



PONTIFICIA UNIVERSIDAD CATÓLICA ARGENTINA

Ingeniería Agronómica

“Efecto del uso del “PICTraQ” como herramienta para evitar la consanguinidad en programas de mejoramiento genético en una producción porcina intensiva”

Trabajo final de graduación para optar por el título de:

Ingeniera Agrónoma

Autora: Facchin, Milagros María Eugenia

Tutor: Ing. Daniel Fenoglio

Fecha de defensa: 2019

Agradecimientos

A mis Nonnos por acompañarme a lo largo de la carrera con sus palabras de aliento y demostrarme su orgullo; y actualmente desde el cielo guiándome para finalizar la etapa de estudiante.

A mi familia, por la oportunidad de estudiar y formarme como profesional.

A mis amigos de la vida, que acompañaron e incentivaron a superarme día a día. Gracias por la paciencia y por soportar los cambiantes estados de ánimo.

A mi pareja Juan Cruz, por ser incondicional, apoyarme en cada decisión y acompañarme en el largo camino universitario incentivándome a ser mi mejor versión todos los días, como persona y como profesional.

A mis compañeros de cursada, por compartir cada momento y hacer de mi vida universitaria una etapa única. En especial a mi amiga y compañera de estudio, Melanie.

Al Ing. Agr. Daniel Fenoglio, mi profesor tutor, por transmitirme la pasión por los porcinos, por la paciencia, el interés, y su valioso tiempo.

Al personal del criadero "Pacuca S.A." que me permitieron conocer el ciclo productivo y me brindaron información indispensable.

A los profesionales que se tomaron el tiempo en responder mis inquietudes y me brindaron información, Andrés Pastrone, Pablo Maggi y Enrique Rubén Género.

Índice

Agradecimientos	3
Resumen	5
Palabras claves	5
Introducción	5
1. Estructura de un programa de mejoramiento genético porcino	6
2. Consanguinidad	7
3. Índices genéticos y procesamiento de información	8
4. Herramienta PICTraq y su utilización en el mejoramiento genético porcino	9
Objetivos	11
Objetivos generales	11
Objetivos específicos	11
Materiales y métodos	11
Resultados y discusión	12
Conclusiones	13
Anexos	13
Supuestos del modelo	13
Normalidad	14
Homocedasticidad	15
Resultados	18
Glosario	20
Referencias bibliográficas	21

Resumen

En el presente trabajo se desarrolla el análisis del efecto del uso de la base de datos "PICTraQ" de la empresa Agrocere PIC como herramienta para evitar la consanguinidad en programas de mejoramiento genético en una producción porcina intensiva. El objetivo es describir los beneficios de la correcta implementación de dicha herramienta, evaluar la productividad de la hembra reproductiva e inferir sobre el control de la consanguinidad y determinar el total de animales nacidos, vivos y destetados durante la utilización del "PICTraQ" y compararlos con los índices obtenidos sin la implementación del "PICTraQ".

Para ello, se realizó la toma de datos productivos y reproductivos diariamente durante los años 2008 al 2013 cuando no se utilizaba el PICTraQ y del 2013 al 2017 al implementarse el PICTraQ en el criadero "Pacuca S.A.". Se mantuvieron estables la nutrición y sanidad de los animales. Las variables observadas fueron nacidos totales, nacidos vivos y destetados. Se pudo observar que existe una mejora genética utilizando el PICTraQ como herramienta. En cuanto a nacidos totales hubo un incremento del 14,04%; En cuanto a nacidos vivos el incremento fue del 15,69% y en cuanto a destetados del 17,07% en los años estudiados.

Finalmente, dado que la consanguinidad reduce la variabilidad genética dentro de las poblaciones y aumenta la probabilidad de heredar alelos asociados a defectos genéticos provocando así una reducción del valor promedio de una o más características de interés económico, se concluye que la utilización del PICTraQ resulta de interés para disminuir la probabilidad de tener cruzamientos endogámicos permitiendo obtener así mayor productividad y eficiencia en las producciones porcinas intensivas.

Palabras claves

mejoramiento genético - consanguinidad - porcinos - PICTraQ - PIC

Introducción

El sector agroindustrial se enfrenta a distintos retos tales como producir más alimentos y fibras para alimentar una población mundial que está en constante crecimiento, particularmente en los países en desarrollo. Como consecuencia del aumento de los ingresos en estos países, habrá una transición en los hábitos alimenticios a nivel mundial. Esto impulsará la demanda de aquellos productos que son más sensibles a los cambios de los hábitos alimentarios a nivel global como la carne, las frutas, las hortalizas y los alimentos procesados. Según Ghio y Lucero de la Sota (2015) la producción anual de carne debe aumentar en millones de toneladas para satisfacer la creciente demanda. La carne de cerdo en el total de carnes a nivel mundial representa el mayor porcentaje y lo seguirá siendo por ser una de las más eficientes. Por lo que, frente a dicho panorama será necesario mejorar la productividad y eficiencia en el uso de los recursos. (FAO, 2017).

En este sentido, y teniendo en cuenta a la genética como uno de los cuatro pilares fundamentales de la producción animal (junto a sanidad, nutrición y manejo) (Voisin, 2006), es importante conocer que las técnicas de mejoramiento genético animal permiten mejorar la productividad racionalizando los recursos. Las mismas consisten en aplicar principios biológicos, económicos y matemáticos con la finalidad de encontrar estrategias para aprovechar la variación genética de una especie y así maximizar su

mérito; involucrando las variaciones entre los individuos de una misma raza y variaciones entre diferentes razas y cruza de estas razas (Montaldo y Barría, 1998). El objetivo final en el pilar genético es conseguir una población de hijos con media superior a la de los padres, logrando avances a lo largo del tiempo en las características de interés.

Si hablamos de mejoramiento genético, las herramientas primordiales son la selección y los sistemas de apareamiento¹. La primera consiste en garantizar la reproducción diferencial de los reproductores superiores. Es decir, aumentar la frecuencia de los alelos favorables en la población de selección. La segunda, hace referencia al cruzamiento de individuos de poblaciones que no se reproducen hace mucho tiempo, como dos razas distintas o dos líneas diferentes, en la cual se producen animales con mejores características, además de poseer una mejor adaptación a distintos ambientes. Según Blasco (1992) el porcentaje de superioridad de una población de individuos cruzados respecto a la media de sus padres se denomina heterosis o vigor híbrido. Sostiene que esta heterosis se debe a las asociaciones particulares de genes que se realizan en cada generación, y no se transmite a la descendencia.

Por consiguiente, se debería realizar una correcta elección de las razas/líneas que se utilizarán en los programas de cruzamiento para aprovechar los efectos de complementariedad y heterosis derivados de las diferencias genéticas entre las poblaciones (Ghio y Lucero de la Sola, 2015). Cuando el padre y la madre son híbridos (F1, es decir, primer cruzamiento de dos razas puras) transmiten la máxima ganancia a sus hijos que, a su vez, serán combinación de dos linajes F1 de 4 razas. En este sistema en el que se usan hembras y machos híbridos, generados a partir de razas seleccionadas para diferentes propósitos, se explota el máximo efecto de heterosis.

