

Reunión Nacional de Mejora Genética Animal

León, Spain, 14-15 June, 2018

**PREDICCIÓN DE LA RESPUESTA CORRELACIONADA EN ÍNCIDE DE
CONVERSIÓN USANDO MODELOS DE INTERACCIÓN SOCIAL: EVALUACIÓN
POR SIMULACIÓN EN CERDOS DUROC**

Herrera W.* y Sánchez J. P.

Genética y Mejora Animal, IRTA, Torre Marimon, Caldes de Montbui, 08140.

Barcelona, España.

*william.herrera@irta.cat

INTRODUCCIÓN

Cuando se crían animales en grupo las interacciones que unos ejercen sobre otros se han demostrado que pueden suponer un factor importante de variación para ciertos caracteres (Griffing, 19667; Muir, 2005; Bijma *et al.*, 2007). La no consideración de las mismas en las evaluaciones genéticas puede dar lugar a respuestas incluso en el sentido contrario al deseado. Los modelos que permiten considerar las interacciones entre los animales (Muir, 2005; Bijma *et al.*, 2007) son más complejos que los tradicionales modelos animales. Sin embargo, al ofrecer varias predicciones de valor genético, una que refleja el valor genético directo del propio individuo para el carácter (EGD) y otra que considera el efecto que un individuo ejerce sobre sus compañeros (EGI), en planteamientos multivariados puede dar lugar a situaciones de correlación genética entre caracteres alternativas a la única que se obtendría con el modelo animal. El objetivo de este estudio es comparar las respuestas directas en ganancia media diaria (GMD) y espesor de tocino dorsal (ETD), y la indirecta en índice de conversión de alimento (ICA), cuando se hace selección para incrementar la GMD y disminuir el ETD. Las evaluaciones genéticas para GMD y ETD se harán con un modelo animal o alternativamente con un modelo que incluya los efectos genéticos indirectos. En los distintos escenarios se evalúan diversas ponderaciones entre los caracteres y entre los efectos (EGDs y EGIs). Estos procesos de selección pretenden imitar un proceso de selección en el que, sin registrar el consumo, se pretende incrementar la eficiencia del crecimiento magro de los individuos.

MATERIAL Y MÉTODOS

En una primera parte del estudio se utilizan datos de una línea maternal (Duroc) de la empresa Batallé, este material se empleará para llevar a cabo la estimación de parámetros genéticos en los que se basarán las posteriores simulaciones. La línea se viene seleccionando desde los años 90s para reducir la grasa dorsal y aumentar la prolificidad (Tibau *et al.*, 1999). Se dispone de 1.144 registros de GMD, ETD a los 180 días de edad e ICA. Los datos se recogieron en las instalaciones experimentales del IRTA durante 11 años (2007-2018), distribuidos en 10 lotes y en un total de 97 corrales. El pedigrí asociado incluyó 5.077 registros. Los caracteres de consumo fueron obtenidos a partir de las bases de datos generadas por alimentadores electrónicos automatizados IVOG® (Insentec, Marknesse, The Netherland).

Análisis estadístico: Se emplearon dos modelos lineales multivariados para conjuntamente considerar GMD, ETD e ICA con los efectos sistemáticos de lote (10 niveles) y dos covariables: la edad final ($177,55 \pm 11,95$ días de edad) y el número de cerdos por corral ($12,03 \pm 1,52$ animales por corral). El modelo también incluyó el efecto de camada, el de corral y el efecto genético. La consideración del efecto

genético se hizo de dos formas diferentes, una atendiendo al modelo animal tradicional (MA) y otra considerando por un lado el EGD y por otro el EGI (MAS) que se asumieron correlacionados. Los parámetros de estos modelos se estimaron mediante un procedimiento bayesiano utilizando el programa gibbs2f90 de Misztal *et al.* (2002).

