

## Efecto de la consanguinidad sobre la longevidad de cerdas Landrace

J. Casellas, L. Varona, N. Ibáñez-Escriche, J.L. Noguera

Genètica i Millora Animal, IRTA-Lleida, 25198 Lleida, Espanya  
E-mail: joaquim.casellas@irta.es

### Resumen

La consanguinidad es un fenómeno biológico de especial relevancia en las especies domésticas, pudiéndose caracterizar tanto en términos de coeficiente de consanguinidad como fraccionando la contribución de cada individuo fundador en coeficientes de consanguinidad parcial (CP). A partir de los registros de longevidad de 4.226 cerdas de raza Landrace, este trabajo se ha centrado en la modelización de los CP bajo modelos Weibull de riesgos proporcionales y su posterior comparación mediante el DIC (*deviance information criterion*). Se asumieron tres distribuciones *a priori* distintas para los efectos de CP, resultando la normal asimétrica (DIC = 55.064,6) claramente preferible a la normal simétrica (DIC = 55.069,2) y a la distribución uniforme (DIC = 55.077,9). Se descartó, también, el modelo estándar con la consanguinidad global de cada individuo (DIC = 55.078,4). En el caso del modelo con DIC mínimo, la distribución posterior de los efectos de CP fue claramente asimétrica, con el 85,15% de las estimas afectando negativamente a la longevidad de las cerdas y el 14,85% restante con efecto neutro o incluso positivo. Señalar por último, que la heredabilidad para el carácter longevidad fue de 0,159.

**Palabras clave:** Análisis de supervivencia, Asimetría, Consanguinidad, Landrace

### Summary

#### Effect of inbreeding on the longevity of Landrace sows

Inbreeding is a biological phenomenon of special relevance in domestic species, where the overall inbreeding coefficient can be partitioned in founder-specific partial inbreeding (PI) coefficients. Taking longevity data of 4,226 Landrace sows as starting point, this research proposed alternative parameterization for PI effects under Weibull proportional hazard models, and compared their performance through the deviance information criterion (DIC). Three different *a priori* distributions were assumed for PI effects, asymmetric normal (DIC = 55,064.6), symmetric normal (DIC = 55,069.2) and flat (DIC = 55,077.9). Additionally, the standard model accounting for the overall inbreeding coefficient was clearly discarded (DIC = 55,078.4). For the model with asymmetric Gaussian prior, the posterior distribution of PI effects was clearly skewed. An 85.15% of the estimates showed negative effect on sow longevity whereas the remaining 14.85% ones had null or even positive effect on sow survival. Estimated heritability was 0.159.

**Key words:** Asymmetry, Inbreeding, Landrace, Survival analysis

## Introducción

La longevidad de las cerdas es un carácter de máximo interés en los sistemas productivos actuales, dónde el incremento de consanguinidad resultante de la intensa presión de selección puede tener un efecto sustancial sobre los mismos. Aunque los efectos de la consanguinidad se han modelado históricamente sobre la consanguinidad global de cada individuo, algunos estudios proponen la utilización de los coeficientes de consanguinidad parcial (CP) inherentes a cada fundador (Rodríguez et al., 1998; Gulisija et al., 2006). Estos permiten establecer el grado de depresión endogámica (o efecto positivo) originado específicamente por el *background* genético de cada fundador, con las consiguientes implicaciones en los programas de conservación o gestión de la consanguinidad. El objetivo del presente trabajo es caracterizar la distribución de los efectos de CP sobre la longevidad de cerdas de raza Landrace dentro de un contexto Bayesiano, evaluando el ajuste obtenido bajo tres distribuciones *a priori* distintas.

## Material y métodos

### Origen de los datos de longevidad

Para este estudio se han utilizado los registros de longevidad de 4.226 cerdas Landrace hiperprolíficas ( $13,28 \pm 0,06$  lechones por camada) de la cooperativa COPAGA SCCL, controlados entre los años 1988 y 2006. La longevidad de las cerdas se caracterizó como el intervalo temporal entre la fecha de primera cubrición y la fecha de muerte o desvieje (datos completos), mientras que los registros de las cerdas en producción al final de la recogida de datos se trataron como censurados. Durante el periodo analizado se registraron todas las variables producti-

vas y reproductivas de interés (p.ej. fechas de cubrición, parto y destete, número de lechones nacidos totales y vivos, destetados, etc).

El pedigrí completo incluye 6.351 individuos (456 machos y 5.895 cerdas), 1.078 de ellos siendo fundadores sin ancestros registrados. Únicamente 31 fundadores generaron consanguinidad en la población, 18 de ellos contribuyendo en más de 150 cerdas con longevidad registrada. Para los modelos de análisis se consideraron los coeficientes de CP de estos 18 fundadores y se agruparon los 13 fundadores restantes en una misma categoría.

