

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS DE LA MORTALIDAD INDIVIDUAL DEL LECHÓN AL PARTO

Ibáñez- Escriche, N., Varona, L., Quintanilla, R., Casellas, J., Noguera, J.L.
Genètica i Millora Animal, IRTA-Lleida, 25198 Lleida
Noelia.ibanez@irta.es

INTRODUCCIÓN

El tamaño de camada es un carácter económicamente importante en especies prolíficas como el cerdo (Tess *et al.*, 1983). Aunque es un carácter de heredabilidad baja, se ha observado respuesta a la selección (Bidanel *et al.*, 1994; Johnson *et al.*, 1999; Noguera *et al.*, 2002). Sin embargo, la selección por tamaño de camada produce un incremento en la mortalidad de los lechones al parto (Johnson *et al.*, 1999). La mortalidad de los lechones al parto ha sido estudiada como carácter continuo o umbral, siendo generalmente considerada como un carácter propio de la cerda (Roehe and Kalm, 2000; Gradinson *et al.*, 2002, Arango *et al.*, 2005). En escasas ocasiones, la mortalidad al parto ha sido modelizada como un carácter propio del lechón, teniendo en cuenta los efectos maternos (Mesa *et al.*, 2006). El objetivo principal de este trabajo es estimar los componentes de varianza para mortalidad individual del lechón al parto (o supervivencia al parto) en una línea de la raza *Large White* utilizando un modelo umbral con efectos maternos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Animales

Los datos de los animales provienen de un núcleo de selección adherido al banco de datos de referencia del porcino español (BDporc). Pertenecen a una línea de raza *Large White*, seleccionada por tamaño de camada. Para el análisis estadístico se utilizaron 60.170 datos, correspondientes a los lechones nacidos durante el período 1999-2006.

Carácter

El carácter analizado es la mortalidad del lechón al parto, siendo este dato tomado durante las 12 primeras horas después del parto. La mortalidad del lechón al parto se consideró como un carácter binario del lechón, y se ha codificado como 1 si el lechón estaba vivo y 0 si el lechón estaba muerto, durante esas 12 primeras horas

Análisis estadístico

La densidad de probabilidad de los datos, dados los parámetros de localización y dispersión asociados a la variable subyacente y los umbrales, viene dada por la siguiente expresión

$$p(y|T) = \prod_{i=1}^n 1(T_i < 0)1(y_i = 0) + 1(T_i > 0)1(y_i = 1)$$

donde y_i ($i=1,2,\dots,n$) es la i -ésima observación fenotípica (0, 1), T_i es la subyacente.

El análisis se realizó usando métodos bayesianos, y se asumió el siguiente modelo para la variable subyacente T :

$$T = Xb + Z_d a_d + Z_m a_m + W_c p_c + e$$

donde b es el vector de efectos sistemáticos, orden de parto (5 niveles) y año-estación (31 niveles), a_d y a_m son los vectores de efectos genéticos aditivos directos (61.130 niveles) y maternos (1.082 niveles), respectivamente. El vector p_c es el efecto permanente camada (4.553 niveles), y X , Z_d , Z_m , W_c , son las matrices de incidencias conocidas relacionadas con los efectos sistemáticos y aleatorios.

La distribución *a priori* asumida para a_d y a_m fue:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{a}_d \\ \mathbf{a}_m \end{pmatrix} | \mathbf{G} \sim N \left(\begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}, \mathbf{G} \otimes \mathbf{A} \right) \quad \mathbf{G} = \begin{bmatrix} \sigma_{ad}^2 & \sigma_{ad,m} \\ \sigma_{ad,m} & \sigma_{am}^2 \end{bmatrix}$$

Donde \mathbf{A} es la matriz de relaciones genéticas aditivas, \mathbf{G} es la matriz de varianzas covarianzas genéticas. La distribución *a priori* asumida para p_c fue: $(p_c | \sigma_{p_c}^2) \sim N(0, I_c \sigma_{p_c}^2)$.

Las distribuciones *a priori* para \mathbf{b} , \mathbf{G} y $\sigma_{p_c}^2$ fueron distribuciones uniformes acotadas y la varianza residual se fijó en 1.

Las distribuciones marginales posteriores de los parámetros desconocidos se estimaron usando *Gibbs sampling* con aumento de datos para la variable subyacente. Después de varios análisis exploratorios se utilizó una cadena 100.000 iteraciones, con un periodo de “quemado” de 3.000 iteraciones. Se tomó una muestra cada 10 iteraciones, para evitar la alta correlación entre muestras consecutivas. La convergencia se comprobó para cada cadena separadamente usando el criterio de Geweke (Geweke, 1992).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los parámetros de las distribuciones marginales posteriores estimadas de las varianzas, la correlación genética y las heredabilidades se presentan en las Tablas 1 y 2. Las distribuciones marginales posteriores tuvieron un error de Monte Carlo pequeño y el test de Geweke no detectó falta de convergencia (no mostrado en las Tablas). Como se puede observar en las Tablas 1 y 2, las medias posteriores de la varianza genética aditiva directa, aditiva materna y ambiental materna fueron bajas, presentando la varianza genética aditiva directa una media posterior sensiblemente menor (0.02). El intervalo mínimo de máxima densidad posterior (HPD) al 95% para la correlación entre directos y maternos incluyó el cero y su media posterior fue positiva y baja. Esta correlación no concuerda con la obtenida por Mesa et al. (2006) (-1.00 (0.16)), donde la base de datos analizada contenía 2.236 animales. Las heredabilidades para mortalidad fueron bajas y cercanas a cero. Estas heredabilidades son mas bajas que las proporcionada por Mesa et al. (2006) (0.16 (0.12), 0.14 (0.08)), no obstante es difícil comparar ambos resultados dado el error de la estima proporcionada por Mesa et al. (2006).