Simulación: Con los componentes de varianza estimados con ambos modelos, como las medias de las respectivas distribuciones marginales posteriores, se simularon datos para GMD, ETD e ICA, el modelo de simulación únicamente consideró como factor fijo la media del carácter (0,8 g/d, 18 mm y 2,8). La estructura de la población generada pretendía imitar un pequeño núcleo formado por 400 hembras y 20 machos, que se aparean entre sí bajo las reglas habituales de control de consanguinidad, *i.e.* evitar apareamientos entre individuos con abuelos en común. Los apareamientos se organizaron en cuatro lotes dentro de cada generación, haciéndose evaluaciones genéticas de los hijos con datos fenotípicos en los dos primeros lotes. En cada lote se disponía de aproximadamente 2.500 candidatos a la selección distribuidos en corrales de 8 animales. La selección se efectuó de manera diferente en machos y en hembras. Dentro de lote se escogieron a las mejores 200 hembras, los 20 machos seleccionados fueron los mejores dentro de familia de macho considerando ambos lotes. Este proceso de selección se llevó a cabo durante 5 generaciones. Las predicciones de los valores genéticos en cada generación fueron estimadas utilizando EM-REML. En los distintos escenarios el proceso de generación de datos se hizo tanto con los resultados de componentes de varianza obtenidos con el MA como con el MAS. Haciendo las evaluaciones en el primer caso sólo considerando el MA y en el segundo tanto con el MA como con el MAS. En el caso de las evaluaciones con el MAS los distintos escenarios son ponderaciones alternativas entre los dos caracteres y entre los efectos (EGD y EGI), para el caso de las evaluaciones con MA, obviamente, sólo se estudiaron ponderaciones alternativas de los caracteres. Los distintos pesos ensayados para los caracteres fueron, referidos a la GMD: 100%, 90%, 75%, 50%, 25%, 10% y 0% en cada escenario el peso del ETD sería el complemento a 100%. Los distintos pesos ensayados para los EGD cuando la evaluación se hace con el modelo MAS fueron los mismos que se acaban de indicar para la GMD, teniendo el EGI como peso el complemento a 100% (no todos los escenarios se muestran). En la evaluación genética la ecuación que finalmente permite obtener las predicciones del valor del índice de selección fue la siguiente:

$$\hat{I}_j = p_{GMD} * (p_d * \widehat{GMD}_{d_j} + p_i * 7 * \widehat{GMD}_{i_j}) + p_{ETD} * (p_d * \widehat{ETD}_{d_j} + p_i * 7 * \widehat{ETD}_{i_j})$$

Donde \widehat{GMD}_{d_j} , \widehat{GMD}_{i_j} , \widehat{ETD}_{d_j} y \widehat{ETD}_{i_j} , representan predicciones del valor genético para EGD (d) y EGI (i) para los dos caracteres en el individuo j . p_{GMD} y p_{ETD} son los pesos que reciben los distintos caracteres. p_d y p_i serían los pesos de los efectos. El 7 representaría el número de animales por corral menos uno, ya que el efecto genético indirecto del individuo j se ejerce sobre sus 7 compañeros de corral. Para cada uno de los escenarios indicados se realizaron 5 réplicas. Los distintos escenarios se evalúan estudiando para los distintos caracteres la regresión de las medias fenotípicas de cada generación sobre el número de generación, *i.e.* respuesta fenotípica, promediando entre las réplicas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las heredabilidades, las correlaciones genéticas y fenotípicas estimadas con el MA se muestran en la Tabla 1. A pesar de las relativamente elevadas heredabilidades de los caracteres, dadas las correlaciones genéticas que se estiman parece difícil visualizar un escenario de selección en el que simultáneamente se reduzca el ETD, se incremente la GMD y esto de lugar a una reducción del ICA. Esta configuración de correlaciones genéticas parece ser común a otras poblaciones (Cai *et al.*, 2008; Do *et*

