

Aplicación del método BLUP a la evaluación y selección de reproductores porcinos

Joan Tibau i Font (*)

IRTA-Monells 17121 (Girona)

Introducción

En este artículo se pretenden explicar las bases y la metodología para el aplicación de sistemas de selección a la mejora del porcino priorizándose los aspectos más descriptivos en detrimento las consideraciones más teóricas.

El valor genético de los reproductores porcinos de una granja es el único factor de producción que tiene un carácter multiplicativo y distributivo . Es un elemento estratégico fundamental, tanto a escala empresarial (pues condiciona el uso de los otros factores de producción) como para la industria agroalimentaria(pues determina la calidad de los productos) y afecta en gran medida el grado de adecuación de los productos a la demanda del consumidor.

El ganadero de selección escoge, como reproductores, animales en los que, a través de un proceso continuado de selección, coinciden asociaciones de genes con importancia variable que les confieren unas aptitudes (generalmente) diferenciadas y superiores al resto. Dichos animales tienen un mayor mérito genético que la media y se utilizan como los padres de la siguiente generación, asegurando la de transmisión de una determinada característica a los descendientes. Con el acoplamiento de estos animales se obtendrán descendientes con valores genéticos superiores a la media de la generación parental o a la media de los descendientes de los animales medios de la anterior generación.

El sistema BLUP se ha convertido en el método de referencia para a predicción del valor genético de los animales, pero su puesta en práctica requiere del conocimiento previo de las propiedades genéticas de los caracteres a evaluar, de la información productiva y genealógica de los animales y de la aplicación una estrategia regular de interpretación e implementación de dichas evaluaciones y del seguimiento de los resultados.

Aspectos zootécnicos básicos en mejora porcina:

Entre los 19 pares de cromosomas del cerdo se pueden distinguir 18 pares de cromosomas (homólogos) funcionalmente idénticos (autosomas) y un par parcialmente distintos (heterocromosomas o cromosomas sexuales) . Las cadenas de ADN que conforman cada cromosoma contienen toda una serie de genes funcionales, intercalados entre amplias zonas que parecen no tener una actividad aparente. Para cada gen existen dos copias (procedentes una del padre y la otra de la madre) iguales (homocigotos) o distintas (heterocigotos) de entre múltiples variantes o mutaciones, situadas cada una en un cromosoma homólogo autosómico. Estos genes pueden presentar variaciones (mutaciones) en su estructura química (son

polimórficos) y originar manifestaciones diferentes a nivel fisiológico , morfológico, productivo o reproductivo (fenotipo). Las mencionadas mutaciones se han ido acumulando (y en algunos casos, reduciendo) como consecuencia de los procesos de domesticación, selección y cruzamiento entre animales y son la causa de la diversidad genética entre animales dentro de cada especie. (Rotshield M.F. y Ruvinsky A. 1998)

En el momento de la pubertad se produce la formación de las células sexuales (espermatozoides en el caso de los machos y óvulos en el de las hembras) con solo 19 cromosomas (la mitad que las células somáticas). En el proceso de formación de estas células sexuales (meiosis) tiene lugar una duplicación del número de cromosomas y una división posterior , acompañada de la recombinación entre porciones de cromosomas homólogos que originan espermatozoides (u óvulos) con combinaciones distintas de secciones de cromosomas homólogos (procedentes del padre y de la madre) . Un animal heterocigoto para varios genes producirá espermatozoides (u óvulos) distintos desde el punto de vista de la estructura química de cada uno de los genes para los cuales sea heterocigoto incluso en la misma ovulación o eyaculación.