1. Estructura de un programa de mejoramiento genético porcino

La estructura de un programa de mejoramiento genético porcino se ha denominado convencionalmente con la forma de pirámide buscando generar una idea de la distribución de los estratos de producción, los volúmenes de animales en cada uno y la estrategia de selección que se aplicará en el programa. Dicha estructura es relevante debido a dos aspectos de la estrategia de selección: cómo determinar animales genéticamente superiores y cómo hacer para que esos animales diseminen sus genes más rápido por toda la población. Los sistemas de producción de la especie en cuestión, los tipos de cruzamientos utilizados y otros aspectos "no genéticos", como perfil sanitario de las poblaciones y la inversión necesaria en cada uno de los estratos, van a definir la estructura de pirámide.

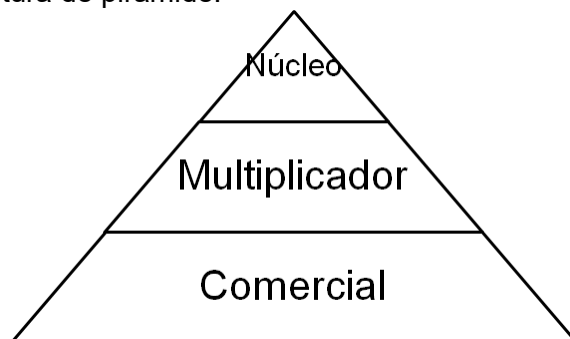


Figura 1. Estructura de un programa de mejoramiento genético porcino.

En la cima se encuentra el estrato núcleo formado por granjas con animales puros o sintéticos. Son de mayor valor genético dentro de la población en su conjunto,

¹ Disponible en: www.ecured.cu/Mejoramiento_gen%C3%A9tico_en_animales

aunque se encuentran en menor número en comparación con los otros estratos. Aquí es donde se aplican los protocolos de evaluación genética, así como los controles de reproductores con el objetivo de mantener la variabilidad genética e identificar genéticamente a los mejores individuos de la población. En este estrato hay una alta intensidad de selección ya que se busca maximizar el progreso genético, es decir que, los mejores individuos son utilizados para la reposición propia de este estrato. Los individuos de valores genéticos intermedios se envían como reposición del estrato multiplicador o son comercializados directamente al estrato comercial. Los peores individuos son enviados a faena. El tamaño de las granjas núcleo depende de la intensidad de selección aplicada y la tasa de reposición en los estratos núcleos, multiplicadores y comerciales.

A continuación, encontramos el estrato multiplicador donde se reciben los animales puros o sintéticos. Se promueve el cruzamiento entre ellos para lograr la complementariedad de las características entre las razas, además de maximizar la heterosis. Se producen entonces, animales cruzas o híbridos que se utilizarán en el estrato comercial. En este caso, la selección es sólo fenotípica, con lo cual la mejora genética aplicada es a través de la reposición de los animales puros o sintéticos que fueron seleccionados en la granja núcleo. El tamaño de las granjas multiplicadoras depende de la tasa de utilización de los animales cruzas o híbridos y de la tasa de reposición aplicada en la granja comercial.

Finalmente, la base de la pirámide es el estrato comercial que recibe los animales del estrato multiplicador o núcleo, dependiendo del sistema de cruzamiento utilizado. Se promueve el cruzamiento entre estos animales y así se producen animales que van a faena. Podemos entonces decir que el mejoramiento genético que se obtiene en la base de la pirámide es logrado como consecuencia de la transferencia de los genes seleccionados en los estratos superiores.

El flujo de animales es siempre desde la cima hacia la base por cuestiones sanitarias. El flujo de animales en los distintos estratos dependerá del sistema de cruzamiento utilizado y tiene impacto en la transferencia de los genes seleccionados en los estratos superiores, y consecuentemente, en el progreso genético.

Las ganancias obtenidas en el mejoramiento genético son estables y permanentes ya que son independientes del medio ambiente y se transmiten a las siguientes generaciones.

2. Consanguinidad

En mejoramiento genético animal cuando hablamos de parentesco suponemos similitud entre genotipos. Para que haya parentesco entre dos individuos deben tener al menos un antepasado en común. La genética de un individuo proviene 50% del padre y 50% de la madre. El parentesco o coeficiente de parentesco (R), entre padre e hijo es por lo tanto del 50%. Cuanto más cercano es el nivel de parentesco, mayor es la probabilidad de tener alelos idénticos por descendencia. Esto significa que el mismo pariente donó la misma copia de un alelo para dos descendientes. Un cruzamiento endogámico o consanguíneo es, por lo tanto, la unión de individuos con cierto grado de parentesco, lo que significa que tienen uno o más antepasados en común. Podemos decir que no se consideran endogámicos si no tiene un ancestro en común en las últimas 5 generaciones. Es importante mantener bajos los niveles de consanguinidad por las consecuencias negativas que tiene sobre la productividad y eficiencia general de la explotación (Santana, 2001). La endogamia altera las frecuencias genotípicas, es decir, la proporción de heterocigotos y homocigotos, pero no las frecuencias génicas. Según Guitou (citado en Ocampo, 2013) la endogamia se puede dar en forma de varios cruces, apareamiento:

1. hermano/hermana,
2. padre/hija o madre/hijo,
3. medio hermano/media hermana

4. abuelo/nieta o abuela/nieto,
5. tío/sobrina o tía/sobrino.

El resultado de un apareamiento entre hermanos completos o padres e hijos es un animal 25% consanguíneo. Mientras que entre medios hermanos la consanguinidad es del 12,5% puesto que sólo tiene un padre/madre en común. La siguiente tabla presenta ejemplos de apareamientos y coeficientes de consanguinidad (F) de la descendencia.

Apareamientos	F	%F
Padre x Hija	0,25	25,00
Madre x Hijo	0,25	25,00
Hermanos Completos	0,25	25,00
Medio Hermano x Media Hermana	0,125	12,50
Padre x Nieta	0,125	12,50
Hijo de un padre x Nieta del padre	0,0625	6,25
Nieto de un padre x Nieta del padre	0,0313	3,13

Tabla 1. Ejemplos de apareamientos y coeficientes de consanguinidad

Es importante destacar que uno de los principales efectos de la endogamia es la disminución de la heterocigosidad. Según Ocampo (2013), al aparear animales emparentados aumenta la probabilidad de que la descendencia adquiera alelos idénticos por descendencia, es decir, si la endogamia es constante aumenta el número de homocigotos en una población. Esto conduce a la depresión por endogamia puesto que existe una pérdida de diversidad genética. La homocigocidad genera concentración de genes asociados a defectos genéticos que pueden llevar a tener mayor susceptibilidad a enfermedades, es decir que se aumenta la frecuencia génica de alelos deletéreos a causa de la deriva genética.

3. Índices genéticos y procesamiento de información

Es factible seleccionar a los mejores animales cuando obtenemos la mayor cantidad de datos posibles de todos los animales de la población y conociendo la relación de parentesco entre ellos. Si evaluamos una mayor cantidad de animales, la precisión (certeza) de la selección será mayor. Al reproducir los animales seleccionados se generará una población de hijos, en media, mejor que la población de la cual vinieron sus padres.

