idóneo en ambos casos aunque, en general, podría limitar la selección de individuos con rendimientos excepcionales. El efecto del tipo de ajuste realizado sobre el conjunto de individuos identificados como de mayor mérito genético se discutirá mas adelante.

*Componentes de (co)varianza*

Las medias y desviaciones típicas posteriores de los componentes de varianza y correlaciones de los parámetros de la función de crecimiento estimados mediante ajuste previo se muestran en el cuadro 2. En él se incluyen los resultados correspondientes a los modelos explicativos con y sin el efecto del ambiente común compartido por los cerdos nacidos en una misma fecha en la misma ganadería.

Los valores de los coeficientes de ambiente común ($c^2$) son bajos tanto para el intercepto como para la pendiente, sin embargo, la inclusión del efecto en el modelo de evaluación supone una ligera reducción de la varianza aditiva en ambos casos. Esto se traduce en una paralela disminución de la heredabilidad, ya que la inclusión del ambiente común no modifica sustancialmente la varianza fenotípica, con valores respectivos de las medias posteriores de $\sigma_{pa}^2 = 109{,}7$ y $110{,}9$ kg$^2$ y de $\sigma_{pb}^2 = 0{,}013$ y $0{,}014$ (kg/día)$^2$ con ambos modelos. De acuerdo con los resultados relativos a la correlación genética y de ambiente común, no puede rechazarse la hipótesis $r_u = r_c = 0$.

Los resultados obtenidos para los mismos estadísticos con el procedimiento de ajuste conjunto, se muestran en el cuadro 3.

Las medias y desviaciones típicas de las distribuciones marginales posteriores de las varianzas residuales del modelo $\sigma_t^2$, sin y con inclusión del efecto de ambiente común en el modelo son similares: 27,35 kg$^2$ (1,04) y 26,64 kg$^2$ (1,09). Al igual que ocurría con el método anterior, la inclusión de este efecto reduce tanto la varianza aditiva como la heredabilidad de ambos parámetros, siendo la heredabilidad de la pendiente la mas afectada. Las estimas de heredabilidad de intercepto y pendiente difieren más por incluir en el modelo el efecto de ambiente común que por el método de ajuste empleado.

En todo caso, los valores de heredabilidad tanto del peso a los 60 días de entrada en montanera como de la ganancia media diaria son muy elevados ($h^2 \approx 0{,}5$). La información disponible hasta la fecha sobre parámetros genéticos para caracteres de crecimiento en poblaciones de cerdo ibérico se limita al periodo anterior a la montanera, que se desarrolla en condiciones de alimentación restringida. Estos trabajos indican que, a medida que los caracteres estudiados se alejan de la fecha de nacimiento del animal, el componente heredable es más importante. Así, GARCÍA-CASCO y BÉJAR (1993) obtuvieron estimas REML de la heredabilidad del peso a los 50 días, a los 4 y 8 meses, con valores respectivos

Cuadro 2
Estimas de componentes de (co)varianzas de los parámetros
(*a*= intercepto; *b*= pendiente) de la función LINEAL de crecimiento en montanera
calculados por ajuste individual previo
*Table 2*
*Estimates of (co)variances of parameters (a= intercept; b= slope) of linear function of growth in montanera calculated by individual previous fitting*

| | Modelo sin ambiente común | | Modelo con ambiente común | |
|---|---|---|---|---|
| Parámetro | Media | d.t. | Media | d.t. |
| Pesos a los 60 días de ceba (a) | | | | |
| $\sigma_{ua}^2$ | 56,644 | 13,699 | 52,878 | 14,030 |
| $\sigma_{ca}^2$ | – | – | 4,917 | 3,200 |
| $\sigma_{ea}^2$ | 52,983 | 10,150 | 53,121 | 10,128 |
| $h_a^2$ | 0,513 | 0,104 | 0,473 | 0,108 |
| $c_a^2$ | – | – | 0,044 | 0,028 |
| Crecimiento diario en ceba (b) | | | | |
| $\sigma_{ub}^2$ | 0,007 | 0,002 | 0,006 | 0,002 |
| $\sigma_{cb}^2$ | – | – | 0,0012 | 0,0005 |
| $\sigma_{eb}^2$ | 0,006 | 0,001 | 0,006 | 0,001 |
| $h_b^2$ | 0,525 | 0,092 | 0,457 | 0,095 |
| $c_b^2$ | – | – | 0,090 | 0,038 |
| Correlaciones | | | | |
| $r_u$ | -0,107 | 0,181 | -0,055 | 0,194 |
| $r_c$ | – | – | 0,016 | 0,098 |
| $r_e$ | 0,783 | 0,099 | 0,729 | 0,107 |