Las características genéticas de un animal son únicas: quedan determinadas desde el mismo momento de su concepción (formación de un embrión de una célula o cigoto) y estarán presentes en sus células a lo largo de toda su vida. En cada fecundación entre un óvulo y un espermatozoide procedentes de los mismos animales se producen asociaciones únicas de genes a partir del emparejamiento de los cromosomas homólogos (la mitad del padre y los otros de la madre). Todos los hijos de una camada (hermanos completos) serán genéticamente distintos entre sí (a menos que se haya producido una división accidental de un embrión durante la gestación, como sería el caso de los hermanos univitelinos o clónicos) y diferentes de los padres, aunque tendrán como mínimo el 50% de los genes idénticos entre ellos y como mínimo el 50% de los genes idénticos a los de cada uno de los padres.

Estas singularidades genéticas , debidas a los genes que tiene cada animal, a las combinaciones entre genes de cromosomas homólogos y a las interacciones entre genes no relacionados del mismo o diferente cromosoma, conjuntamente con el efecto del entorno productivo (sanidad, alimentación, etc.), son la causa de las características y de las diferencias productivas, reproductivas o de calidad de los animales y de sus productos.

La mejora en el seno de una misma raza o línea genética se basa en la elección continuada, en sucesivas generaciones, de reproductores con estructuras genéticas que satisfacen los objetivos específicos que se hayan propuesto para ella. Se trata, por lo tanto, de que de forma directa (análisis genómicos) o indirecta (a través de la comparación de resultados productivos) se escojan como reproductores los animales que tengan un valor genético aditivo (transmisible) superior. La correcta estimación de los valores genéticos de los futuros reproductores (EBV) es la clave de la mejora genética animal.

Determinismo genético

La mayor parte de los caracteres de interés en el porcino están determinados por un número elevado de genes (poligénicos) , con poco efecto individual, que interactúan entre ellos y con las condiciones ambientales en que se desenvuelve.

La elección de los animales como reproductores será tanto mas eficaz y fiable cuanto más heredable sea el carácter (mayor sea la componente genética transmisible) y cuanta más información de los emparentados se tenga en cuenta en su elección. Dichos valores de heredabilidad son muy variables entre los caracteres de interés en el porcino y serán mayores cuando la componente genética en relación a la ambiental sea más elevada

Los progresos genéticos (o sea, la posibilidad de acumular combinaciones genéticas favorables) que se podrán alcanzar en un determinado carácter de una población de animales dependen de la variabilidad del carácter y de la heredabilidad del mismo (ver tabla 1) , y de la intensidad de selección (porcentaje de animales seleccionados que se utilicen como reproductores).

La elección, dentro de una estructura de selección, de unos animales como reproductores (en detrimento de otros) debe basarse en su potencial genético diferencial. Recordemos que lo que nos interesa es su capacidad para transmitir sus aptitudes. Estas aptitudes genéticas (aditivas) que se pretende potenciar pueden ser distintas en función de la utilización de cada raza (o línea genética) en el programa de cruzamientos posterior.

El conjunto de caracteres que se desea mejorar en una línea se denomina objetivo agregado de selección. La importancia económica de cada objetivo se tiene en cuenta en la ponderación relativa de los criterio que se utilizarán para comparar los animales.

Genes Mayores

En los años recientes se han producido notables avances en el estudio de los mapas genéticos del porcino y actualmente se conocen unos 1000 genes . Entre ellos se han analizado las variantes a nivel molecular (mutaciones) de algunas secuencias génicas que determinan diferencias genéticas responsables de efectos significativos (genes mayores) sobre características fisiológicas, cualitativas y productivas. La transmisión de dichos genes sigue las reglas básicas de la genética mendeliana y se puede prever con seguridad su transmisión a la descendencia y actuar en consecuencia en las fases iniciales de desarrollo de los animales potenciando (o restringiendo) en uso de ellos como reproductores. Estos conocimientos permiten ampliar las posibilidades de los métodos de selección tradicionales facilitando la selección asistida por marcadores.