Como no se pueden conocer directamente los genes que controlan las características cuantitativas, ya que son varios, se utilizan procedimientos para estimar los valores genéticos. El valor genético del individuo (EBV, Estimated Breeding Value) es la suma de los efectos medios de los genes que tiene, es decir, la parte de su desempeño que puede transmitirse a su descendencia. Esto depende de la media de la población en la que está inserto, donde cada población evaluada tiene su propia media fenotípica, por lo que no se puede comparar Valor Genético o EBV entre animales de diferentes poblaciones. El promedio de los valores genéticos de los individuos de cualquier población es siempre igual a cero, es decir que tiene animales por encima y por debajo del promedio fenotípico.

Para conocer los valores genéticos de los individuos basados en datos fenotípicos, existen recursos matemáticos. Dentro del mejoramiento genético animal el más conocido es el BLUP (Best Linear Unbiased Predictor). Esta metodología emplea modelos mixtos, esto quiere decir que se realizan simultáneamente la estimación de los valores genéticos (VG o EBV), la predicción y corrección de efectos fijos (ambientales). Actualmente, el procedimiento estándar de evaluación genética es el BLUP del modelo animal.

Las evaluaciones del modelo animal se basan en el desempeño del propio animal como de otros animales evaluados. Además, incorpora información sobre el animal, sus antepasados y sus progenies, teniendo en cuenta todas las relaciones de parentesco genético entre ellos. Esto permite aumentar la precisión del valor genético y ayuda a eliminar los efectos fijos, es decir, separar lo que es efecto genético y efecto ambiental sobre el desempeño del animal. Las evaluaciones genéticas de un animal se van actualizando a lo largo de su vida a medida que el volumen de información disponible vaya aumentando. Primero, la información del animal deriva de sus antepasados. Luego, la producción del propio animal agrega volumen de información. Finalmente, se agrega la información sobre sus progenies. Es así como, las estimaciones de los valores genéticos de los animales obtenidos por esta metodología es la más confiable.

En síntesis, toda la información, tanto de un animal como de toda su genealogía, que se abstrae de la granja de producción porcina, se introduce en un programa informático de selección genética. En la empresa donde se realizó el presente trabajo el programa es "PigChamp". Dicho programa está basado en el sistema BLUP que procesa toda la información y calcula, para cada animal y carácter a seleccionar, el EBV. Este índice genético es un número referido a una media con lo cual varía con el tiempo ya que se recogen nuevos datos, se actualiza la media respecto a la que se compara y se puede cambiar la orientación de la selección genética. Luego de este proceso llegan a la granja los listados de los índices genéticos actualizados de los animales. Así es como se decide qué animales son los que se cubren en pureza. Es conveniente incluir esta información en el programa de gestión reproductiva y productiva de la granja ya que podremos además seleccionar los mejores animales en términos productivos y reproductivos. Se trata entonces del uso combinado de dos herramientas de control y gestión: BLUP + programa de gestión. Observamos que el valor del índice genético no es el único parámetro a tener en cuenta al seleccionar animales. Por ejemplo, al seleccionar primerizas, además debe tener al menos 6 pares de mamas viables, aplomos correctos, entre otros parámetros de interés (www.pigchamp-pro.com).

4. Herramienta PICTraq y su utilización en el mejoramiento genético porcino

Actualmente, la era digital genera un mundo competitivo en el que todo sucede más rápido. Se denomina "mundo VICA", "volátil, incierto, complejo y ambiguo" y representa los impactos de la revolución digital en el mundo, donde las empresas deben transformarse sino desaparecen. Dicha transformación sucedió en la producción porcina en cuanto a la genética, nutrición, sanidad, tecnología y modelos de gestión que, de todas formas, continúan evolucionando (Mejores Agriness, 2018).

Si bien es cierto que el mejoramiento genético ha permitido generar avances en la productividad de las distintas actividades pecuarias y sentar bases para la investigación de métodos más eficientes, es necesario que se enriquezca con nuevas tecnologías para permitir mayor adaptación a la creciente demanda actual y también al manejo de gran cantidad de animales.

La empresa Agrocere PIC nació en 1977, con la unión del Grupo Agrocere y la empresa inglesa PIC (Pig Improvement Company), implantando en Brasil el primer núcleo genético de animales de elite. Dicha unión, asegura el uso de genes superiores a nivel global. Se manifiesta que su creencia fundamental es que la ciencia genética le da forma y energía a la evolución del sector porcino.

PIC pertenece a GENUS que es la mayor empresa del mundo en mejoramiento genético animal, líder en los segmentos bovino y porcino. Mantiene innumerables líneas puras bajo progreso genético intensivo y está presente en diversos países. Consecuentemente, la unión con PIC trae consigo ventajas estratégicas. Tal como el acceso a tecnologías genéticas, de manejo (usadas en América del Norte y Europa), y a los datos de selección de su red mundial, a través del software PICTraq, asegurando el uso de genes superiores en los programas genéticos, en Brasil y Argentina.

Teniendo en cuenta la base genética internacional, Agrocere PIC desarrolla un programa de mejoramiento genético propio que es específico para las condiciones ambientales y económicas de la producción porcina brasileña y argentina y los mercados de exportación. Dicho programa tiene por objetivo ofrecer productos que sean más eficientes en cuanto a prolificidad, viabilidad de la progenie, tasa de crecimiento, eficiencia de la conversión alimenticia y calidad de carcasa. Estos aspectos son de importancia económica para el sector porcino, ya que reduce los costos de producción y mejora el valor de la carne porcina y sus derivados en el mercado.

La empresa, tiene la mayor y mejor estructura de mejoramiento genético de porcinos de América Latina. Precisamente, desarrolla un programa para actualizar su base genética constantemente, aplicando estrategias como:

- Conexión intensiva con los Núcleos de Mejoramiento de PIC mundialmente;
- Incorporación de nuevas líneas genéticas para agregar variabilidad y fenotipos inéditos al Núcleo de Mejoramiento;
- Importaciones regulares de reproductores de élite, con los más altos índices genéticos de la porcicultura global.

En la producción porcina, el progreso genético es el responsable de las mejoras en la performance de los plantales. Cuanto más rápido sea este avance, más beneficios se transferirán por toda la cadena productiva de la carne porcina, proporcionando ganancias de eficiencia y rentabilidad. Diversas herramientas en el área de la genética son las que aumentan la precisión de la selección de animales de alto valor genético, por ejemplo, la Selección Genómica elevó un 35% el progreso genético de los animales en relación con el programa que se venía adoptando.

Actualmente, la tecnología evoluciona a gran velocidad, y en el ámbito de la genética se generan hoy los productos de la próxima década. "Agrocere PIC" desarrolla nuevas tecnologías de mejoramiento y proporciona herramientas de evaluación genética que ayudan a mejorar la precisión de la estimación del valor genético de los animales. Las tecnologías son: "GNxBred" que es la incorporación de datos de desempeño en sistemas de producción comercial en el programa genético conducido en las Granjas Núcleo. Otra es la "Selección Genómica" que es la selección que considera, en la estimativa de valor genético, la proporción real de genes en común, entre parientes evaluados y no sólo el grado de parentesco medio. Luego "Fire Feeders" que es un sistema electrónico que recoge datos individuales de consumo de ración. Además "Real Time" que es la ecografía de alta precisión para evaluar la calidad de la carcasa en animales vivos. Por último, y la de interés para el presente trabajo, el "PICTraQ" que es un banco de datos mundial, con datos de desempeño, pedigrí de 30 millones de porcinos y toda información relacionada con la producción, conectando a todas las producciones PIC (Calle Ramírez, 2011). El acceso a tanto volumen de información permite evitar la consanguinidad en el plantel de la explotación porcina que llevaría a reducir la capacidad reproductiva y de crecimiento de los animales y no permitiría expresar el mejoramiento genético².