### Análisis de supervivencia

Los datos fueron analizados mediante el modelo *Weibull* de riesgos proporcionales desarrollado por Casellas (2007), incluyéndose los efectos sistemáticos del año a la primera cubrición (16 niveles) y número de lechones destetados (8 niveles; dependiente de tiempo), y los efectos aleatorios del año-estación (71 niveles; dependiente de tiempo) y el componente genético aditivo (modelo animal). Adicionalmente se consideraron los efectos de CP bajo 3 distribuciones *a priori* distintas, a) uniforme (modelo UN) b) normal simétrica de media 0 y varianza  $\sigma_c^2$  (modelo NS), y c) normal asimétrica de varianza  $\sigma_c^2$  y parámetro de asimetría  $\alpha$  (modelo NA; Sahu et al., 2003). Los tres modelos descritos, así como un modelo adicional estimando el efecto de depresión endogámica a partir del coeficiente global de consanguinidad (modelo CG; *a priori* plano), se analizaron mediante inferencia bayesiana, lanzando una única cadena de muestreo de 1.000.000 iteraciones y descartándose las 50.000 primeras como *burn-in*. Los modelos se compararon mediante el DIC (*deviance information criterion*) desarrollado por Spiegelhalter et al. (2002).

## Resultados y discusión

La población Landrace analizada alcanzó una consanguinidad media del  $0,518\% \pm 0,008\%$ , siendo consanguíneas el 28,4% de las cerdas con registro de longevidad (consanguinidad de entre el 0,09% y el 25%). La función de supervivencia empírica para las cerdas Landrace puede observarse en la fig. 1, alcanzando una duración media de la vida productiva de 524 días con una tasa anual de reposición del 69,7%.

El modelo NA resultó claramente preferible (DIC = 55.064,6) sugiriéndose diferencias sustanciales con el modelo NS (DIC = 55.069,2). Los dos modelos restantes, CG y UN, estaban claramente penalizados en términos de DIC y alcanzando valores de 55.078,4 y 55.077,9, respectivamente. Estos resultados sugieren que la mayor flexibilidad de la distribución normal asimétrica desarrollada por Sahu et al.

(2003) aporta ventajas sustanciales mediante la modelización de los efectos de CP. Nótese que esta parametrización permite asimetrías tanto de la cola derecha como izquierda, así como que la distribución presente un valor modal distinto de cero (Sahu et al., 2003).

El modelo NA reportó un grado sustancial de heterogeneidad en los efectos de CP, con estimaciones modales comprendidas entre -0,029 y 0,076 para cada 1% de incremento en consanguinidad. Tomando este segundo valor como ejemplo, podemos observar que la probabilidad de causar baja era 1,078 o 2,138 veces superior, respecto los individuos no consanguíneos, para aquellas cerdas con un 1% o un 10% de consanguinidad, respectivamente. Resulta importante destacar que la distribución posterior para los efectos CP fue claramente asimétrica, sobre-expresándose la cola derecha de la misma (fig. 2). Esta distribución (media = 0,036; moda = 0,034; varianza =

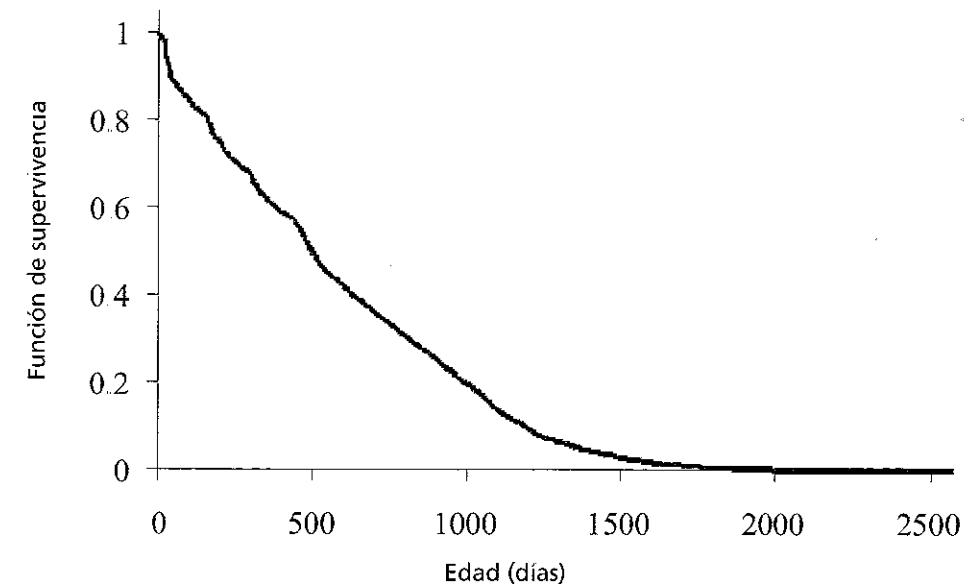


Figura 1. Función de supervivencia de la población Landrace.  
Figure 1. Survival probability of the Landrace population.