Algunos genes mayores, totalmente identificados , como el caso del gen de sensibilidad al halotano (RYR1 o Hal) o el gen relacionado con la carne ácida (RN) , tienen un efecto claro sobre las características de calidad de canal (favorables) y de carne (desfavorables). Otros genes (MCR4, IFG2, K88AB, ESR, EFABP, HFABP, etc..) están siendo investigados con el fin de establecer su uso fijación (o introgresión) en los programas de mejora.

Caracteres poligénicos

La mayor parte de los caracteres de interés económico en el porcino tienen una base poligénica: están determinados por un número muy elevado de genes (cada uno con su alelo situado en un cromosoma homólogo), con muy poco efecto individual, que interactúan entre sí y cuya manifestación es muy dependiente de las condiciones de producción en que se crían los animales.

El fenotipo (P) de un animal (de un reproductor o de sus descendientes) tiene un componente genético (G) y un componente ambiental (E). La parte genética puede descomponerse a su vez en un efecto aditivo (A), un efecto de dominancia o heterosis (D) e interacción (I), debidos a las combinaciones de genes (procedentes del padre y de la madre) en los cromosomas homólogos y no homólogos y a un efecto genético maternal (M) debido a la incidencia del fenotipo de la madre sobre el fenotipo de sus descendientes (que incrementa la similitud genotípica entre madre e hijos y entre ellos).

La componente ambiental (E) a su vez puede dividirse en el efecto del ambiente común (E_c) entre individuos (que aumenta la semejanza entre hermanos completos debido a una gestación o producción comunes) y el efecto del ambiente específico en que se desenvuelve cada animal (E_s) e independientes de su componente genética.

En una población animal este conjunto de elementos se analizan en términos de variabilidad (Varianza fenotípica: V_p , genética aditiva: V_a , ambiental común: E_c o específica: E_s) o de covarianza (si establecemos relaciones entre caracteres distintos en el mismo individuo o entre idénticos caracteres entre individuos emparentados). La heredabilidad de un carácter poligénico se define como la relación entre la varianza genética aditiva y la total o fenotípica, y se puede estimar mediante el análisis de poblaciones de individuos emparentados (Falconer D.S. y MacKay T.F.C. 1996). Los valores de la heredabilidad se aproximarán a cero cuanto la componente genética aditiva de los caracteres sea muy baja (caso de las aptitudes reproductivas) y elevado (p.e. 0.5) en caso de caracteres morfológicos (p.e. porcentaje de magro). La selección en el seno de una población con una cierta homogeneidad genética asegura el acumulo continuado de genes con un efecto aditivo favorable para el objetivo de mejora propuesto.

Tabla 1.- Variabilidad, heredabilidad y efecto de heterosis en caracteres de interés en el porcino

Carácter	Unidades	Desviación Típica Fenotípica	Heredabilidad	Heterosis (directa)
Prolificidad	n	4	0.1	10%
Crecimiento	g/día	80	0.3	5%
Índice de conversión	Kg/Kg	0.25	0.3	-4%
Porcentaje de magro	%	3	0.6	0
Grasa intramuscular	%	1	0.5	0
pH de la carne	Unidades	1	0.3	0

La práctica de los cruzamientos entre tipos genéticos constituye la segunda etapa de todo programa de mejora. El cruzamiento entre líneas o razas seleccionadas con diferentes objetivos origina en los descendientes nuevas combinaciones genéticas, en las que se asocian los efectos de complementariedad entre las líneas (o razas) y, para ciertos caracteres, los efectos de heterosis (vigor híbrido). La importancia del fenómeno varía en función de carácter considerado, de la distancia entre los tipos genéticos y del cruce realizado.

Estos efectos son tanto más importantes cuanto menor sea la componente aditiva del genotipo de los animales. Así, las características reproductivas (en machos y hembras) , maternas y de adaptación tienen una baja heredabilidad (de 0.1 a 0.3) , pero responden de forma muy satisfactoria al cruzamiento entre distintas líneas genéticas. El máximo vigor híbrido se obtiene en el cruce simple entre animales de distintas razas (o líneas). Esta ventaja es ampliamente aprovechada con el uso de hembras híbridas (procedentes de dos razas) que pueden incrementar hasta un 10% en el número de lechones la nacimiento respecto de la media de las razas parentales, o cual es debido al hecho que tanto la madre como los lechones son híbridos.