² Disponible en: www.3tres3.com/diccionario-porcino/C/consanguinidad_70/

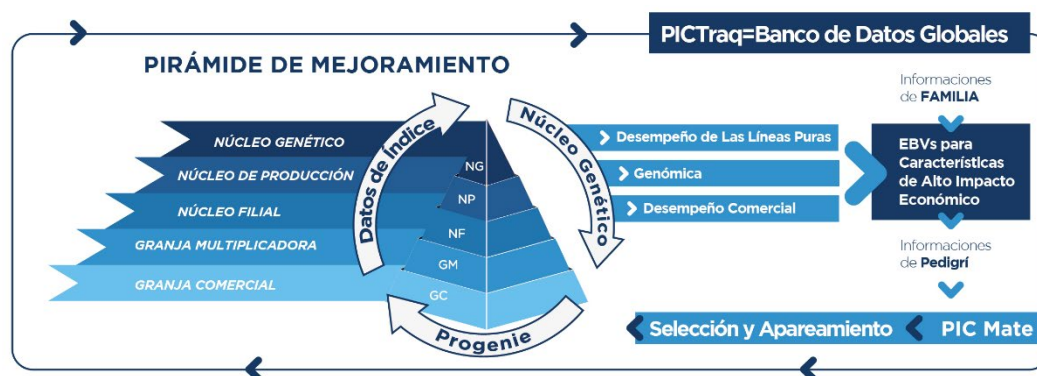


Figura 2. Pirámide de mejoramiento y herramientas de Agrocere PIC.

El mejoramiento genético constituye una parte estratégica de todos los programas de manejo intensivo en el mundo y continuará siendo importante en las producciones. Los nuevos adelantos no harán más que complementar y perfeccionar las actividades de selección y mejora genética futura permitiendo no sólo acelerar los avances en los procesos productivos, sino también, asegurar la viabilidad de las empresas y su competitividad en los mercados globales (Ipinza, 1998). Una pequeña acción como el intercambio de los datos genera un gran impacto en la producción (Agriness, 2011). El concepto de benchmarking aplicado a la cadena productiva porcina implica tomar como referencia los procesos de trabajo de los líderes del sector para compararlos con los de tu propia empresa y posteriormente realizar mejoras e implementarlas. En Agrocere PIC, cada productor se puede posicionar en el mercado y comparar con el mundo gracias a la información que maneja la empresa. Así es que el productor tiene mejor condición para tomar decisiones gerenciales correctas.

Se plantea entonces, en el presente trabajo, la implementación de la base de datos "PICTraq" en una producción porcina intensiva para evitar la consanguinidad en los programas de mejoramiento genético, y así lograr la mejora del plantel en menor tiempo.

Objetivos

Objetivos generales

- Describir los beneficios de la correcta implementación de las herramientas de la empresa "Agrocere PIC", puntualmente la base de datos "PICTraq" en las producciones porcinas intensivas.
- Evaluar la productividad de la hembra reproductiva utilizando o no la base de datos "PICTraq" e inferir sobre el control de la consanguinidad.

Objetivos específicos

- Determinar el total de animales nacidos, vivos y destetados durante la utilización del "PICTraq" y compararlos con los índices obtenidos sin la implementación del "PICTraq".

Materiales y métodos

El presente trabajo se llevó a cabo en la provincia de Buenos Aires, partido de Roque Pérez, en el criadero "Pacuca S.A." (Cabaña Argentina) ubicado sobre la Ruta Nacional 205, Km. 142,5, donde se realiza una producción porcina intensiva.

Los encargados de los galpones realizaron diariamente la toma de datos productivos a lo largo de cada ciclo. Dicha información se proporcionó a la

administración, quien la almacenó en el programa "PigChamp" (Universidad de Minnesota). A partir del año 2013, se comenzó a utilizar la herramienta informática PIC, específicamente la base de datos "PICTraq". De ahí que, se volcó también la información en dicha base de datos. Durante los años evaluados se mantuvo un correcto manejo nutricional y sanitario.

Los resultados para nacidos totales, nacidos vivos y destetados fueron analizados mediante análisis de la varianza en un diseño completamente aleatorizado donde los tratamientos fueron la implementación o no del PICTraq. Las comparaciones entre tratamientos se efectuaron utilizando la prueba de Tukey con un nivel de significación del 95%.

El supuesto de normalidad se estudió mediante el gráfico QQ-plot y la prueba de Shapiro Wilks y el de homocedasticidad utilizando un diagrama de dispersión y la prueba de Levene. Se consideraron significativas aquellas pruebas con valor $p > 0.05$. Todos los análisis estadísticos fueron efectuados utilizando el programa estadístico Infostat.

Las variables observadas fueron nacidos totales, nacidos vivos y destetados en número de lechones, durante los años 2008 al 2013 para el tratamiento sin implementar el PIC y durante los años 2013 al 2017 para el tratamiento implementando el PIC. La variable de nacidos totales se define como el promedio de la suma de los lechones paridos vivos, los muertos y las momias por cerda por cada parto, es decir por camada. Los nacidos vivos es el promedio de los lechones paridos vivos por camada. Finalmente, los destetados es el promedio de lechones destetados por cerda.

Resultados y discusión

Los datos obtenidos desde el año 2008 al 2017 fueron analizados mediante la prueba de Tukey (ver anexo, tablas 6, 7 y 8 y figuras 9, 10 y 11). De acuerdo con los resultados brindados se puede observar que existen diferencias estadísticamente significativas entre los tratamientos.

Cuadro 1. Resultados de la prueba de Tukey para las variables Nacidos totales, Nacidos vivos y destetados entre los tratamientos Sin PIC y Con PIC.

	Sin PIC	Con PIC
Nacidos totales	188.541,40 A	215.014,20 B
Nacidos vivos	172.884,40 A	200.012,00 B
Destetados	159.735,80 A	186.999,60 B

Letras distintas indican diferencias estadísticamente significativas en la prueba de Tukey ($p < 0,05$) entre tratamientos.

En cuanto a Nacidos totales se incrementó en un 14,04% el número de lechones nacidos entre los años que no se utilizó la base de datos PICTraq y los años en que se utilizó. En cuanto a Nacidos vivos se incrementó en un 15,69% el número de lechones nacidos vivos y para destetados un 17,07% el número de lechones destetados.

El incremento que observamos en las variables estudiadas muestra que la utilización de una base de datos como PICTraq que considera los índices genéticos para indicar los mejores cruzamientos para evitar la consanguinidad y así evitar la depresión endogámica, nos permite obtener ganancias genéticas a gran velocidad.

