

Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano
Departamento de Ciencia y Producción Agropecuaria
Ingeniería Agronómica



Proyecto Especial de Graduación
Evaluación Genética de la Pira de la Escuela Agrícola Panamericana
Zamorano utilizando el software VIRTUALBLUP®

Estudiantes

Mariela Sofia Flores Ramirez
Carlos Lico Orellana Quijada

Asesores

Rogel Castillo, M.Sc.
John Jairo Hincapie, D.Sc.

Honduras, julio 2024

Autoridades

SERGIO ANDRÉS RODRÍGUEZ ROYO

Rector

ANA M. MAIER ACOSTA

Vicepresidenta y Decana Académica

CELIA ODILA TREJO RAMOS

Directora Departamento de Ciencia y Producción Agropecuaria

JULIO NAVARRO

Secretaria General

Agradecimientos

Queremos expresar nuestro más sincero agradecimiento al Ingeniero Rubén Muñoz por su valiosa contribución a este trabajo. Su desarrollo del software VirtualBlup® fue fundamental para el avance de esta investigación. Además de su constante disposición para brindar asesorías técnicas y su dedicación nos permitieron superar los desafíos que se presentaron durante el proceso.

Contenido

Agradecimientos	3
Contenido.....	4
Índice de Cuadros.....	5
Índice de Figuras	6
Índice de Anexos	7
Resumen	8
Abstract.....	9
Introducción.....	10
Materiales y Métodos	13
Ubicación	13
Metodología.....	13
Características Analizadas Según los Métodos	13
Modelo Animal de Repetibilidad	13
Modelo Animal con Efectos Ambientales Comunes:.....	13
Resultados y Discusión.....	14
Conclusión.....	21
Recomendaciones.....	22
Referencias.....	23
Anexos.....	25

Índice de Cuadros

Cuadro 1 Análisis de correlación entre el peso al nacimiento y el número de lechones nacidos vivos, de las razas presentes en la piara de la Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano	18
Cuadro 2 Análisis de correlación entre el peso al nacimiento y el número de lechones nacidos vivos de la raza Duroc en la piara de la Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano	18
Cuadro 3 Análisis de correlación entre el peso al nacimiento y el número de lechones nacidos vivos de la raza Landrace en la piara de la Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano	18
Cuadro 4 Análisis de correlación entre el peso al nacimiento y el número de lechones nacidos vivos de la raza Yorkshire en la piara de la Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano	19

Índice de Figuras

Figura 1 Individuos superiores para el carácter peso al nacimiento.	14
Figura 2 Individuos superiores para el carácter peso al destete.	15
Figura 3 Individuos superiores para el carácter lechones nacidos vivos.	16
Figura 4 Individuos superiores para el carácter lechones destetados.....	17
Figura 5 Distribución de nacidos vivos al primer parto según razas.....	19
Figura 6 Distribución de Peso al Nacer según la raza.	20

Índice de Anexos

Anexo A. Base de datos para análisis de correlación obtenidos de la piara del Zamorano	25
Anexo B. Tabla de resultados análisis de correlación de las tres razas presentes en la piara de la Universidad Zamorano.....	27
Anexo C. Tablas de resultados de análisis de correlación por razas presentes en la piara de la Universidad Zamorano.....	28

Resumen

Se realizó una evaluación genética en la Granja Porcina de la Escuela Agrícola Panamericana Zamorano utilizando el software VirtualBLUP®, con el objetivo de conocer los animales con un mejor desempeño, desde un punto genético. Así mismo, se estableció como objetivo si existe una correlación entre los caracteres peso al nacimiento y lechones nacidos vivos al primer parto. El software VirtualBLUP® utiliza como metodología estadística el BLUP (Mejor Predictor Lineal Insesgado). El uso del software requirió datos productivos, registros genealógicos y parámetros genéticos dependiendo del carácter a evaluar en los individuos. Entonces, para realizar las evaluaciones de las características peso al nacimiento, peso al destete, lechones nacidos vivos y lechones destetados se escogieron los siguientes modelos: modelo animal de repetibilidad y modelo animal con efectos ambientales comunes. Los valores genéticos se ordenaron según el carácter deseado. Para el carácter peso al nacimiento, el valor genético más alto fue de 0.25581, correspondiente a la cerda 821-19, y el más bajo fue de 0.14456 (cerda 137-21). Para el carácter peso al destete, la cerda 350-22 mostró el valor genético más alto (0.32479) y el más bajo fue de 0.20169 (cerda 898). Continuando, para el carácter de lechones nacidos vivos, la cerda 219-20 presentó el valor genético más alto (0.63444), mientras que la cerda 236-22 tuvo el más bajo (0.38662). Para lechones destetados, la cerda 64-19 tuvo el valor genético más alto (0.45251) y la 80-21 el más bajo (0.25927). La relación entre el peso al nacer y el número de lechones nacidos vivos en el primer parto mostró una correlación positiva baja de 0.256, con un valor p de 0.0337. Esto significa que hay una conexión significativa, pero bastante débil, sugiriendo que otros factores también pueden afectar cuántos lechones nacen vivos.