Los resultados de este trabajo muestran que la variación individual para la mortalidad al parto es muy baja, lo que dificulta la posibilidad de seleccionar este carácter para reducir la mortalidad al parto. Sin embargo, estos resultados podrían estar sesgados debido al efecto de la selección por tamaño de camada, por lo que sería conveniente incluir un modelo recursivo con tamaño de camada (Gianola y Sorensen, 2004). Además, sería interesante ampliar este estudio para el carácter mortalidad hasta el destete, teniendo en cuenta el efecto adopción (Arango et al., 2006). Otra posible extensión sería el análisis de la mortalidad utilizando modelos de competencia (Muir, 2005).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Arango, J., Misztal, I., Tsuruta, S., Culbertson, M., Herring, W. 2005. Threshold-linear estimation of genetic parameters for farrowing mortality, litter size, and test performance of Large White sows. *Journal of Animal Science*. 83:499-506.
- Arango, J., Misztal, I., Tsuruta, S., Culbertson, M., Holl, J. W. 2006. Genetic study of individual preweaning and birth weight in Large White piglets using threshold-linear models. *Livestock Science*. 101:208-218
- Bidanel, J.P, Gruand, J., Legault, C. 1994. An overview of twenty years of selection for litter size in pigs using “hyperprolific” schemes. Pages 512-515 in proceedings 5th World Congress. on Genetic. Applied Livestock. Production, Armidale, Australia.
- Geweke J. 1992. Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments (with discussion). Pages 169-193 in *Bayesian Statistics 4*, J.M. Bernardo, J. O. Berger, A. P. Dawid, and A. F. M. Smith, ed. Oxford University Press, Oxford, GB.
- Gianola, D., Sorensen D. 2004. *Quantitative Genetic Models for Describing Simultaneous and*

Recursive Relationships Between Phenotypes. *Genetics*, Vol. 167, 1407-1424. • Gradinson, K., Lund, M.S., Rydhmer, L., Strandberg, E. 2002. Genetic parameters for the piglet mortality trait crushing, stillbirth and total mortality, and their relation to birth weight. *Acta Agriculturae Scandinavica Section A. Animal Science*. 52:167-173. • Johnson, R.K., Nielsen, M.K., Casey, D.S. 1999. Responses in ovulation rate, embryonal survival, and litter traits in swine to 14 generations of selection to increase litter size. *Journal of Animal Science*. 77:541-557. • Knol, E.F., Ducro, B.J., van Arendonk, J.A.M., van der Lende, T. 2002. Direct, maternal and nurse sow genetic effects on farrowing-, pre-weaning- and total piglet survival. *Livestock Production Science*. 73:153-164. • Mesa, H., Safranski, T.J., Cammack, K.M, Weaber, R.L., Lamberson, W.R. 2006. Genetic and phenotypic relationships of farrowing and weaning survival to birth and placental weights in pigs. *Journal of Animal Science*. 84:32-40. • Muir, W. M. 2005. Incorporation of Competitive Effects in Forest Tree or Animal Breeding Programs. *Genetics*. 170: 1247-1259. • Noguera, J.L., Varona, L., Babot, D., Estany, J. 2002. Multivariate analysis of litter size for multiple parities with production traits in pigs: II. Response to selection for litter size and correlated response to production traits *Journal of Animal Science*. 80: 2548-2555. • Roehe, R., Kalm, E. 2000. Estimation of genetic and environmental risk factors association with pre-weaning mortality in piglets using generalized linear mixed models. *Animal Science*. 70, 227-240. • Tess, M.W., Bennett, G.L., Dickerson, G.E. 1983. Simulation of genetic changes in life cycle efficiency of pork production: II. Effects of components of efficiency. *Journal of Animal Science*. 56:354-368.

Tabla 1. Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las varianzas y la correlación genética de la mortalidad del lechón al parto.

| | σ_{ad}^2 | σ_{am}^2 | σ_{pm}^2 | r_{dm} |
|-------------|-----------------|-----------------|-----------------|-------------|
| Media (dep) | 0.02 (0.01) | 0.06(0.01) | 0.15 (0.01) | 0.15 (0.13) |
| IMD95% | 0.01, 0.04 | 0.05, 0.08 | 0.13, 0.17 | -0.11, 0.38 |
| MCse | 0.000099 | 0.000024 | 0.000062 | 0.000015 |

dep: desviación estándar posterior, IMD: Intervalo de máxima densidad al 95%, MCse: error estándar de Monte Carlo. r_{dm} : correlación genética entre los efectos genéticos directos y maternos.

Tabla 2. Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las heredabilidades y la proporción de la varianza ambiental materna.

| | h_d^2 | h_m^2 | p_m^2 |
|-------------|-------------|-------------|-------------|
| Media (dep) | 0.02 (0.02) | 0.05 (0.01) | 0.12 (0.01) |
| IMD95% | 0.01, 0.04 | 0.04, 0.08 | 0.11, 0.13 |
| MCse | 0.000034 | 0.000073 | 0.000065 |

dep: desviación estándar posterior, IMD: Intervalo de máxima densidad al 95%, MCse: error estándar de Monte Carlo. h_d^2, h_m^2 : heredabilidad genética directa y materna, respectivamente, p_m^2 : proporción de la varianza fenotípica dada por el ambiente materno.