El efecto del verraco sobre el número de lechones nacidos en una camada (pura o híbrida) tiene muy poca incidencia y una débil heredabilidad (menos del 5%). El uso de verracos híbridos (al margen del posible interés productivo o cualitativo) solo se justifica por su mayor ardor sexual, capacidad fecundante o cantidad de semen producida , no en cuanto al número de animales nacidos por parto.

Los beneficios que reportan las combinaciones de los animales híbridos obtenidos de cruces entre razas o líneas puras no pueden garantizarse en las generaciones futuras. Por este motivo es necesario mantener núcleos de selección en pureza y la selección por lo tanto debe realizarse en el seno de estas poblaciones.

Selección de reproductores :

Con la domesticación de las especies animales de interés productivo se inició la elección de ciertas combinaciones genéticas que satisficían mejor las exigencias (necesidades) de la especie humana. La selección continuada de los mejores animales como reproductores se basó en el pasado en criterios morfológicos, funcionales o estéticos que priorizaron (indirecta e inconscientemente) ciertos genotipos en detrimento de otros.

Los progresos en los conocimientos científicos en el ámbito de la fisiología, reproducción y genética hacen posible hoy en día la aplicación de estrategias de selección más eficientes. El proceso fundamental aplicado a la mejora genética de las especies animales se basa en la evaluación de los candidatos de la reproducción (en función de unos objetivos de selección preestablecidos), la elección de los mejores (desde el punto de vista genético) y su utilización (racional) como genitores de la siguiente generación.

En el caso del ganado porcino, los caracteres de interés económico son múltiples, complejos y variables (crecimiento, calidad de canal, calidad de carne, capacidad reproductiva) y en ocasiones están (co) relacionados negativamente. Esta

situación ha propiciado la selección de razas y líneas genéticas con objetivos de selección diferentes (y bien relacionados) y su posterior uso en cruzamiento. Los objetivos de selección variarán en consecuencia según el uso diferencial de las distintas razas en el esquema de cruzamientos.

El progreso genético obtenido en un programa de mejora depende directamente de la precisión con que se puede predecir el valor genético de los animales (relacionada con la heredabilidad y la cantidad de información disponible del propio animal y de sus emparentados) , del grado de superioridad genética relativa de los animales escogidos como reproductores (más elevada cuanto mayor sea la variabilidad entre animales y menor el número escogido) y del tiempo que se tarda en reemplazar una generación por otra (intervalo generacional). En el caso de un solo carácter a mejorar (objetivo) y la posibilidad de medir el mismo carácter (criterio) en los candidatos, el progreso genético esperado por generación dependerá directamente de la heredabilidad del carácter, de la variabilidad del mismo en la población y de la intensidad de selección aplicada (porcentaje de reproductores escogidos). La precisión con que cada animal será seleccionado será la raíz cuadrada de la heredabilidad . Esta precisión puede aumentarse si se dispone de mediciones repetidas del animal o de datos de individuos emparentados (hijos, hermanos, padres).

Los genes que determinan el genotipo de un animal intervienen de forma simultánea –a veces con efectos opuestos– en diversos caracteres de interés productivo. La elección preferente de animales con un objetivo de selección muy concreto puede ir en detrimento de los progresos que se pueden alcanzar en otros caracteres (con los que existe una correlación genética negativa). Es preciso, por lo tanto, establecer para cada línea criterios de selección compatibles desde el punto de vista genético, y en el supuesto en que no sean genéticamente coincidentes cabe seleccionar los animales en función de objetivos múltiples (en los que se consideren simultáneamente los intereses económicos y las características genéticas).