Palabras clave: BLUP, datos productivos, evaluación genética, genealogía, lechones destetados, lechones nacidos vivos, peso al destete, peso al nacimiento.

Abstract

A genetic evaluation was carried out at the Swine Center of Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano using the VirtualBLUP® software, to know the animals with the best performance, from a genetic point of view, within the swine center so that informed decisions can be made. Likewise, demonstrate if there is a correlation between birth weight traits and piglets born alive at first birth. The VirtualBLUP® software uses BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) as a statistical methodology. To use the software, productive data, pedigree records, and genetic parameters were required depending on the trait evaluated in the individuals. Consequently, to evaluate the characteristics of birth weight, weaning weight, piglets born alive, and weaned piglets the following models were chosen: repeatability animal model and animal model with common environmental effects. The genetic values of each individual were ordered according to the desired trait. For the birth weight trait, the highest genetic value was 0.25581, corresponding to sow 821-19, and the lowest was 0.14456 (sow 137-21). For the weaning weight trait, sow 350-22 showed the highest genetic value (0.32479) and the lowest was 0.20169 (sow 898). Continuing, for the live-born piglets trait, sow 219-20 presented the highest genetic value (0.63444), while sow 236-22 had the lowest (0.38662). Regarding the weaned piglets trait, sow 64-19 had the highest genetic value (0.45251) and sow 80-21 the lowest (0.25927). The relationship between birth weight and number of piglets born alive at first farrowing showed a low positive correlation of 0.256, with a p-value of 0.0337. This means that there is a significant, but rather weak connection, suggesting that other factors may also affect how many piglets are born alive.

Keywords: Birth weight, BLUP, genetic evaluation, pedigree, piglets born alive, productive data, weaned piglets, weaning weight.

Introducción

La porcicultura es una de las actividades agropecuarias más importantes a nivel mundial, esto debido a que la carne de cerdo es una de las que mayor consumo tiene alrededor del planeta (Instituto para la Innovación Tecnológica en la Agricultura [INTAGRI], 2019). En los últimos años la porcicultura ha tenido cambios significativos económicamente hablando, dado que la creciente demanda ha generado que las técnicas productivas sean cada vez más eficientes; sin embargo, también esto exige una mayor cantidad de insumos agrícolas, como granos para la elaboración de alimentos balanceados (Asociación de Productores de Alimentos Balanceados [APROBAL], 2022). En Centroamérica, la cantidad de carne de cerdo consumida por persona es la más alta en Costa Rica, con 14.4 kg, seguida de Panamá con 12.4 kg, Honduras con 4 kg, Guatemala con 3.7 kg, Nicaragua con 2.7 kg y El Salvador con 2.1 kg. El 83% de la producción regional de carne porcina se produjo en 2016 en Costa Rica, Guatemala y Panamá; el 17% restante se produjo en Honduras, Nicaragua y El Salvador (Asociación Gremial de Productores de Cerdos de Chile [ASPROCER], 2017).

Uno de los pilares productivos y a uno de los que más énfasis se les da es la genética, en la actualidad existen técnicas de mejoramiento genético y un amplio mercado enfocado en este rubro ya que está directamente relacionado con la productividad y calidad de la carne, además, afecta los índices reproductivos de la granja, es decir, la cantidad de lechones por camada, la producción láctea, el peso de los lechones al nacimiento y al destete, lechones nacidos vivos y lechones destetados. El productor debe prestar atención a la selección genética de su pie de cría como a la manera de usarlos para maximizar los beneficios. Estas diferencias en la productividad y la calidad de canal de las cerdas, dependiendo de su genética, indican que es crucial que el productor tenga en cuenta esta elección (Padilla Pérez, 2017).

