

ANÁLISIS DE LA MORTALIDAD DE LOS LECHONES MEDIANTE UN MODELO BINOMIAL RECURSIVO EN UN CRUCE DIALELICO ENTRE ESTIRPES DEL CERDO IBÉRICO

Varona¹, L., Ibañez-Escriche^{2,3}, N., Magallón⁴, E. y Noguera², J. L.

¹Unidad de Genética Cuantitativa y Mejora Animal. Universidad de Zaragoza. Instituto Agroalimentario de Aragón (IA2). 50013. Zaragoza. ²IRTA, Genètica i Millora Animal, Lleida. ³The Roslin Institute, Edinburgh University, UK. ⁴INGA FOOD S.A. C/ Baleares SN, Zaragoza. lvarona@unizar.es

INTRODUCCIÓN

La mortalidad de los lechones es un carácter muy importante en producción porcina desde las perspectivas de producción y bienestar animal. Sin embargo, su modelización estadística presenta dificultades a causa de su carácter categórico y alejado de la distribución normal. En este sentido, Varona y Sorensen (2010) estudiaron el grado de ajuste de varias distribuciones (*Poisson*, Binomial y Binomial Negativa), tanto en sus versiones habituales como en su versión de cero inflado. El resultado de este trabajo fue que el modelo más apropiado resultó ser la distribución binomial, que modeliza la probabilidad de supervivencia a partir de una aproximación *logit*.

Sin embargo, una limitación para la aplicación de este tipo de modelos surge de la dificultad para modelizar relaciones entre caracteres y, en el caso de la mortalidad, es esperable la relación con el carácter tamaño de camada. En este sentido, Varona y Sorensen (2014) propusieron la utilización de modelos recursivos (Gianola y Sorensen, 2004; Varona et al., 2007), tanto lineales como no lineales.

En este trabajo se pretende utilizar este modelo binomial recursivo para obtener estimadores de los efectos directos y maternos de cada estirpe, en un cruce dialélico completo entre tres estirpes de cerdo Ibérico, así como el efecto de la heterosis entre ellas, a partir del modelo de Dickerson (1969) integrado dentro de un modelo binomial recursivo.

MATERIAL Y MÉTODOS

Animales y diseño experimental: Los datos utilizados en este estudio se han generado en un cruce dialélico entre tres estirpes comerciales de cerdo ibérico, reconocidas en el libro genealógico (AECERIBER): Entrepelado (EE), Retinto (RR) y Torbiscal (TT) y por sus cruces recíprocos. Los datos se obtuvieron durante el periodo 2009-2015. Se han analizado datos de mortalidad y tamaño de camada de 10,936 camadas distribuidas el siguiente modo: EE (1164 camadas correspondientes a 365 madres, ER (674 de 247), ET (526 de 172), RE (255 de 86), RR (2971 de 645), RT (1597 de 402), TE (96 de 34), TR (1537 de 359) y TT (2116 de 448). La media del tamaño de camada fue de $8,16 \pm 2,3$ y la del número de lechones muertos de $0,31 \pm 0,82$.

Análisis estadístico: La distribución condicional del número de lechones muertos sigue la siguiente función:

$$f(\mathbf{y}|\mathbf{t}, \phi) = \prod_{i=1}^N \binom{t_i}{y_i} \phi_i^{y_i} (1 - \phi_i)^{t_i - y_i}$$

donde \mathbf{y} es el vector de datos, \mathbf{t} es el vector de datos de tamaño de camada y ϕ es el vector del *logit* de la probabilidad de nacer muerto. Además, se asumen los siguientes modelos lineales:

$$\log it \phi = \mathbf{Xb}_l + \mathbf{Zu}_l + \mathbf{Zp}_l + \lambda_1 \mathbf{t} + \lambda_2 \mathbf{t}^2$$
$$\mathbf{t} = \mathbf{Xb}_t + \mathbf{Zu}_t + \mathbf{Zp}_t + \mathbf{e}$$

donde \mathbf{b} son los efectos sistemáticos (población, orden de parto, rebaño-año-estación y tipo genético del padre) para el *logit* de mortalidad (l) y el tamaño de camada (t), \mathbf{u} son los efectos genéticos aditivos, \mathbf{p} son los efectos permanentes de camada, y λ_1 y λ_2 son los parámetros de recursividad. Se asumieron distribuciones *a priori* normales multivariantes para los efectos genéticos aditivos y permanentes, y uniformes para los

efectos sistemáticos, componentes de varianza y parámetros de recursividad. El modelo se implementó mediante muestreo de *Gibbs*, con un paso metrópolis-*Hastings* para el *logit* de la probabilidad. Se utilizó una única cadena de 250.000 iteraciones después de descartar las primeras 50.000.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se presentan las medias y desviaciones típicas de los componentes de la varianza, de las correlaciones genéticas, y entre efectos permanentes. En ella, se muestra que existe variación genética tanto para la mortalidad (0,246) como para el tamaño de camada (0,433). Es relevante que tanto la correlación genética como la correlación entre efectos permanentes sean negativas, pero debe tenerse en cuenta que el carácter mortalidad está condicionado al tamaño de camada a partir de la función recursiva que se presenta en la Figura 1. En ella se puede observar como la mortalidad permanece constante hasta aproximadamente 10 lechones y se incrementa de manera exponencial a partir de ese valor. Este resultado es similar al obtenido por Varona y Sorensen (2014) para poblaciones Landrace y Yorkshire, aunque en estas poblaciones el incremento de mortalidad tuvo lugar a partir de valores más elevados de tamaño de camada. Una posible interpretación es que, dada la base genética del cerdo ibérico y en las condiciones de producción de las poblaciones, el límite de tamaño de camada razonable para que no se incremente la mortalidad se situaría entre los 10 y 11 lechones por camada.