En las líneas hembras se busca un equilibrio entre caracteres reproductivos (que incidirá en el número de nacidos vivos de las híbridas) y productivos (crecimiento, , eficiencia alimentaria, calidad de canal y carne) . El número de lechones nacidos y el peso total de la camada por parto son las variables más utilizada como criterio de selección para la mejora de los parámetros reproductivos pero otros factores (número de tetinas, los aplomos y la longevidad) afectan la capacidad reproductiva de la cerda a lo largo de su vida . Los reproductores machos utilizados en los acoplamientos en pureza en estas líneas deben ser seleccionados para los mismos objetivos productivos y reproductivos (incluyendo el número de tetinas).

En la selección de líneas para su uso exclusivo como machos finalizadores sólo se consideran caracteres productivos y de calidad de canal (y en ocasiones de carne). Su impacto sobre un programa de hibridación es limitado (ya que la mayor parte de los descendientes son sacrificados) , y el tipo de animal depende fundamentalmente del producto comercial que se desea obtener. Desde la perspectiva del seleccionador aparte de las características productivas deben considerarse asimismo aptitudes de comportamiento (libido, docilidad), reproductivas (calidad seminal) y funcionales (aplomos)

En la selección para objetivos múltiples es posible progresar en varios caracteres aplicando diferentes estrategias: bien sea seleccionando de forma simultánea (o en generaciones sucesivas) los animales por niveles independientes

mínimos exigidos para cada carácter o aplicando un índice global de selección (aplicando coeficientes de ponderación a los valores fenotípicos relativos de los animales o directamente a sus valores genéticos estimados).

La teoría de los índices de selección ha sido descrita por numerosos autores (p.e Van Vleck et al. 1987, Cameron, 2002) y se ha aplicado ampliamente a la selección del porcino en numerosos países desde los años 50 (Hazel y Lush, 1942) hasta finales del siglo XX (Tibau y Ollivier, 1984)

Este sistema se basa en el cálculo de valores de ponderación relativos entre los distintos criterios de selección (β) a partir de las relaciones (varianzas y covarianzas) entre criterios de selección (P) , de las relaciones entre criterios de selección y los objetivos (V) y de los valores económicos relativos entre los objetivos (a) . Estas ponderaciones se aplican a los valores fenotípicos de cada carácter de los animales candidatos a la selección (desviados de la media) y se establece un ranking relativo entre ellos.

A pesar de que las ventajas del método de los índices de selección (uso de las correlaciones entre caracteres y de información de emparentados, integración en un solo parámetro del valor genético y posibilidad de comparación directa entre animales) lo hicieron muy popular en los programas de selección privados y públicos de todo el mundo, el método adolece de ciertas deficiencias (no permite comparar animales de grupos o granjas distintos o con información desigual ni tiene en consideración las relaciones genéticas entre animales de distinto grupo ni los cambios en la variabilidad genética que se producen a lo largo del proceso de selección) (Tibau , 1992) .

El método BLUP

Las bases teóricas del sistema BLUP se establecieron en los años 70 (Henderson, 1963) y se aplicaron en una primera fase a la evaluación genética del ganado vacuno lechero aunque posteriormente se ha utilizado en todas las especies ganaderas . De una forma muy simplificada podemos decir que el método se basa en la consideración de que el valor fenotípico para un carácter es consecuencia de la acción independiente de efectos fijos determinados(sexo, raza, época de control,...) y del valor genético aditivo para este carácter. Si se conocen las relaciones de parentesco entre los animales objeto de evaluación, que efectos (y niveles) fijos podían afectar a los animales controlados, las estimas de los componentes de varianza (genéticas, maternas, ambientales, etc.), se pueden estimar simultáneamente, mediante la resolución de ecuaciones de tipo mixto, los valores de los efectos fijos y los valores genéticos de los animales y de sus emparentados . Se han realizado numerosos estudios de comparación entre sistemas basados en los índices de selección y el método BLUP en poblaciones porcinas simuladas y reales. Los resultados ponen de manifiesto las ventajas de este último método en los casos en que la heredabilidad es baja, son solo medibles en un sexo y cuando el número de emparentados elevado. La aplicación del método BLUP requiere el uso de programas informáticos, bases de datos genealógicos, productivos y reproductivos e información genética compleja.