La evaluación genética es un punto clave en la producción, ya que esta indica si las líneas y razas que se están utilizando están dando los beneficios requeridos. La genética afecta directamente factores como: los días de descanso después del parto, la productividad, kilogramo de carne producido

por año, los días abiertos, conversión alimenticia, por lo que es de gran importancia realizar esta labor constantemente. Cabe recalcar que la mejora genética cuenta con dos líneas, las maternas y paternas, los programas de desarrollo genético del porcino incluyen la selección de líneas maternas por paridad y características productivas, sin embargo, su selección es por capacidad materna y características reproductivas, y las líneas paternas seleccionadas por características productivas y calidad de la carne (Tussel, 2022).

Existen diversos métodos para el mejoramiento genético en porcinos, entre los cuales se encuentran la selección de material genético nuevo adquiriendo reproductores mejorados, que aporten mejoras específicas para determinadas características y la auto reposición que, El proceso implica seleccionar a los animales más destacados de la población de la granja, basándose en las características que se desean mejorar, como futuros reproductores (Jacho López y Beltrán Rosas, 2016). Además, los cruces que se realizan deben tener en cuenta que el mejoramiento de las características maternas desemboca en crías mucho más productivas, por lo que es necesario tener un equilibrio entre las cruces de líneas maternas y paternas.

Entre las técnicas de la evaluación genética se puede mencionar el Mejor Predictor Lineal Insesgado (BLUP por sus siglas en inglés), una herramienta excelente para el mejoramiento genético ya que permite la evaluación de candidatos a la reproducción basado en su potencial genético (Amaya Martínez et al., 2019). El BLUP, en otras palabras, elimina los efectos de las diferencias debidas al estado de salud, sistema de alimentación, diseño de los alojamientos, estación del año, localización, etcétera. Esto se consigue a través del uso de modelos estadísticos especializados que utilizan la información propia del animal junto con la información de sus parientes a lo largo de varios años, granjas y ambientes (Walters, 2013). El método BLUP requiere el uso de bases de datos muy complejas de información genética, productiva, reproductiva y genealógica, así como de programas informáticos (Tibau i Font, 2013). Es por esto, que el BLUP trae ventajas como un mayor progreso genético en

menor tiempo, mejor selección para caracteres difíciles, mejor control en la consanguinidad, entre otros.

El objetivo de esta investigación fue realizar una evaluación genética en la granja porcina de la Escuela Agrícola Panamericana Zamorano, valorando las siguientes características reproductivas: peso al nacimiento, peso al destete, lechones nacidos vivos y lechones destetados. Con el fin de obtener los valores de cría estimados.

Materiales y Métodos

Ubicación

La investigación se realizó en la Granja Porcina Educativa de la Escuela Agrícola Panamericana Zamorano, que está ubicada en el Valle del río Yegüare a 30 km al sureste de Tegucigalpa, Honduras. Con una elevación de 800 msnm, temperatura promedio de 24 °C y precipitación promedio anual de 1,100 mm.

Metodología

Se utilizó el software VIRTUALBLUP® para determinar los valores de cría de los animales en evaluación, en cada una de las características seleccionadas.

Características Analizadas Según los Métodos

Modelo Animal de Repetibilidad

Lechones nacidos vivos

Lechones destetados

Modelo Animal con Efectos Ambientales Comunes:

Peso al nacimiento

Peso al destete

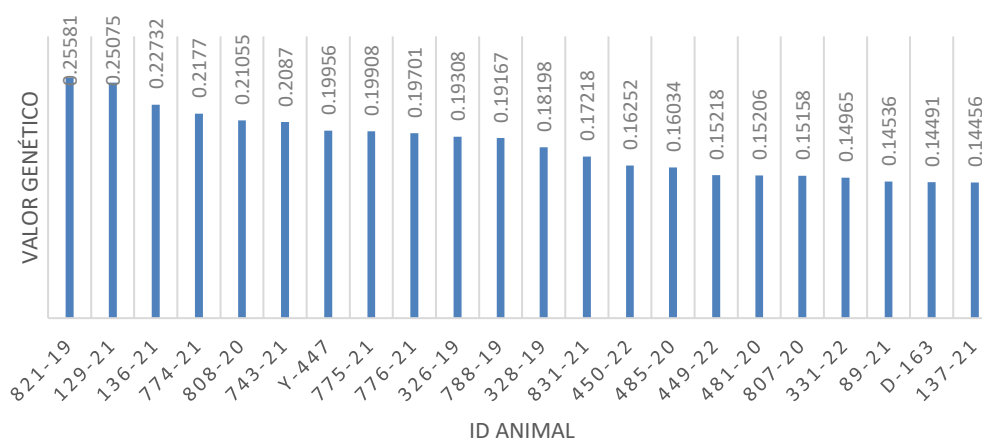
Resultados y Discusión

Peso al Nacimiento

Para el carácter peso al nacimiento se utilizaron los siguientes parámetros genéticos para porcinos: una heredabilidad de 0.15 obtenidos de Muñoz Flores y González Verdejo (2016) y un ambiente común de 0.20 obtenidos de Muñoz (comunicación personal, mayo 2024). La Figura 1 muestra el 10% de los individuos con valores genéticos superiores; siendo el menor de estos la cerda 137-21 con un valor genético de 0.14456. Por otro lado, el valor genético más alto pertenece a la cerda 821-19 siendo este de 0.25581. Teniendo en cuenta que estos valores fueron determinados tomando en cuenta la raza y el año de nacimiento del individuo como factores. Estos valores genéticos de peso al nacimiento ayudan a detectar un posible desempeño de la cerda como reproductora en un futuro. De igual manera, el peso del lechón al nacer y al destete son factores importantes que afectan la sobrevivencia del lechón, ya que un peso bajo al nacer implica un alto índice de morbilidad y mortalidad hasta el destete (Sánchez Dávila et al., 2015). Teniendo en cuenta que estos valores fueron determinados tomando en cuenta la raza y el año de nacimiento del individuo como factores.

Figura 1

Individuos superiores para el carácter peso al nacimiento.

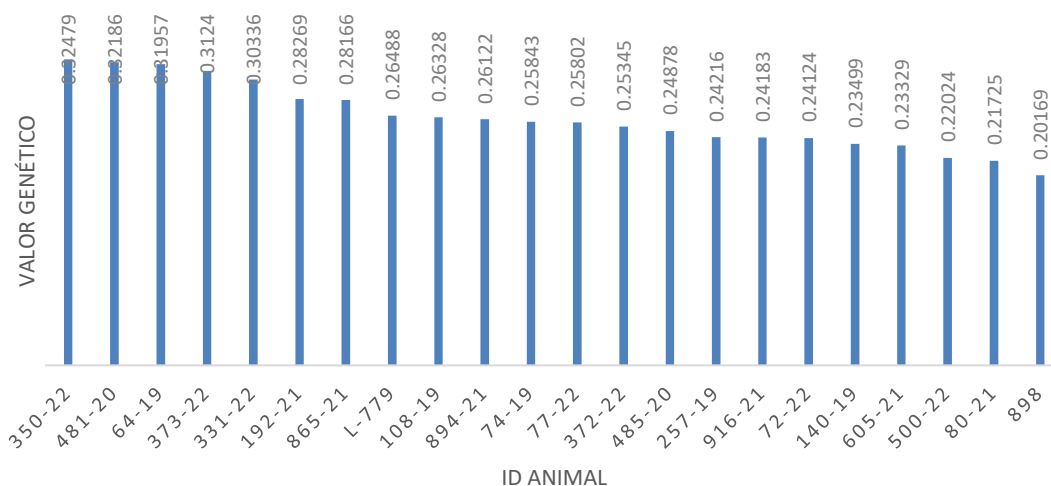


Peso al Destete

Para el carácter peso al destete se utilizó una heredabilidad de 0.15 obtenidos de Muñoz Flores y González Verdejo (2016) y un ambiente común de 0.20 obtenidos de Muñoz (comunicación personal, mayo 2024). La Figura 2 muestra el 10% de los individuos con valores genéticos superiores; siendo el mayor de estos la cerda 350-22 con un VG de 0.32479 y el menor VG es de 0.20169 siendo este de la cerda 898. Para esta evaluación genética se tomaron como factores a el año de nacimiento y la raza; como covariable el peso al nacimiento. La habilidad de lactancia de la cerda está relacionada con el peso de la camada al destete, 21 día después del parto (DanBred, 2021).