En genética se utiliza como referencia 5 índices de productividad: Destetados por hembra por año; Tasa de parición; Media de nacidos vivos; Media de destetados y

Repetición del ciclo (Agriness, 2010). Por esta razón en el presente trabajo se toman como variables: Nacidos totales, Nacidos vivos y Destetados.

Si la consanguinidad produce depresión endogámica (OCampo, 2013) para reducir el efecto de la consanguinidad hay que evitar el apareamiento entre parientes (Segura-Correa & Montes-Pérez, 2001). Al utilizar el PICTraQ, semanalmente envían al criadero el informe de los EBV actualizados de los padrillos, además de los cruzamientos ideales para evitar apareamiento entre animales emparentados.

Una vez que se utiliza un programa de gestión, el acceso a información del rendimiento de las granjas es fundamental para que el productor pueda comparar su granja frente a la realidad de producción de su medio. Por esta razón resulta importante que los datos sean fiables. El registro de la información y la comparación con los demás permite al productor medir el espacio que tiene para mejorar el desempeño de su granja (Mejores Agriness, 2009). En el caso planteado en el presente trabajo, al cargar diariamente la información en la base PICTraQ permite que la granja esté actualizada permanentemente, por lo que los EBV enviados semanalmente desde Agrocere PIC están actualizados con toda la información disponible de la granja y del resto de las producciones PIC. Esto conlleva a tener mayor precisión en los cruzamientos y así se obtiene mayor ganancia genética en menor tiempo.

Conclusiones

Según Jorge Brunori (2008), la eficiencia es la herramienta que "tranquera adentro" permite alcanzar la sustentabilidad a largo plazo de la actividad porcina. La mayor contribución para la rentabilidad de un sistema de producción porcina es la mejora genética continua y cuanto más rápido sea esta mejora, más beneficios se transferirán por toda la cadena productiva proporcionando ganancias de eficiencia y rentabilidad (PIC, 2017). El conjunto de herramientas disponibles actualmente, en cuanto a genética, como los marcadores genéticos, la genómica y la base de datos permiten aumentar la producción, por lo tanto, la eficiencia en menor tiempo. La disponibilidad de datos y que la mejora se de en menor tiempo da como resultado eficiencia.

Siendo las cosas así, resulta claro que con el desarrollo de nuevas metodologías que incluyen evaluaciones utilizando información genómica, se espera que las ganancias continúen ocurriendo para las características de interés, respetando los límites fisiológicos de los porcinos y generando ganancias adicionales en productividad y rentabilidad para la cadena de producción porcina (Ferreira et al, 2014).

En función de lo expuesto en el presente trabajo y en comparación al manejo realizado durante los años 2008 al 2012, en donde los cruzamientos eran dirigidos con menos datos, se comprueba que utilizar una herramienta como el PICTraQ, incrementa la productividad de las hembras reproductivas, es decir la producción y por lo tanto la eficiencia de la producción porcina. Esto se debe a que se evita la consanguinidad en los cruzamientos dando progenies con menor depresión endogámica por lo tanto de mayor productividad, gracias al control y la efectividad que permite llevar la herramienta sobre cada cruzamiento en la granja.

Anexos

Supuestos del modelo

Para que las conclusiones sean válidas, debemos verificar los siguientes supuestos de la prueba:

- Las muestras deben ser aleatorias y las observaciones independientes entre sí
- Los tratamientos deben tener la misma variabilidad (homocedasticidad)
- Las observaciones de cada tratamiento deben proceder de poblaciones normales

Normalidad

Para cada tratamiento, la variable debe seguir una distribución normal. Podemos probar esto a través de métodos gráficos o analíticos. Gráficamente se elabora un "Q-Q plot" que consiste en un gráfico de dispersión de los cuantiles observados vs los cuantiles esperados suponiendo distribución normal. Si la distribución es normal, los datos deben quedar alineados.

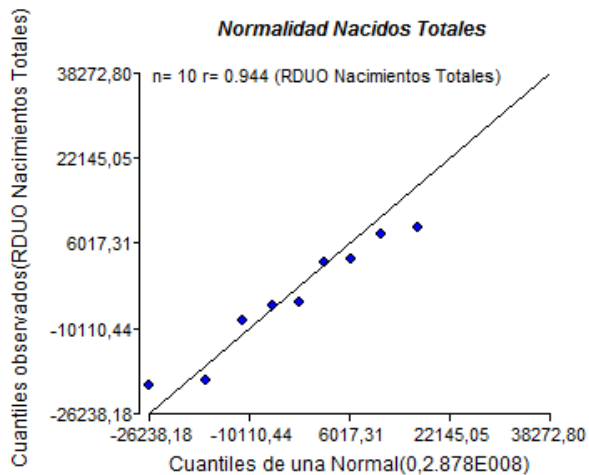


Figura 3. Gráfico de Q-Q Plot para la variable Nacidos Totales.

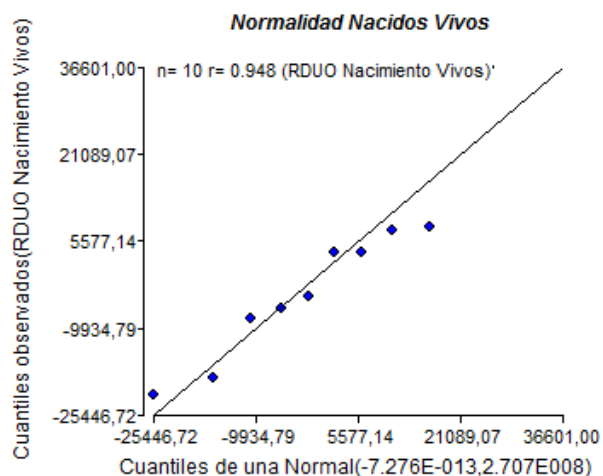


Figura 4. Gráfico de Q-Q Plot para la variable Nacidos Vivos.

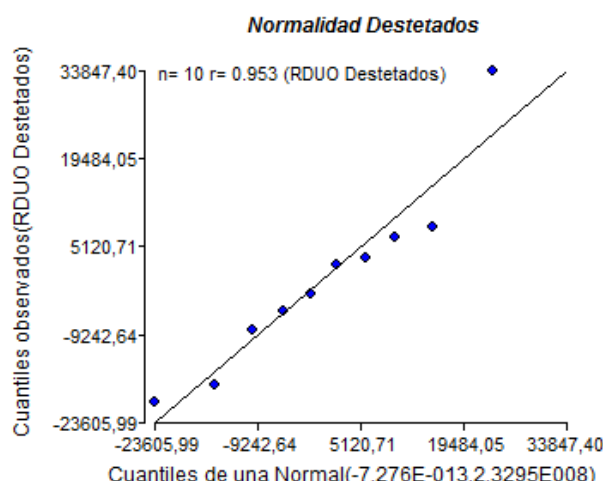


Figura 5. Gráfico de Q-Q Plot para la variable Destetados.

En este caso, podemos decir que la distribución es normal ya que los "Q-Q plot" muestran datos alineados para todas las variables.