La resolución de las ecuaciones del modelo mixto tiene un elevado coste computacional lo que impedía su aplicación a modelos multivariantes o en los que se deseaba utilizar información de varias generaciones o de muchos animales en equipos informáticos tradicionales. Actualmente, la potencia y velocidad de cómputo informático no es un limitante para la resolución de estas ecuaciones incluso en ordenadores de sobremesa, para los que se han desarrollado aplicaciones informáticas específicas (PEST, PIGBLUP) de uso relativamente simple que permiten estimar los valores genéticos de forma rápida y eficaz (Groeneveld, 1990, Long et al 1990).

Este sistema es actualmente ampliamente utilizado en los programas de mejora del porcino (tanto en empresas como en organizaciones de selección), pues presenta muchas ventajas:

- Se obtiene la mejor estimación del valor genético insesgado de cada animal.
- Se pueden comparar directamente animales con distinta información, medidos en diferentes generaciones, épocas, sexos, etc.
- Se pueden comparar de animales de distintas granjas (si están suficientemente relacionadas).
- Permite integrar información repetida, efectos maternos, etc..

La aplicación del método BLUP en la práctica hace posible:

- Preseleccionar animales a testar en función de su valor genético previsible.
- Comparar animales jóvenes con reproductores existentes.
- Comparar animales de diferentes granjas relacionadas e integrar su información
- Predecir los progresos genéticos mediante la comparación los valores genéticos medios de los animales nacidos en distintos años.
- Establecer la importancia de los efectos ambientales (régimen alimentario, granja, etc.).
- Utilizar de forma óptima la información más costosa (análisis de calidad de carne de emparentados, por ejemplo).

Para la aplicación práctica del BLUP es preciso :

- a) Disponer de las genealogías de los animales (sin errores de parentesco).
- b) Conocer los parámetros genéticos (heredabilidades, repetibilidades, correlaciones) de los caracteres a mejorar.
- c) Disponer de una base de datos de testajes, datos reproductivos, de calidad de la canal y de la carne representativos y sin errores
- d) Diseñar modelos predictores y definir la estructura de la información a analizar adecuada.
- e) Utilizar el programa adecuado

Con la aplicación regular del sistema de evaluación BLUP se obtienen estimas de los valores genéticos aditivos (relativos) de los animales y de sus emparentados. Estos que varían cada vez que se obtiene nueva información propia o de los emparentados y son comparables entre ellos en un momento dado. Las predicciones de los valores genéticos pueden combinarse para cada raza de forma distinta atendiendo a las prioridades establecidas para cada una de ellas

La implementación del método BLUP difiere según el tipo de caracteres a evaluar y el contexto de su aplicación. En estructuras en las que el uso de la inseminación artificial permite integrar información de distintas granjas (o de centros de testaje) es posible combinar información de distintos orígenes pero en el caso de estructuras cerradas solo será posible realizar evaluaciones intra-granja. La información de calidad de canal y de carne (de emparentados) puede también integrarse dentro del modelo de evaluación.

En general las evaluaciones de las características reproductivas (nacidos vivos por parto) se realizan de forma independiente de las productivas y de calidad de canal y carne debido a sus particularidades genéticas y a su débil correlación con las anteriores .