$\sigma_u^2$, $\sigma_c^2$, $\sigma_e^2$ = varianzas genética, del efecto de ambiente común y residual; $h^2$ = heredabilidad; $c^2$ = coeficiente de ambiente común; $r_u$, $r_c$, $r_e$ = correlaciones genética, del efecto de ambiente común y residual entre ambos parámetros.

0,10, 0,29 y 0,27 (errores entre 0,01 y 0,05). Con una metodología análoga a la empleada en este trabajo, RODRIGAÑEZ y col. (1999) estimaron valores de 0,35 para las heredabilidades del peso a los 120 días y de la ganancia media diaria entre 50 y 240 días de edad.

Los elevados valores del efecto de ambiente común de camada encontrados para los caracteres de peso por GARCÍA-CASCO y BÉJAR (1993), en las poblaciones experimentales de *El Dehesón del Encinar*: 0,27 (0,01) a los 50 días, 0,24 (0,02) a los 4 meses y 0,15 (0,03) a los 8 meses, les llevaron a sugerir la necesidad de incorporar este efecto en los modelos de análisis de caracteres de crecimiento. En ciertas situaciones puede ser aconsejable incluir en estos modelos un efecto de ambiente común alternativo que refleje las condiciones de ambiente y manejo compartidas por los animales nacidos en una misma fecha y ganadería. Por ejemplo, cuando existan siste-

Cuadro 3
Estimas de componentes de (co)varianzas de los parámetros (*a*= intercepto; *b*= pendiente) de la función lineal de crecimiento en montanera calculados por ajuste conjunto dentro del modelo
*Table 3*
*Estimates of (co)variances of parameters (a= intercept; b= slope) of linear function of growth in montanera calculated by joint fitting within the model*

| | Modelo sin ambiente común | | Modelo con ambiente común | |
|---|---|---|---|---|
| Parámetro | Media | d.t. | Media | d.t. |
| Pesos a los 60 días de ceba (a) | | | | |
| $\sigma_{ua}^2$ | 49,145 | 14,143 | 46,056 | 13,367 |
| $\sigma_{ca}^2$ | – | – | 4,157 | 3,741 |
| $\sigma_{ea}^2$ | 49,923 | 10,615 | 48,834 | 9,679 |
| $h_a^2$ | 0,492 | 0,119 | 0,459 | 0,117 |
| $c^{a2}$ | – | – | 0,048 | 0,037 |
| Crecimiento diario en ceba (b) | | | | |
| $\sigma_{ub}^2$ | 0,005 | 0,001 | 0,003 | 0,001 |
| $\sigma_{cb}^2$ | – | – | 0,0018 | 0,0006 |
| $\sigma_{eb}^2$ | 0,003 | 0,001 | 0,002 | 0,001 |
| $h_b^2$ | 0,617 | 0,094 | 0,453 | 0,105 |
| $c_b^2$ | – | – | 0,229 | 0,071 |
| Correlaciones | | | | |
| $r_u$ | 0,058 | 0,178 | 0,153 | 0,195 |
| $r_c$ | – | – | 0,015 | 0,099 |
| $r_e$ | 0,954 | 0,042 | 0,948 | 0,051 |

$\sigma_u^2$, $\sigma_c^2$, $\sigma_e^2$ = varianzas genética, del efecto de ambiente común y residual; $h^2$ = heredabilidad; $c^2$ = coeficiente de ambiente común; $r_u$, $r_c$, $r_e$ = correlaciones genética, del efecto de ambiente común y residual entre ambos parámetros.

mas de cría tipo camping en los que el efecto de ambiente de camada queda diluido y/o cuando la estimabilidad de este efecto está dificultada por el pequeño número de animales con registros por camada.