Figura 2

Individuos superiores para el carácter peso al destete.

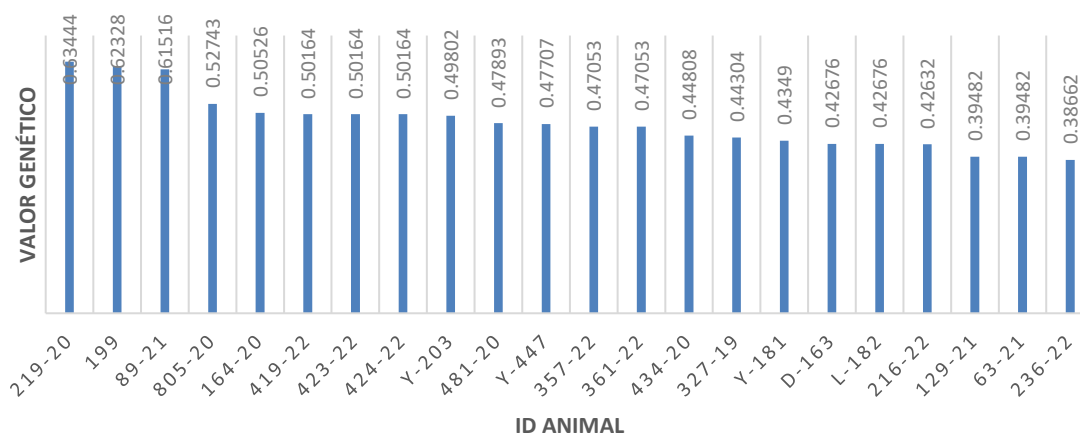


Lechones Nacidos Vivos

Para el carácter lechones nacidos vivos se utilizó una heredabilidad de 0.10 obtenidos de Muñoz Flores y González Verdejo (2016) y una repetibilidad de 0.15 obtenidos de Bourdon (1999). El 10% de los individuos con valores genéticos superiores se muestran en la Figura 3, con el valor genético más bajo de 0.38662 de la cerda 236-22. Sin embargo, el valor genético más alto es el de la cerda 219-20, con 0.63444. El número de lechones nacidos vivos y destetados influye significativamente en la productividad de la producción porcina (Duifhuis Rivera, 2019).

Figura 3

Individuos superiores para el carácter lechones nacidos vivos.

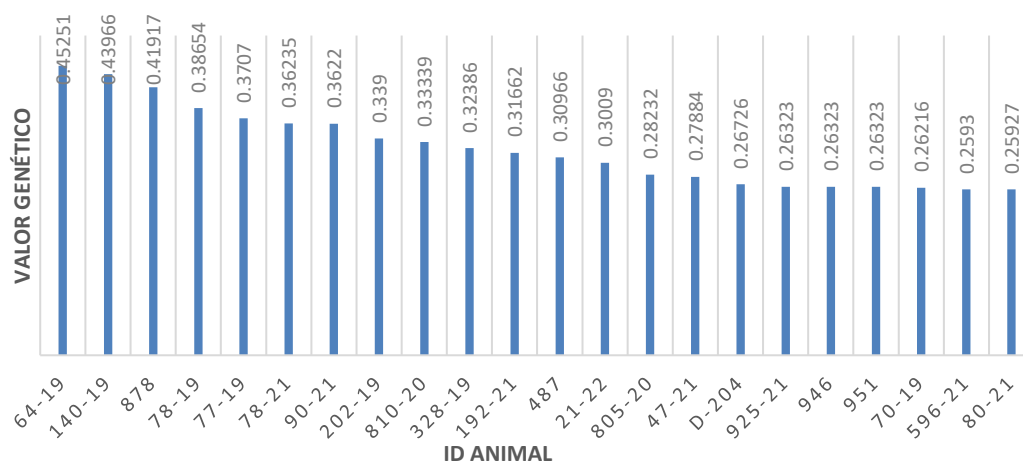


Lechones Destetados

Para el carácter lechones destetados se utilizó una heredabilidad de 0.10 obtenida de Muñoz Flores y González Verdejo (2016) y una repetibilidad de 0.10 obtenidos de Bourdon (1999). El 10% de los individuos superiores se muestran en la Figura 4. La cerda 64-19 tiene el VG más alto de 0.45251, mientras que la cerda 80-21 tiene el VG más bajo de 0.25927. Debido a la expresión limitada del sexo y a la baja heredabilidad, el mejoramiento genético de los rasgos reproductivos en las hembras es complicado y difícil, ya que el fenotipado de estos rasgos solo es posible más tarde en la vida de una cerda. Los programas de cría de animales tradicionales enfrentan dificultades debido a estas condiciones (Duifhuis Rivera, 2019).