En los países con un programa nacional de mejora porcina en los que hay un uso (obligado o voluntario) extendido de dosis seminales de reproductores evaluados oficialmente (Canadá, Francia, Dinamarca) , es factible realizar evaluaciones genéticas conjuntas que incluyan datos obtenidos en las granjas, en estaciones de testaje y en los estudios de calidad de canal y carne que se realizan con emparentados. Este sistema hace posible realizar evaluaciones regulares del conjunto de sector de selección.

En otros casos, donde las relaciones entre empresas de selección son mínimas solo es factible realizar evaluaciones BLUP comparativas entre empresas (y granjas) a partir de los controles que se realizan en centros de testaje de uso compartido. Estas evaluaciones aunque limitadas permiten comparar los animales de distintas empresas.

La realización de valoraciones de calidad de canal y carne en animales distintos de los candidatos se aplica en numerosos países (Francia, Canadá) y empresas. El uso racional de esa información hace posible evaluar (de forma indirecta) caracteres costosos de un elevado número de animales. Esta es la situación de empresas que incluyen entre los objetivos de selección la cantidad de grasa intramuscular en el lomo y que obtienen a partir de mediciones regulares de esta en animales emparentados

La selección se basa en la utilización preferente como reproductores de los mejores animales. En una población cerrada estos animales suelen estar más o menos emparentados. El acoplamiento entre ellos, si bien permite la fijación de genes favorables, comporta el aumento del número de combinaciones homocigóticas de genes (que normalmente están presentes en una baja frecuencia) con un efecto letal o subletal. que pueden afectar a la viabilidad de los embriones, la capacidad reproductiva de los reproductores y contribuir al aumento de la frecuencia de anomalías hereditarias.

El método BLUP asegura una evaluación precisa del valor genético pero su uso debe ser cauteloso ya que provoca una reducción rápida del tamaño o genético efectivo de la población. Es preciso mantener el nivel de variabilidad de las poblaciones de selección mediante un uso equilibrado y dirigido de los reproductores, evitando los acoplamientos consanguíneos e incrementando la variabilidad mediante la incorporación de reproductores externos adecuados.

La aplicación del sistema BLUP a la evaluación de reproductores porcinos en la ANPS .

Desde el año 1992 el IRTA, de forma similar a otros organismos públicos de investigación de otros países, realiza periódicamente las evaluaciones genéticas BLUP productivas y reproductivas de los núcleos de selección de la Asociación Nacional de Criadores de Ganado Porcino Selecto que participan en pruebas de valoración de reproductores porcinos selectos y suministran regularmente la información reproductiva a la base de datos genéticos SI-CCP (Tabla 2)

Tabla 2.- Tipos de evaluaciones BLUP (IRTA)

Test	Caracteres	Efectos fijos	Efectos aleatorios	Comparación. Granjas (empresas)	Blup Multicaràcter	Blup Repetibilidad
CIM	CRI (% magro) ICI GDI	Raza Grupo control	animal	Si (No)	SI	No
CPG	CRI (% magro) GDI	Raza Grupo control	Camada animal	Si/No (No)	Si	No
REPRO	NV	Num_parto Año*estación Efecto perm.	animal	No	No	Si

CRI, ICI crecimiento e índice de conversión (35-100 Kg. Peso Vivo)

GDI (% magro) espesor de tocino dorsal y porcentaje de magro a los 100 Kg.

NV: animales nacidos vivos por camada

Tabla 2 .- Información BLUP obtenidas en las evaluaciones IRTA-ANPS

Tipo evaluación	BLUCIM	BLUCPG	BLUREP
Periodicidad	Semestral	Mensual	Trimestral
Número Animales	9000	2000-22000 (75000 total)	800-10000 (690.000 total)
Comparación	No	Si intra-empresa	Si intra-empresa
Información comparativa ancestros	No	Si	Si
Información comparativa pública	Si	No	No
Información en el Certificado Genealógico	Si	Si	Si (madre)