*Valores mejorantes*

Las medias posteriores de los valores genéticos obtenidos por ambos procedimientos para los 61 padres y 342 madres de los animales con datos se presentan en la figura 3. Estos valores, que corresponden al modelo con efecto de ambiente común, están altamente correlacionados y en el caso de la pendiente presentan una menor dispersión de los valores mejorantes estimados con el método de ajuste conjunto.

Se ha analizado el efecto que tiene el tipo de ajuste realizado sobre la ordenación de los reproductores por su mérito genético

para los dos parámetros de la función lineal de producción. Para cada reproductor se ha calculado el valor absoluto de la diferencia de rango en las ordenaciones obtenidas con cada uno de los métodos. En el cuadro 4 se presentan los principales estadísticos de la distribución de esta variable para intercepto y pendiente en los reproductores de ambos sexos. Los altos valores de las correlaciones de Spearman reflejan el pequeño número de cambios de posición en el orden genético de los reproductores atribuible al método de ajuste empleado. En general, los animales cuyo orden se modifica en mayor medida corresponden a los que tienen algún hijo con valores extremos o a los que poseen muy poca información, por ejemplo, el verraco *SR11060* con un solo hijo con dos pesadas.

Para un programa de mejora, los cambios en el orden del mérito genético son relevantes si coinciden con diferencias en la superioridad genética de los individuos seleccionados. Las listas de los 15 mejores padres para el peso a los 60 días de montanera obtenidas con los dos ajustes comparten un 87% de los animales. Este valor se eleva al 93% para el crecimiento diario. En el caso de las 60 mejores madres estos porcentajes pasan a ser del 90 % para el intercepto y del 79 % para la pendiente. En este

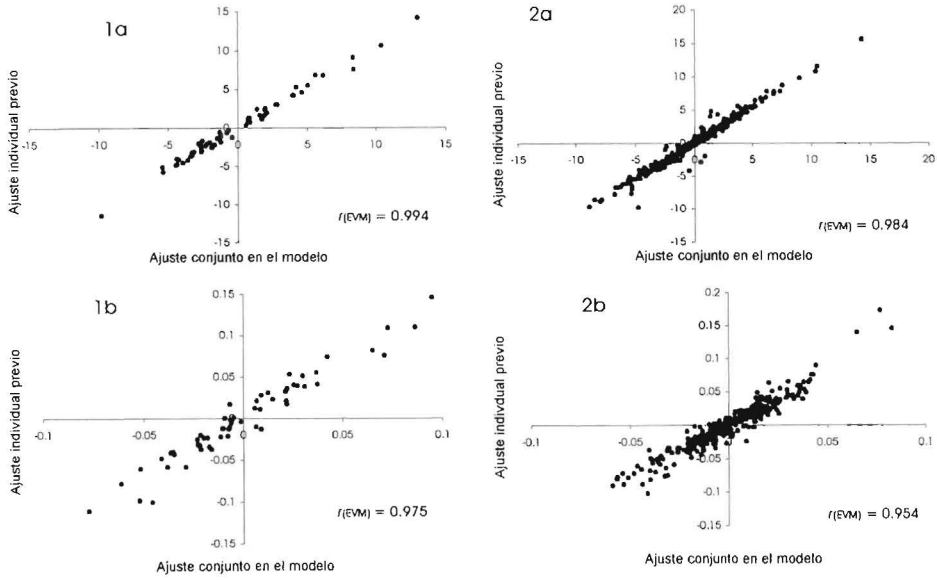



Figura 3. Relación entre las medias posteriores obtenidos por los dos métodos de los valores mejorantes para intercepto (*a*) y pendiente (*b*) de la función de crecimiento de los padres (1) y madres (2) de los animales cebados

*Figure 3. Relation between the posterior means of breeding values for intercept (a) and slope (b) of the growth function of the sires (1) and dams (2) of fattened pigs*

Cuadro 4
Principales estadísticos del cambio de ordenación por mérito genético debido al método empleado de análisis: ajuste previo fuera del modelo vs conjunto dentro del modelo ($Q^1$, $Q^2$, $Q^3$ = percentiles 25, 50, 75 = correlación de Spearman)