Figura 4

Individuos superiores para el carácter lechones destetados.



Correlación Peso al Nacimiento y Lechones Nacidos Vivos al Primero Parto

Se analizaron los datos de peso al nacimiento y lechones nacidos vivos al primer parto de cada cerda reproductora para realizar un coeficiente de correlación de dichos caracteres utilizando SAS OnDemand. De igual manera, se realizó un análisis de correlación de peso al nacimiento y lechones nacidos vivos al primer parto por raza.

En los resultados del análisis de la correlación entre el peso al nacimiento y el número de lechones nacidos vivos al primer parto, se encontraron diferencias entre las razas estudiadas. El Cuadro 1 muestra que existe una correlación positiva baja, con un valor de 0.256 entre estas dos variables, y un valor p de 0.0337, que demuestra que la relación es estadísticamente significativa. Sin embargo, la baja magnitud de la correlación sugiere que otros factores también podrían estar influyendo en el número de lechones nacidos vivos.

Interpretando los resultados obtenidos por razas, se encontraron diferencias notables. Por ejemplo, en el Cuadro 2 se observa que la correlación es positiva; sin embargo, el valor p indica que esta relación no es estadísticamente significativa. Estos resultados podrían deberse al tamaño reducido de la muestra evaluada, que consta de solo ocho individuos. En cuanto al Cuadro 3, la correlación es muy baja, con un valor de 0.066, y la probabilidad es de 0.750, lo que evidencia que no

hay una relación estadísticamente significativa entre ambas variables. Según los resultados del Cuadro 4, se observa que la correlación es positiva, con una probabilidad de 0.054, lo que indica una tendencia hacia la significancia estadística. Aunque la relación es cercana a ser significativa, no se puede llegar a una conclusión definitiva sin realizar más investigaciones.

La relación lineal entre dos variables cuantitativas continuas que muestran covariación sin tener una relación causal se conoce como correlación. Insignificante ($(r < |0,1|)$); bajo ($(|0,1| < r \leq |0,3|)$); medio ($(|0,3| < r \leq |0,5|)$) y fuerte ($(r > |0,5|)$) son las clasificaciones de las correlaciones (Vinuesa (2016)).

Cuadro 1

Análisis de correlación entre el peso al nacimiento y el número de lechones nacidos vivos, de las razas presentes en la piara de la Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano

Variable	N.	Media	Dev. Std.	Mínima	Máxima	Correlación	Prob.
PNacer*	69	1.72	0.53	0.76	3.80	0.25603	0.0337
NV1P*	69	10.21	2.70	4.00	15.00	0.25603	0.0337

Nota. Razas: Yorkshire, Landrace y Duroc. PNacer: Peso al Nacer; NV1P: Nacidos Vivos al Primer Parto.

Cuadro 2

Análisis de correlación entre el peso al nacimiento y el número de lechones nacidos vivos de la raza Duroc en la piara de la Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano

Variable	N.	Media	Dev. Std.	Mínima	Máxima	Correlación	Prob.
PNacer*	8	1.41	0.24	1.05	1.72	0.36142	0.3790
NV1P*	8	9.00	1.92	6.00	12.00	0.36142	0.3790

Nota. PNacer: Peso al Nacer; NV1P: Nacidos Vivos al Primer Parto.

Cuadro 3

Análisis de correlación entre el peso al nacimiento y el número de lechones nacidos vivos de la raza Landrace en la piara de la Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano

Variable	N.	Media	Dev. Std.	Mínima	Máxima	Correlación	Prob.
PNacer*	26	1.80	0.39	1.18	2.46	0.06576	0.7496
NV1P*	26	10.03	2.87	4.00	15.00	0.06576	0.7496

Nota. PNacer: Peso al Nacer; NV1P: Nacidos Vivos al Primer Parto.