La base de datos de la ACPS gestionada desde el IRTA-Centro de Control Porcino acoge actualmente información 1.020.000 animales con pedigrí, 20000

camadas y 143.000 animales testados en granja y estación. La información acumulada incluye parámetros reproductivos, productivos y genealógicos de más de 50 núcleos de selección y centros de inseminación artificial. Los núcleos de selección conjuntamente con los centros de inseminación disponen en la actualidad de más de 11000 reproductores (machos y hembras) activos de raza pura utilizados en selección. A partir de la información periódica obtenida de animales controlados de estos núcleos se realizan regularmente las evaluaciones genéticas BLUP (Tabla 2). Los resultados genéticos se incorporan a los certificados genealógicos y de control de rendimientos (productivos y reproductivos) que acompañan los reproductores testados que se utilizan en los núcleos de selección, centros de inseminación o granjas de multiplicación o producción. A nivel de núcleos es posible comparar las evaluaciones genéticas de reproductores adultos con animales jóvenes con el fin de poder realizar adecuadamente las renovaciones de los reproductores.

Perspectivas de la aplicación del método BLUP

Superadas las limitaciones de cálculo, es de prever que las aplicaciones del método BLUP continúen ampliándose en el futuro. Se están desarrollando en la actualidad nuevos modelos más sofisticados que incluyen: análisis multicaracter de parámetros reproductivos, efectos maternos y efectos no aditivos, información productiva, reproductiva y de las canales de descendientes híbridos y marcadores genéticos. Es preciso en todo caso recordar que la selección (eficiente y rápida) en un sentido se realiza en detrimento de la variabilidad genética existente en las poblaciones (para los caracteres mejorados (y para otros correlacionados)). El mantenimiento de la biodiversidad es fundamental para poder redirigir la selección y poder alcanzar otros objetivos en el futuro. La puesta en práctica de sistemas de minimización de la consanguinidad en el interior de una empresa y el mantenimiento de la diversidad a nivel de la especie (con el uso de sistemas de crioconservación por ejemplo) deben ser tenidos en consideración por el conjunto del sector porcino.

Bibliografía

- Brandt H., 1990.-** BLUP developments in pig breeding. Arch. Tierz. 36(2):189-195
- Cameron N.D. 2002.-** Selection Indices and Prediction of Genetic Merit in Animal Breeding. C.A.B International
- Falconer D.S. y MacKay T.F.C. 1996.-** Introduction to Quantitative Genetics Longman
- Groeneveld E, Kovac M. y Wang T., 1990.** PEST a general purpose BLUP package for multivariate prediction and estimation. Proc, 4th WCGALP 13 (488-491).
- Hazel L.N., Lush J.L.- 1943.-** The efficiency of three methods of selection. J. Hered, 33, 393-399
- Henderson C.R. 1988.-** Theoretical basis and computational methods for a number of different animal models J. Dairy Sci. (suppl.1) 1-16
- Long T., Brandt H., and Hammond K., 1991.-** Application of BLUP to genetics evaluation in pigs. Pig News and Information 12(2):217-219
- Tibau J., Ollivier L.- 1984.-** La sélection en station chez le porc. Bull. Dep. Gen. Anim. 37. INRA
- Tibau J. 1992.-** Aspectos aplicativos en evaluación y selección de reproductores porcinos. ITEA 88A-1 (23-30)

Rotschild M.F. y Ruvinsky A. 1998.- The Genetics of the Pig . CAB International **Van Vleck D.L., Pollack E., Branford E.A. 1987.-** Genetic for animal Sciences . W.H. Freeman and Co.

(*) El autor desea agradecer al personal científico, técnico y administrativo que participa en la toma de datos, registro, verificación, análisis, evaluación y elaboración de los informes de las evaluaciones genéticas que se llevan a cabo en el IRTA-Centro de Control Porcino (J. Soler, N. Trilla, N. Torrentó, M. Orra, A. Salleras, A. Fontquerna, N. Feixes, J. Parnau y A. Muñoz)