al., 2013), de ahí que en los procesos de selección comerciales en los que no hay control del consumo, habitualmente solo se considera la reducción del ETD como criterio para –de manera indirecta– mejorar la eficiencia de los animales, aún a costa de una reducción del crecimiento. Al estudiar las respuestas con datos simulados con el MA y haciendo las evaluaciones genéticas también con el MA (Tabla 2), se observa que la única situación que permitiría conseguir el objetivo arriba indicado sería cuando ETD y GMD reciben el mismo peso, aunque la respuesta correlacionada que se obtendría en ICA sólo sería de 0,028 Kg/Kg por generación, que supone un 1% de la media de la población en la generación base (2,8). Si la simulación se hace con los parámetros del modelo MAS, el escenario que se da el mismo peso a ambos caracteres es el único que se consigue el objetivo deseado (incrementar GMD, y reducir ETD e ICA), pero ahora, si bien las reducciones son equivalentes a lo reportado en la tabla 2, el incremento de GMD por generación es mucho más pequeño (2,78 g/generación, resultados no mostrados). Un resumen de los resultados más relevantes obtenidos en el estudio de las respuestas al simular datos con el modelo MAS y posteriormente haciendo la evaluación genética con este mismo modelo se presenta en la Tabla 3. La única situación que llevaría a lo que pudiera ser una mejora de lo observado bajo el MA sería el caso en el que se da todo el peso al EGD, y ambos caracteres se ponderan de la misma manera. Esta situación llevaría a una mejora de ICA por generación de 0,035 Kg/Kg, que sería un 25% mayor que la obtenida cuando se utiliza el MA. En este caso las reducciones de ETD son equivalentes con ambos modelos (aprox. 1-1,2 mm/generación), pero la respuesta en GMD se reduce a la mitad con el MAS y los pesos indicados. Otro resultado relevante se ha observado cuando casi todo el peso se le da a la GMD, y EGD y EGI tienen el mismo peso o el primero lo tiene todo, en estos casos se pueden observar mejoras del ICA aún cuando el ETD se incrementa. Igualmente se debe señalar que en el escenario en el que se da el mismo peso a ambos caracteres y a ambos efectos (EGD y EGI), no se observa respuesta correlacionada en el ICA.

Todos estos resultados son consecuencia de que la estructura de correlación genética dentro y entre efectos genéticos directos e indirectos, es diferente a la que se observa para los valores genéticos del MA (Tabla 1). Las diferencias más relevantes se observan entre los EGD para el ICA y GMD, entre ICA y ETD, que ahora son algo más bajas (-0,03(0,22) y 0,33(0,19), respectivamente, resultados no mostrados). Además de esto, bajo el modelo MAS aparece una correlación muy alta entre el EGI de la GMD y el EGD del ICA, 0,70(0,25) (resultado no mostrado en tablas).

Como conclusión de nuestro trabajo podemos indicar que la consideración de modelos de interacción social en la evaluación genética de ETD y GMD, ponderando diferencialmente los efectos genéticos directo y los indirectos, se puede obtener una mayor respuesta en el ICA que la que se obtendría con evaluaciones considerando el MA tradicional. Nuestras conclusiones se basan en respuestas observadas en los propios caracteres y no en índices económicos, en futuros trabajos las respuestas se expresarán en unidades económicas de manera que sea más fácil la comparación entre escenarios. En cualquier caso, parece claro que, si se trabaja con modelos de evaluación genética que incluyen efectos genéticos indirectos, la derivación de los pesos económicos de los distintos componentes de los índices debiera diferenciar EGD de EGI para así optimizar el peso que se le da a cada uno de ellos en función de los parámetros genéticos que los controlan.

REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

•Bijma P. 2007. Genetics 175:227-288. •Cai W. 2008. J. Anim. Sci. 86:287–298. •Do D.N. 2013. J. Anim. Sci.91:4069 -4079. •Chen C.Y. 2009. J. Anim. Sci. 87:844-849. •Griffing, 1967. Aust. J. Biol. Sci. 10:127-139. •Miszta I. 2002. In: Proc 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France. P. 28-07. •Muir, 2005. Genetics 170:1247-1259, •Tibau J. VIII Jornadas Producción Animal, ed. AIDA, Zaragoza, Spain, 20:333-335.

AGRADECIMIENTOS: Se agradece la contribución del personal del CAP del IRTA y de la empresa Selección Batallé. Este trabajo ha sido financiado por los proyectos Feed-a-Gene (H2020) –ref. 633531– y RTA2014-00015-C2-01. Se han usado datos generados en el proyecto RTA2011-00064-00-00.