Cuadro**4**

Análisis de correlación entre el peso al nacimiento y el número de lechones nacidos vivos de la raza Yorkshire en la piara de la Escuela Agrícola Panamericana, Zamorano

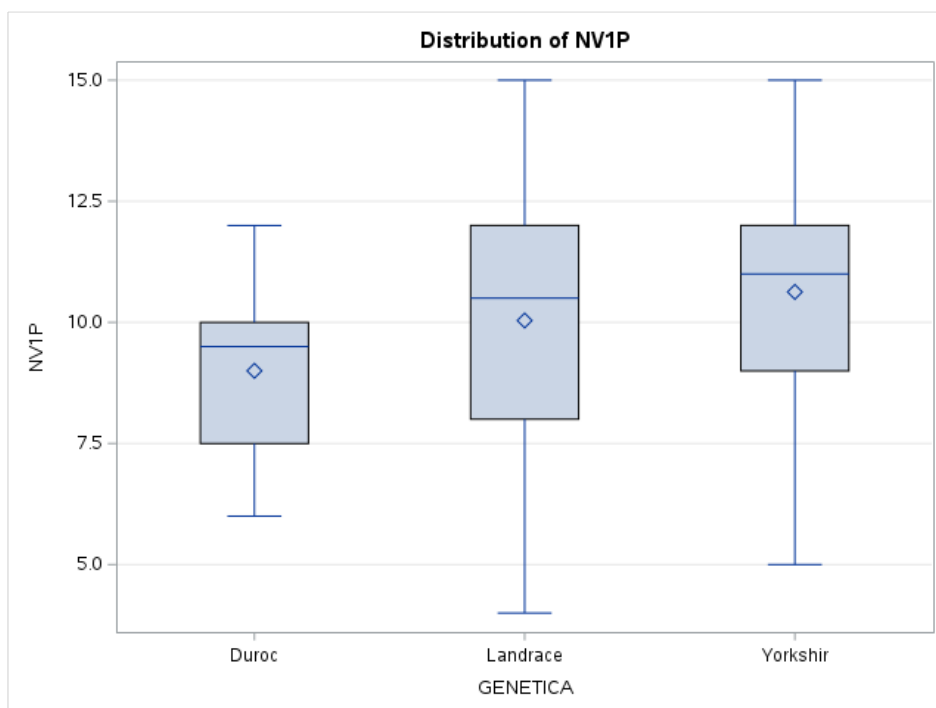
Variable	N.	Media	Dev. Std.	Mínima	Máxima	Correlación	Prob.
PNacer	35	1.72	0.64	0.76	3.80	0.32856	0.0540
NV1P	35	10.62	2.67	5.00	15.00	0.32856	0.0540

Nota. PNacer: Peso al Nacer; NV1P: Nacidos Vivos al Primer Parto.

En la Figura 5, se observa la raza Landrace y la raza Yorkshire son las más prolíficas. Sin embargo, la raza Yorkshire presenta una media significativamente más alta, con un valor de 10.62, en comparación con las otras dos razas evaluadas. Por otro lado, la raza Landrace mostró el mínimo número de nacidos vivos en el primer parto, con un resultado de 4 lechones, seguida por la raza Yorkshire, que obtuvo un resultado de 5 nacidos vivos en el primer parto.