*Table 4*
*Principal statistics of the change in genetic ranking for breeding value under the two methods ($Q^1$, $Q^2$, $Q^3$ = percentiles 25, 50, 75= Spearman correlation)*

| | Media | Moda | $Q^1$ | $Q^2$ | $Q^3$ | Min., Máx. | ρ |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Intercepto | | | | | | | |
| Padres | 2,07 | 1 | 0,5 | 1 | 3,5 | 0, 8 | 0,986 |
| Madres | 10,11 | 4 | 3 | 6 | 12 | 0, 124 | 0,984 |
| Pendiente | | | | | | | |
| Padres | 2,75 | 1 | 1 | 2 | 4 | 0, 15 | 0,974 |
| Madres | 22,60 | N.U. | 6 | 16 | 30 | 0, 150 | 0,949 |

N.U.: No única.

último caso, en el que los cambios de ordenación son mayores, la diferencia en la media de los valores mejorantes, predichos por ajuste conjunto, de las cerdas seleccionadas por uno u otro método es solamente de 0,001 kg/día. Por tanto, el empleo de uno u otro método de ajuste no afecta de forma importante a los diferenciales que pudieran aplicarse a la selección para uno u otro carácter. A ello puede contribuir el que en este caso, los candidatos a la selección no posean datos propios dependiendo enteramente de la información familiar para su evaluación genética.

*Efectos de las ganaderías*

Las estimas de los efectos sistemáticos, en este caso ganaderías y periodos de testaje, para todos las situaciones analizadas han sido muy parecidas. En el cuadro 5 se muestran las medias y desviaciones estándar de las distribuciones posteriores de las ganaderías para el caso en que se incluye el efecto de ambiente común y el método de ajuste conjunto de los valores de los parámetros dentro del modelo.

Como puede observarse existen notables diferencias entre las ganaderías analizadas en cuanto a su crecimiento en montanera. Este hecho coincide con resultados de otros trabajos, tanto en estirpes tradicionales de cerdo ibérico (García-Casco y Silió, 1991), como en poblaciones actuales (Benito y col., 1998), en los que se ha encontrado una gran variabilidad genética para estos caracteres entre las distintas líneas de cerdos ibéricos. Solo algunas de las ganaderías analizadas en este trabajo se corresponden a líneas de características morfológicas y origen genético diferenciado, pero la mayoría procede de cruzamientos entre diversas

Cuadro 5
Media y desviación típica de las distribuciones posteriores de los efectos de las ganaderías sobre intercepto (*a*) y pendiente (*b*) calculados mediante un ajuste conjunto dentro del modelo de evaluación incluyendo el efecto de ambiente común
*Table 5*
*Mean and standard deviation of the posterior distribution of herds effects in intercept (a) and slope (b) obtained by joint fitting within the model including common effect*

| | *a*, kg | | *b*, kg/día | |
|---|---|---|---|---|
| Ganadería | Media | d.t. | Media | d.t. |
| 1 | 152,319 | 2,584 | 0,696 | 0,031 |
| 2 | 150,798 | 2,203 | 0,682 | 0,024 |
| 3 | 147,835 | 2,353 | 0,701 | 0,024 |
| 4 | 135,904 | 3,525 | 0,681 | 0,040 |
| 5 | 143,328 | 5,139 | 0,504 | 0,054 |
| 6 | 144,728 | 3,607 | 0,540 | 0,041 |
| 7 | 140,245 | 2,998 | 0,620 | 0,033 |
| 8 | 162,199 | 4,404 | 0,682 | 0,046 |
| 9 | 153,300 | 4,452 | 0,674 | 0,047 |
| 10 | 144,237 | 5,334 | 0,604 | 0,056 |

líneas de ibérico realizados a lo largo de la última década.

## Implicaciones

Los resultados obtenidos muestran la aplicabilidad del procedimiento bayesiano de análisis de funciones lineales de producción al estudio de caracteres de crecimiento en el cerdo Ibérico. Respecto al método de ajuste previo de los datos mediante regresión individual, las ventajas del nuevo método han sido de escasa entidad en el ejemplo analizado. Ello puede atribuirse a la inexistencia de animales con un solo registro y a la escasez de datos aberrantes en el ejemplo estudiado. Estas situaciones son esperables en la práctica por lo que se justificaría el uso del método propuesto por VARONA y col. (1997) de ajuste conjunto de los parámetros dentro del modelo de evaluación. El cálculo de los valores mejorantes con este método plantea dificultades similares a las del procedimiento bayesiano usado como referencia. Aunque requiere un muestreo más amplio para disponer del mismo número efectivo de muestras, es de hecho más simple ya que no precisa del tratamiento previo de los datos.