Tabla 1. Medias (desviaciones típicas) marginales posteriores de heredabilidades (diagonal), correlaciones genéticas (triangular superior) y fenotípicas (triangular inferior) obtenidas con el MA.

	GMD	ETD	ICA
GMD	0,197(0,079)	0,503(0,240)*	0,457(0,456)
ETD	0,587(0,025)*	0,372(0,102)	0,625(0,268)*
ICA	-0,039(0,037)	0,308(0,033)*	0,176(0,098)

*Probabilidad superior a 0.95 o inferior a 0.05 de que el valor sea mayor que cero.

Tabla 2. Respuestas predichas con datos simulados y evaluados con el MA. Medias (desviaciones típicas) de 5 réplicas.

W: GMD - ETD	0,9 - 0,1	0,75 - 0,25	0,5 - 0,5	0,25 - 0,75	0,1 - 0,9
GMD (g)	29,306(1,939)	29,099(0,798)	12,547(1,351)	-8,602(2,954)	-14,071(1,78)
ETD (mm)	0,801(0,409)	0,407(0,242)	-1,26(0,089)	-2,091(0,109)	-2,158(0,106)
ICA (kg/kg)	0,017(0,007)	0,011(0,014)	-0,028(0,007)	-0,048(0,006)	-0,049(0,003)

Tabla 3. Respuestas predichas con datos simulados y evaluados con el MAS. Medias (desviaciones típicas) de 5 réplicas.

W: GMD - ETD	0,1 - 0,9			
W: EGD - EGI	0,1 - 0,9	0,5 - 0,5	0,9 - 0,1	1 - 0
GMD (g)	-8,947(7,87)	-34,782(2,38)	-36,303(3,357)	-36,701(4,786)
ETD (mm)	-0,958(0,214)	-2,281(0,073)	-2,405(0,137)	-2,468(0,137)
ICA (kg/kg)	-0,03(0,003)	-0,031(0,017)	-0,019(0,009)	-0,03(0,015)
W: GMD - ETD	0,5 - 0,5			
W: EGD - EGI	0,1 - 0,9	0,5 - 0,5	0,9 - 0,1	1 - 0
GMD (g)	12,879(4,984)	11,231(1,991)	6,836(2,749)	6,196(0,777)
ETD (mm)	0,515(0,262)	-0,892(0,131)	-1,056(0,104)	-1,07(0,07)
ICA (kg/kg)	0,035(0,01)	-0,005(0,006)	-0,027(0,01)	-0,035(0,007)
W: GMD - ETD	0,9 - 0,1			
W: EGD - EGI	0,1 - 0,9	0,5 - 0,5	0,9 - 0,1	1 - 0
GMD (g)	48,848(2,113)	36,923(6,441)	35,609(2,008)	36,174(2,519)
ETD (mm)	1,999(0,192)	1,063(0,408)	0,772(0,207)	0,717(0,045)
ICA (kg/kg)	0,012(0,014)	-0,038(0,011)	-0,027(0,01)	-0,045(0,004)

PREDICTION OF CORRELATED SELECTION RESPONSE IN FEED CONVERSION RATIO USING SOCIAL ANIMAL MODEL: EVALUATION BY SIMULATION IN DUROC PIGS

ABSTRACT: Data on backfat thickness (BF), average daily weight gain (ADG) and feed conversion ratio (FCR) from 1,144 Duroc line pigs were recorded to estimate variance components using the classic animal model (AM) and the animal model fitting direct and indirect genetic effects (DGE and IGE) (SAM). Based on these estimated variance components different selection processes evaluating the animals considering BF and ADG were implemented, using AM and SAM. AM yielded a response on FCR of 0.028 kg/kg, when SAM was employed, all the weight was given to DGE and both BF and ADG had the same weight, the response on FCR increased to -0.035 kg/kg, with a similar reduction on BF, but a smaller response on ADG. In addition using SAM it is possible to observe response on FCR even having an increase on BF, when all the weight is posed on DGE of ADG. Our results confirm that the consideration of SAM for the genetic evaluation should also take into account that IGE and DGE might have different economic weights in order to optimize the response on the economic indexes to be defined.

Keywords: Duroc pigs, indirect genetic effects, selection response.