Supuesto de normalidad - Prueba de Shapiro-Wilks

Analíticamente, se realiza la "Prueba de Shapiro-Wilks" cuyo objetivo es realizar una prueba estadística no paramétrica. Sus hipótesis son:

- **Ho**: La variable tiene buen ajuste a una distribución normal. Los residuos se distribuyen normalmente $\mu_1=\mu_2=\mu_3=\mu$
- **H1**: La variable **no** tiene buen ajuste a una distribución normal. Lo residuos **no** se distribuyen normalmente $\mu_1\neq\mu_2\neq\mu_3\neq\mu$
- **Condición de Rechazo**: si el p valor es menor (<) a 0.05 se rechaza Ho.

Shapiro-Wilks (modificado)

Variable	n	Media	D.E.	W*	p(Unilateral D)
RDUO Nacimientos Totales	10	0,00	16964,69	0,91	0,4245
RDUO Nacimiento Vivos	10	0,00	16452,96	0,92	0,5219
RDUO Destetados	10	0,00	15262,80	0,93	0,5933

Tabla 2. Prueba de Shapiro-Wilks (modificada) para las variables Nacidos Totales, Nacidos Vivos y Destetados.

En este caso, dado que p valor es mayor a 0,05 en todas las variables ($p_{\text{valor Nacidos Totales}}=0,4245$; $p_{\text{valor Nacidos Vivos}}= 0,5219$ y $p_{\text{valor Destetados}}= 0,5933$) no se rechaza Ho. Por lo tanto, podemos concluir que no hay evidencias estadísticamente significativas que demuestran que la variable no tiene un buen ajuste a una distribución normal.

Homocedasticidad

Consiste en suponer que todos los tratamientos tienen la misma variabilidad o que los residuos tienen una variabilidad constante. Podemos probar esto a través de métodos gráficos o analíticos. Gráficamente, se elabora un diagrama de dispersión de residuos estandarizados vs esperados o predichos. Si la distribución es normal, los datos deben tener una distribución al azar y con variabilidad constante.

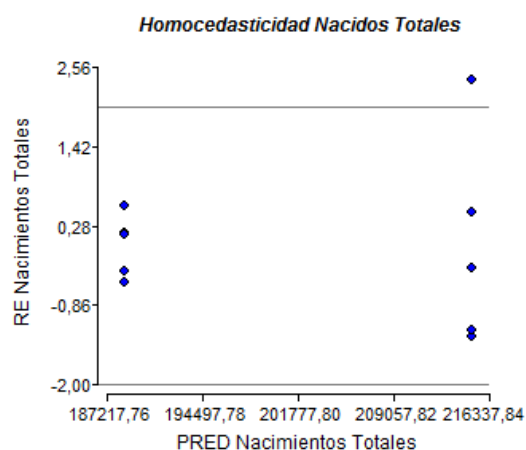


Figura 6. Diagrama de Dispersión para la variable Nacidos Totales.

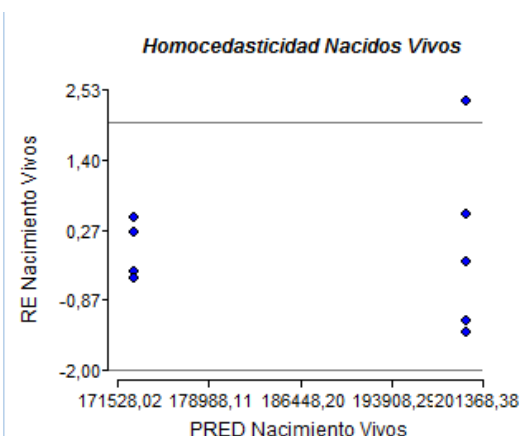


Figura 7. Diagrama de Dispersión para la variable Nacidos Vivos.

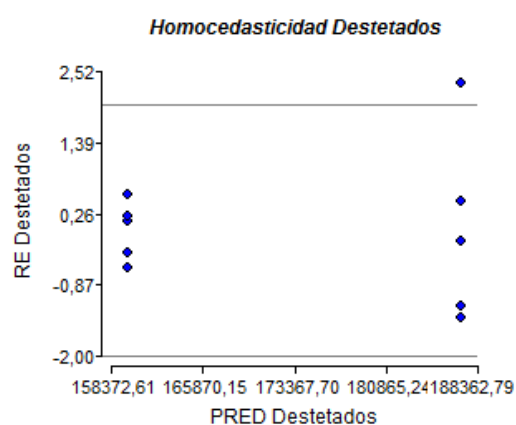


Figura 8. Diagrama de Dispersión para la variable Destetados.

En este caso, podemos decir que los tratamientos tienen la misma variabilidad ya que en los diagramas de dispersión observamos una distribución al azar y variabilidad constante.

Supuesto de homocedasticidad - Prueba de Levene

Analíticamente, se realiza la "Prueba de Levene" cuyo objetivo es realizar un análisis de la varianza usando como variable dependiente el valor absoluto de los residuos. Sus hipótesis son:

- **Ho**: $\sigma^2_1 = \sigma^2_2 = \sigma^2_3 = \sigma$
- **H1**: alguna $\sigma^2_i \neq \sigma^2$
- **Condición de Rechazo**: si el p valor es menor (<) a 0.05 se rechaza Ho.

RABS Nacimientos Totales

Variable	N	R ²	R ² Aj	CV
RABS Nacimientos Totales	10	0,36	0,28	78,72

Cuadro de Análisis de la Varianza (SC tipo III)

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo.	403296123,14	1	403296123,14	4,45	0,0679
Tratamiento	403296123,14	1	403296123,14	4,45	0,0679
Error	724821746,64	8	90602718,33		
Total	1128117869,78	9			

Tabla 3. Prueba de Levene para la variable Nacidos Totales.

RABS Nacimiento Vivos

Variable	N	R ²	R ² Aj	CV
RABS Nacimiento Vivos	10	0,35	0,27	77,29

Cuadro de Análisis de la Varianza (SC tipo III)

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo.	362601482,90	1	362601482,90	4,33	0,0711
Tratamiento	362601482,90	1	362601482,90	4,33	0,0711
Error	670523953,17	8	83815494,15		
Total	1033125436,06	9			

Tabla 4. Prueba de Levene para la variable Nacidos Vivos.

RABS Destetados

Variable	N	R ²	R ² Aj	CV
RABS Destetados	10	0,31	0,22	82,43

Cuadro de Análisis de la Varianza (SC tipo III)

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo.	282156441,86	1	282156441,86	3,53	0,0970
Tratamiento	282156441,86	1	282156441,86	3,53	0,0970
Error	639001481,92	8	79875185,24		
Total	921157923,78	9			

Tabla 5. Prueba de Levene para la variable Destetados.

En este caso, dado que el p valor es mayor a 0,05 en todas las variables (p valor_{Nacidos Totales}=0,0679; p valor_{Nacidos Vivos}= 0,0711 y p valor_{Destetados}= 0,0970) no se rechaza Ho. Por lo tanto, podemos decir que las varianzas son homogéneas en todos los tratamientos.

Por todo lo visto anteriormente, se concluye que los supuestos del modelo se cumplen, teniendo los datos una distribución normal y siendo las varianzas homogéneas. De manera que las conclusiones del análisis (prueba de tukey) son estadísticamente válidas.