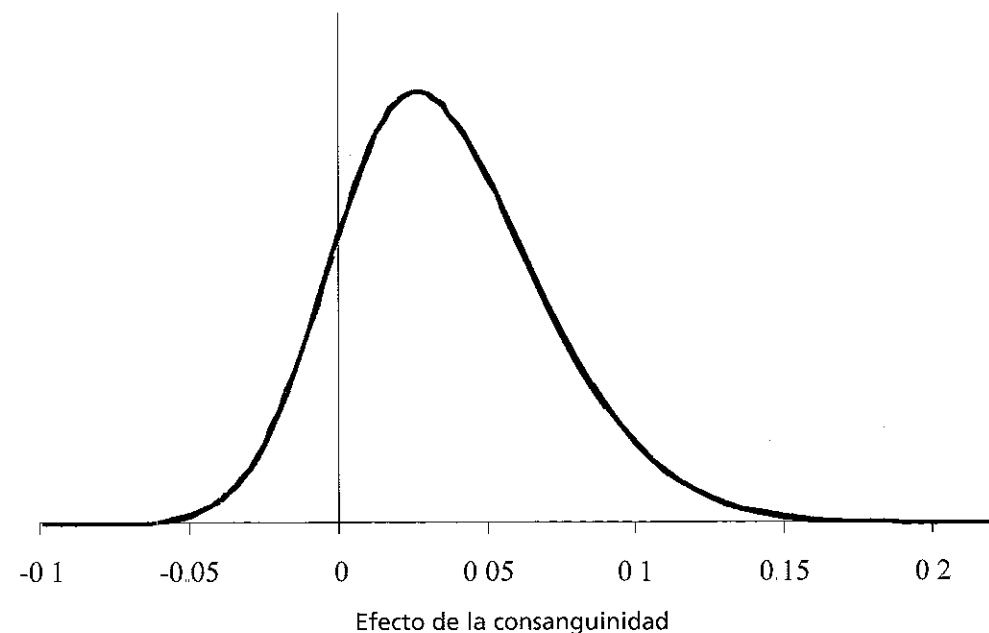


Figura 2. Distribución posterior de los efectos de consanguinidad parcial.  
Figure 2. Posterior distribution of the partial inbreeding coefficients.

0,001; kurtosis =  $1,977 \times 10^{-5}$ ) presentaba un 85,15% de valores positivos (efecto negativo sobre la longevidad de las cerdas), mientras que solo el 14,85% de las estimas eran nulas o negativas. Estos resultados confirmaron la tendencia a empeorar la longevidad de los animales bajo la influencia de la consanguinidad debido probablemente al *background* genético deletéreo (Swindell y Bouzat, 2006), aunque sin descartar un porcentaje reducido de estimas nulas o incluso positivas.

La moda de la heredabilidad para carácter longevidad de las cerdas se situó en 0,153 (intervalo de máxima probabilidad posterior al 95% situado entre 0,131 y 0,189), coincidiendo con las estimas previas de Yazdi et al. (2000) en otra población Landrace. Estos resultados sugieren la posibilidad

de incidir genéticamente sobre la longevidad de las cerdas, tanto mediante selección directa como a través del control de la consanguinidad, sobretodo la originada por algunos fundadores.

#### Agradecimientos

Esta investigación se ha desarrollado gracias al financiamiento de IRTA (contrato 21022) y la colaboración del personal de la granja *Nova Genética* (Solsona, Lleida) y la cooperativa COPAGA SCCL. El contrato de investigación de J. Casellas está parcialmente financiado por el Ministerio de Educación y Ciencia de España (programa Juan de la Cierva).

#### Bibliografía

- Casellas J, 2007. Bayesian inference in a piecewise Weibull proportional hazards model with unknown change points. *J. Anim. Breed. Genet.*, 124, 176-184.
- Gulisija D, Gianola D, Weigel KA, Toro MA, 2006. Between-founder heterogeneity in inbreeding depression for production in Jersey cows. *Livest. Prod. Sci.*, 104, 244-253.
- Rodríguez J, Toro MA, Rodríguez MC, Silió L, 1998. Effect of founder allele survival and inbreeding depression on litter size in closed lines of Large White pigs. *Anim. Sci.*, 67, 573-582.
- Sahu SK, Dey DK, Branco MD, 2003. A new class of multivariate skew distributions with appli-

cations to Bayesian regression models. *Can. J. Stat.* 31: 129-150.

Spiegelhalter DJ, Best NG, Carlin BP, van der Linde A. 2002. Bayesian measures of model complexity and fit. *J. Royal Stat. Soc., B* 64, 583-639.

Swindell WR, Bouzat JL, 2006. Inbreeding depression and male survivorship in *Drosophila*: Implications for senescence theory. *Genetics*, 172, 312-327.

Yazdi MH, Rydhmer L, Ringmar-Cederberg E, Lundheim N, Johansson K, 2000. Genetic study of longevity in Swedish Landrace sows. *Livest. Prod. Sci.*, 63, 255-264.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)