El mayor inconveniente para el empleo práctico de este método radica en que el objetivo de selección puede incluir además del crecimiento otros caracteres de rendimiento de piezas nobles o calidad de carne

para los que no se dispone de registros temporales y precisan de otros modelos explicativos. Si la correlación con el crecimiento de estos caracteres fuera significativamente distinta de cero sería aconsejable realizar conjuntamente la evaluación genética de todos ellos mediante técnicas convencionales. Solo si la correlación fuera baja estaría justificada la realización separada de ambos grupos de caracteres, realizándose el análisis de los registros de crecimiento mediante el método ensayado en este trabajo.

## Agradecimientos

Nuestra gratitud a AECERIBER por facilitarnos la información utilizada, a L. Varona (IRTA, Lleida) que nos cedió amablemente su programa fuente para este tipo de análisis y a uno de los evaluadores anónimos por sus valiosos comentarios.

## Bibliografía

AECERIBER, 1998. Propuesta de índices genéticos de selección para el Cerdo Ibérico. Solo cerdo Ibérico 1, 15-20.

BENITO J., VÁZQUEZ C., MENAYA C., FERRERA J.L., GARCÍA CASCO J.M., SILIÓ L., RODRIGAÑEZ J. y RODRÍGUEZ M.C., 1998. Evaluación de los parámetros productivos en distintas líneas de cerdo Ibérico. IV Sympôsio Internacional do Porco Mediterrânico, Evora.

ESPÁRRAGO F., CABEZA DE VACA F. y MOLINA M.R., 1999. Censos y precios de porcino ibérico 1986–1999. Solo cerdo Ibérico 2, 113-122.

GARCÍA-CASCO J.M. y BÉJAR F., 1993. Estimas de componentes de (co)varianza en caracteres de crecimiento en cerdos ibéricos mediante metodología REML. Investigación Agraria, Producción y Sanidad Animales 8(1), 25-32.

GARCÍA-CASCO J.M. y SILIÓ L., 1991. Heterosis en el crecimiento de cerdos ibéricos. ITEA 87A (2, 3), 218-226.

LÓPEZ-BOTE C.J., 1998. Sustained utilization of the Iberian pig breed. Meat Science 49,17-27.

REKAYA R., 1997. Análisis bayesiano de datos de producción en los días del control para la selección de caracteres lecheros. Tesis Doctoral, Universidad Politécnica de Madrid.

REKAYA R., CARABAÑO M.J. y TORO M.A., 1998. Use of test day yields for the genetic evaluation of production traits in Holstein-Friesian cattle. Livest. Prod. Sci. 57, 203-217.

RODRIGAÑEZ J., SILIÓ L., TORO M.A. y RODRÍGUEZ M.C., 1999. Efecto de la consanguinidad sobre los parámetros de la función de crecimiento lineal en cerdos Ibéricos. ITEA Vol. Extra 20(1), 261-263.

RODRÍGUEZ M.C., TORO M.A. y SILIÓ L., 1996. Selection on lean growth in a nucleus of Landrace pigs: an analysis using Gibbs sampling. Anim. Sci. 63, 243-253.

SORENSEN D., WANG C.S., JENSEN J. y GIANOLA D., 1994. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. Genet. Sel. Evol. 26, 333-360.

VARONA L., MORENO C., GARCÍA-CORTÉS L.A. y ALTARRIBA J., 1994. Estimación multicarácter de componentes de varianza y covarianza en vacuno lechero mediante muestreo de Gibbs. Rev. Portug. Zootec. 1, 185-195.

VARONA L., MORENO C., GARCÍA-CORTÉS L.A. y ALTARRIBA J., 1997. Multiple trait genetic analysis of underlying biological variables of production functions. Livest. Prod. Sci. 47, 201-209.

(Aceptado para publicación el 30 de septiembre de 1999)