Resultados

Análisis de la varianza

Nacimientos Totales

Variable	N	R ²	R ² Aj	CV
Nacimientos Totales	10	0,40	0,33	8,92

Cuadro de Análisis de la Varianza (SC tipo III)

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo.	1752022849,60	1	1752022849,60	5,41	0,0484
Tratamiento	1752022849,60	1	1752022849,60	5,41	0,0484
Error	2590205122,00	8	323775640,25		
Total	4342227971,60	9			

Test:Tukey Alfa=0.05 DMS=26242.92046

Error: 323775640.2500 gl: 8

Tratamiento	Medias	n	E.E.
Sin Pic	188541,40	5	8047,06 A
Con Pic	215014,20	5	8047,06 B

Medias con una letra común no son significativamente diferentes (p > 0.05)

Tabla 6. Análisis de la varianza para la variable Nacidos Totales

Nacimiento Vivos

Variable	N	R ²	R ² Aj	CV
Nacimiento Vivos	10	0,43	0,36	9,36

Cuadro de Análisis de la Varianza (SC tipo III)

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo.	1839766704,40	1	1839766704,40	6,04	0,0394
Tratamiento	1839766704,40	1	1839766704,40	6,04	0,0394
Error	2436298353,20	8	304537294,15		
Total	4276065057,60	9			

Test:Tukey Alfa=0.05 DMS=25451.32057

Error: 304537294.1500 gl: 8

Tratamiento	Medias	n	E.E.
Sin Pic	172884,40	5	7804,32 A
Con Pic	200012,00	5	7804,32 B

Medias con una letra común no son significativamente diferentes (p > 0.05)

Tabla 7. Análisis de la varianza para la variable Nacidos Vivos

Destetados

Variable	N	R ²	R ² Aj	CV
Destetados	10	0,47	0,40	9,34

Cuadro de Análisis de la Varianza (SC tipo III)

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo.	1858286976,10	1	1858286976,10	7,09	0,0287
Tratamiento	1858286976,10	1	1858286976,10	7,09	0,0287
Error	2096578176,00	8	262072272,00		
Total	3954865152,10	9			

Test: Tukey Alfa=0.05 DMS=23610.25163

Error: 262072272.0000 gl: 8

Tratamiento Medias n E.E.

Sin Pic 159735,80 5 7239,78 A

Con Pic 186999,60 5 7239,78 B

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

Tabla 8. Análisis de la varianza para la variable Destetados

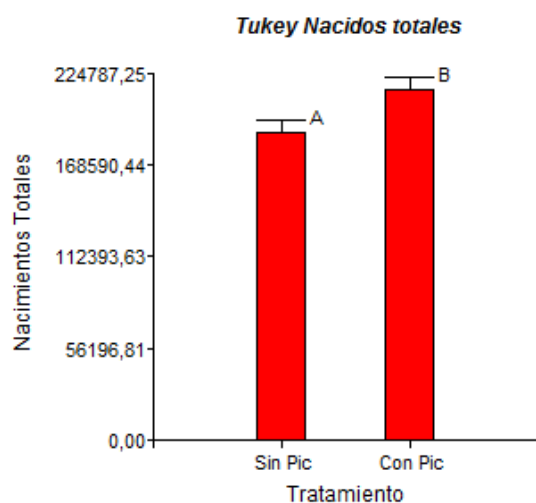


Figura 9. Test de Tukey para la variable Nacidos Totales.

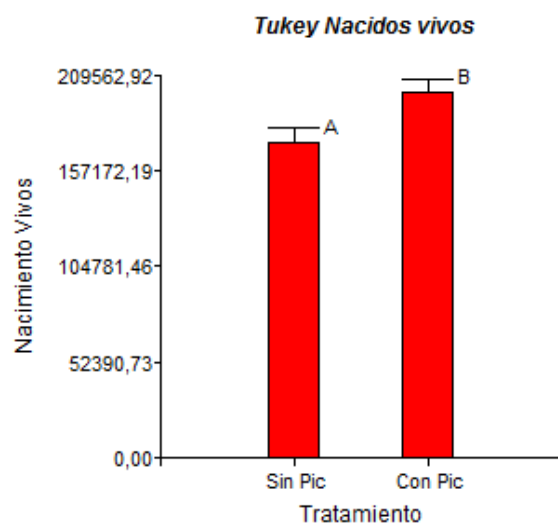


Figura 10. Test de Tukey para la variable Nacidos Vivos.

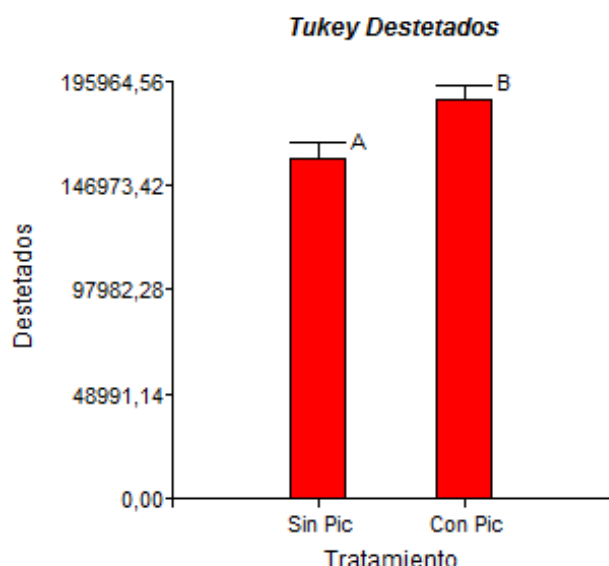


Figura 11. Test de Tukey para la variable Destetados.

Los resultados de la Tabla 6, 7 y 8 y Figura 9, 10 y 11 muestran que hay una diferencia significativa (p valor menor 0,05= 0,0484; 0,0394; 0,0287) entre los tratamientos Sin PIC y Con PIC, con un incremento para nacidos totales del 14,04%, para nacidos vivos del 15,69%, y para destetados del 17,07%.

Glosario

Alelos deletéreos o letal:³ Son alelos mutantes que causan la muerte de los individuos. Pueden ser recesivos o dominantes. Los recesivos causan la muerte en homocigosis y los dominantes en heterocigosis.

Consanguinidad:⁴ Parentesco de dos o más individuos que tienen un antepasado común próximo.

Deriva genética o génica:⁵ Es el cambio en las frecuencias alélicas de una población, que ocurre de generación en generación y se debe al azar.

Depresión endogámica o consanguínea:⁶ El aumento de la consanguinidad a menudo implica la progresiva reducción de la media fenotípica de diversos caracteres, entre los que destacan los vinculados a la eficacia biológica y a la reproducción.

Frecuencia génica o alélica:⁷ Medida de la abundancia de un alelo en una población; proporción en la población de todos los alelos de un gen que son de un tipo concreto.

³ Definición disponible en: es.slideshare.net/roddyarela/3-alelos-letales

⁴ Definición disponible en: rae.es

⁵ Definición disponible en: es.khanacademy.org

⁶ Definición disponible en: www.fcv.unl.edu.ar

⁷ Definición disponible en: <http://bioinformatica.uab.es>

Frecuencia genotípica:⁸ Proporción en una población de individuos de un genotipo concreto.