En la Tabla 2 se presentan los resultados de los efectos directos y maternos asociados a las estirpes para tamaño de camada y mortalidad. Los resultados de tamaño de camada son similares a los obtenidos en el trabajo de Noguera et al. (2016), aunque el modelo de análisis incluyó componentes de varianza específicos por población. Respecto a la mortalidad, es destacable el efecto directo de la línea EE, que implica un número menor de nacidos muertos, y que los efectos de los tres componentes de heterosis son beneficiosos y ocasionan una reducción en la cantidad de nacidos muertos. Si se observan los resultados de la Figura 2, la población con mejores resultados de mortalidad es la EE pura, mientras que las otras dos poblaciones en pureza (RR y TT) dan lugar a los peores resultados. Por otra parte, los resultados de todas las poblaciones cruzadas son similares y con valores cercanos a los de la población EE en pureza.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Dickerson, G. E. 1969. Anim. Breed. Abstract 37:191-202
- Gianola, D. & Sorensen, D. 2004. Genetics 167: 1407-1424.
- Noguera, J.L. et al. 2016. En: Reunión Nacional sobre Mejora Genética Animal.
- Varona, L. & Sorensen, D. 2010. Genetics 184: 277-284.
- Varona, L. & Sorensen, D. 2014. Genetics 196: 643-651.
- Varona, L. et al., 2007. Genetics 177:1791-1799.

Agradecimientos: Financiado parcialmente por CDTI (IDI-20140447) y MINECO (CGL2016-80155-R). Los autores expresan su agradecimiento a la empresa Inga Food S. A. y a sus veterinarios participantes en el experimento: M. Ramos, M.J. García, L. Muñoz, P. Díaz y J. P. Rosas (IRTA)

Tabla 1. Media y desviaciones típicas de los componentes de varianza aditivos (VA_i y VA_m), permanentes (VP_i y VP_m) y las correlaciones entre ellos (r_a y r_p).

	VA_i	VA_m	r_a	VP_i	VP_m	r_p	VE
Media	0,246	0,433	-0,222	0,752	0,355	-0,252	4,223
DT	0,061	0,078	0,175	0,076	0,065	0,100	0,066

Tabla 2. Medias y desviaciones típicas posteriores de los efectos directos (L_E , L_R y L_T) y maternos (M_E , M_R y M_T) de las estirpes y de los efectos de heterosis (H_{ER} , H_{ET} , H_{RT}) para tamaño de camada y el logit de la probabilidad de nacer muerto.

	L_E	L_T	L_R	M_E	M_T	M_R	H_{ET}	H_{ER}	H_{RT}
Tamaño de Camada									
Media	-0,06	-0,49	0,55	0,28	0,00	-0,28	0,84	0,29	0,50
DT	0,21	0,18	0,17	0,12	0,11	0,09	0,18	0,15	0,11
Logit de la probabilidad de nacer muerto									
Media	-0,83	0,49	0,34	0,14	-0,01	-0,13	-0,32	-0,14	-0,58
DT	0,17	0,16	0,14	0,13	0,13	0,10	0,18	0,14	0,08

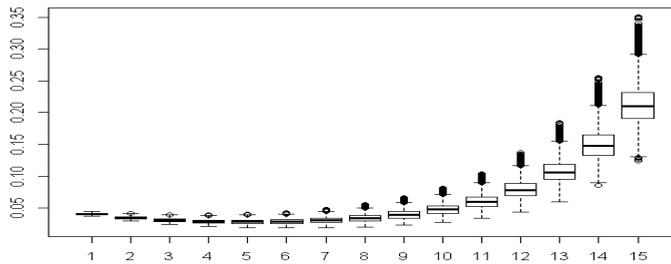


Figura 1. Boxplot del efecto de recursividad del tamaño de camada sobre la probabilidad de nacer muerto tomando como base un probabilidad de 0,05.

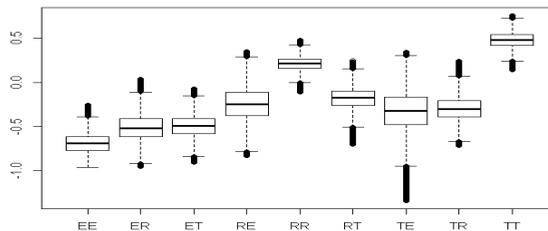


Figura 2. Boxplot de la distribución posterior del tipo genético para el logit de la probabilidad de nacer muerto

ANALYSIS OF PIGLET MORTALITY USING A RECURSIVE BINOMIAL MODEL IN A DIALLELIC CROSS BETWEEN THREE IBERIAN STRAINS.

ABSTRACT: We have estimated the genetic and crossbreeding parameters for piglet mortality using a binomial recursive model with litter size, in a diallelic cross between three Iberian strains (Entrepelado -EE-, Retinto -RR- and Torbiscal -TT-). The results of the study indicated that there is enough genetic variation for selection to reduce piglet mortality. Moreover, substantial differences between strains and crosses were reported. The EE population had the lower piglet mortality closely followed by all the crossed populations (ER, ET, RE, RT, TE, TR). The pure RR and TT were the worst lines. The estimates of crossbreeding parameters detected a relevant direct effect in the EE line and the positive (less mortality) effect of heterosis in the crosses between all populations.

Keywords: Pigs, Mortality, Binomial Mixed Model, Recursive Models