Heterosis o Vigor Híbrido:⁹ Es la superioridad individual de animales o plantas, que se obtiene por el apareamiento o cruce entre progenitores poco relacionados entre sí, por encima de los representantes promedio de la población de procedencia; es lo opuesto a la depresión por endogamia en donde se cruzan individuos emparentados

Heredabilidad:¹⁰ La heredabilidad es la proporción de la variación fenotípica que es debida a la variación genética total. Su valor varía de cero a uno. Da una idea del grado en que un carácter fenotípico está determinado genéticamente. Es una medida del grado en que los hijos se parecen a los padres en una característica. Los análisis de heredabilidad estiman las contribuciones relativas de las diferencias en factores genéticos y no-genéticos a la varianza fenotípica total en una población.

Inseminación artificial:¹¹ Es el tipo de cubrición en la que el macho no monta a la cerda, sino que introducimos una dosis de semen previamente preparada para fecundar a la cerda usando un catéter.

Mérito genético: Capacidad genética de los animales dentro de una población.

Progreso genético:¹² Es la mejora que se obtiene entre generaciones y normalmente se especifica para un solo carácter. Por ejemplo, si después de un programa de mejora genética se logra que, a través de la selección de animales, los descendientes sean superiores en un determinado carácter, ha ocurrido un progreso genético y ha sido positivo. El progreso genético también puede ser negativo en el caso de que los descendientes tengan unos rendimientos inferiores a los de sus progenitores.

Selección:¹³ Elección de los animales destinados a la reproducción, para conseguir mejoras en la raza.

Referencias bibliográficas

- Blasco, A., Gou, P. (1992). Esquemas de cruzamiento. Porci, (7), 53-66.
- Brunori, J. (2008), Sistemas de producción de cerdos a pequeña y mediana escala. Cambios cualitativos para afrontar las transformaciones de la cadena de valor porcina. INTA Marcos Juárez.
- Calle Ramírez, S. Análisis de la alimentación en la producción del pie de cría de cerdo en Pic Colombia S.A. (Tesis de grado para optar al título de Administrador de Empresas Agropecuarias). Facultad de Ciencias Administrativas y Agropecuarias, Corporación Universitaria Lasallista. Caldas, Colombia. (2011)

⁸ Definición disponible en: <http://bioinformatica.uab.es>

⁹ Definición disponible en: Ocampo R, Cardona H. La endogamia en la producción animal.

¹⁰ Definición disponible en: www.3tres3.com/diccionario-porcino/

¹¹ Definición disponible en: www.3tres3.com/diccionario-porcino/

¹² Definición disponible en: www.3tres3.com/diccionario-porcino/

¹³ Definición disponible en: rae.es

- Ferreira, A. H. et al, Produção de Suínos: Teoria e Prática. Brasília, Associação Brasileira dos Criadores de Suínos, 2014, 908 págs.
- Ghio M & Lucero de la Sota M.N. (2015), Actualización sobre mejoramiento genético porcino en el mundo y en la República Argentina, Revista de la Facultad de Agronomía de la Universidad Nacional de La Pampa, 2 (25): 72-73.
- <http://bioinformatica.uab.es/base/base3.asp?sitio=geneticapoblaciones&anar=glosar&item=f-p> Glosario de genética de poblaciones. Octubre, 2019.
- <http://www.agrocerespic.com.ar/> Mejoramiento genético – tecnología. Octubre, 2019
- <http://www.fao.org/3/a1250s/a1250s18.pdf>, Métodos de mejora genética en apoyo de una utilización sostenible. Octubre, 2019.
- <http://www.fao.org/news/story/es/item/471772/icode/> La seguridad alimentaria futura del mundo pelagra debido a múltiples desafíos. Septiembre, 2017
- <http://www.fcv.unl.edu.ar/archivos/grado/catedras/geneymejamb/informacion/HETEROSIS%20CRUZAMIENTOS.pdf> Heterosis, cruzamientos. Octubre, 2019.
- <https://es.khanacademy.org/science/biology/her/heredity-and-genetics/a/genetic-drift-founder-bottleneck> Genética de poblaciones. Deriva génica. Octubre, 2019.
- https://inta.gob.ar/sites/default/files/script-tmp-inta_-_inseminacin_artificial_en_cerdos.pdf Inseminación artificial en cerdos. Octubre, 2019.
- <https://robertoespinosa.es/2017/05/13/benchmarking-que-es-tipos-ejemplos> Benchmarking: qué es, tipos, etapas y ejemplos. Octubre, 2019.
- https://www.3tres3.com/articulos/definicion-de-registros-y-variables-periodo-de-lactacion_794/ Definición de registros y variables: periodo de lactación. Octubre, 2019.
- https://www.3tres3.com/articulos/granjas-de-genetica-procesado-de-informacion-indices-geneticos_2501/ Granjas de genética - procesado de información - índices genéticos. Octubre, 2019
- <https://www.3tres3.com/diccionario-porcino/> Octubre, 2019.
- https://www.ecured.cu/Mejoramiento_gen%C3%A9tico_en_animales Mejoramiento genético en animales. Octubre, 2017
- https://www.researchgate.net/publication/234081707_Evaluacion_del_merito_genetico_de_los_reproductores_bovinos_Doble_Proposito Manejo de machos reproductores bovinos. Octubre, 2019.
- Ipinza, R. Gutierrez, B. Emhart, V. (1998). Importancia del mejoramiento genético a nivel mundial. Revista Mejora Genética Forestal Operativa. Universidad Austral (pp. 1-25).

- Mejores Agriness (2009), Informe Anual de Desempeño de la Producción de Cerdos, (2):6.
- Mejores Agriness (2010), Informe Anual de Desempeño de la Producción de Cerdos, (3):4.
- Mejores Agriness (2016), Informe Anual de Desempeño de la Producción de Cerdos, (9): 3.
- Mejores Agriness (2018), Informe Anual de Desempeño de la Producción de Cerdos, (11): 5.
- Montaldo,H. Barría, N. (1998), Mejoramiento Genético de Animales, Revista Ciencia al día, 2(1): artículo 3.
- Ocampo R, Cardona H. La endogamia en la producción animal. Rev Colombiana Cien. Anim. 2013; 5(1):463-479.
- Pinheiro, L.C. 2006. Pastoreo Racional Voisin - Tecnología Agroecológica Para el Tercer Milenio. 2ª Ed. Brasil: Ed. Hemisferio Sur. Sagarpa.
- Plastow, G., Sasaki, S., Yu, T. P., Deeb, N., Prall, G., Siggins, K., & Wilson, E. (2003). Practical application of DNA markers for genetic improvement. In Proceedings of the twenty-eighth National Swine Improvement Federation meeting: 2003; Des Moines (pp. 150-154).
- Santana, I. 2001. Conservación y mejora del cerdo Criollo cubano. Revista Computadorizada de Producción Porcina, 8(1):5-22
- Segura-Correa JC, Montes-Pérez RC (2001) Razones y estrategias para la conservación de los recursos genéticos animales. Revista Biomédica 2001; 12 (3): 196-206.
- www.3tres3.com/diccionario-porcino/ Diccionario porcino. Octubre, 2019.
- www.pigchamp-pro.com Octubre, 2019
- www.rae.es Octubre, 2019.