Figura 5

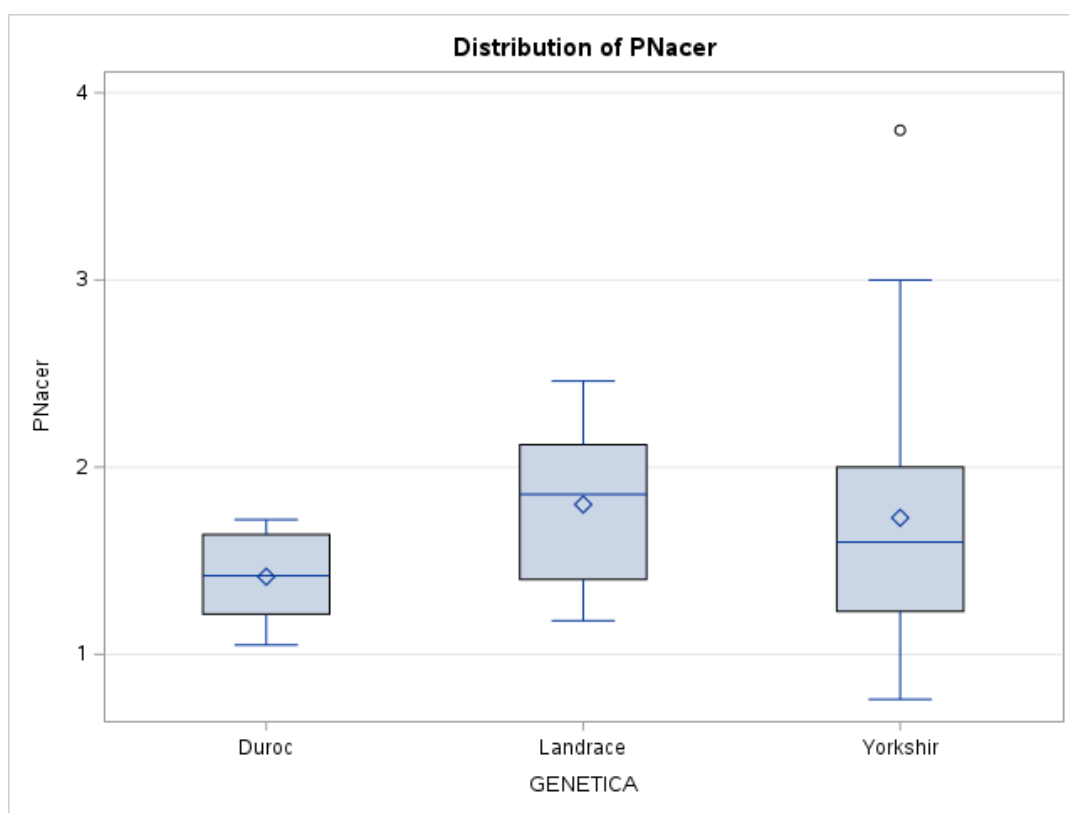
Distribución de nacidos vivos al primer parto según razas.



Asimismo, la Figura 6 demuestra que la raza Landrace presenta una media de 1.80 kg de peso al nacimiento, lo que indica que es superior a la media de 1.72 kg de la raza Yorkshire. No obstante, la raza Yorkshire presenta una mayor variante en el rango de peso al nacimiento, con un mínimo de 0.76 kg y un máximo de 3.80 kg, alcanzando el peso máximo registrado en comparación a las otras dos razas.

Figura 6

Distribución de Peso al Nacer según la raza.



Conclusión

Se realizó la evaluación genética en la granja porcina de la Escuela Agrícola Panamericana Zamorano, mediante el uso del mejor predictor lineal insesgado con el programa VirtualBLUP® obteniendo una clasificación para los caracteres reproductivos evaluados: peso al nacimiento, peso al destete, lechones nacidos vivos y lechones destetados. Con base a los valores genéticos brindados, se llevó a cabo una segmentación de los individuos en la piara.

Recomendaciones

Realizar el estudio anualmente para evaluar de manera constante la piara permitiendo la inclusión de los nuevos reemplazos seleccionados en la granja. Para así tener una mejor precisión en los resultados.

Al comprar semen, utilizarlo en las cerdas que obtuvieron los mejores resultados en las características deseadas para la piara.

Al realizar la selección de reemplazos, tomar en cuenta el peso al nacimiento de cada individuo para así tener una mejor probabilidad en obtener la mayor cantidad de lechones nacidos vivos.

Referencias

- Amaya Martínez, A., Martínez Sarmiento, R. y Cerón-Muñoz, M. (2019). Evaluaciones genéticas usando el mejor predictor lineal insesgado genómico en una etapa en bovinos. *Ciencia & Tecnología Agropecuaria*, 21. <https://revistacta.agrosavia.co/index.php/revista/article/view/1548/634>
- Asociación de Productores de Alimentos Balanceados. (2022). *Producción de alimentos balanceados para aves y cerdos creció 6% en 2022*. Asociación de Productores de Alimentos Balanceados. <https://aprobal.com/produccion-de-alimentos-balanceados-para-aves-y-cerdos-crecio-6-en-2022/>
- Asociación Gremial de Productores de Cerdos de Chile. (2017). *Consumo de carne de cerdo en Centroamérica ha crecido - ASPROCER*. Asociación Gremial de Productores de Cerdos de Chile. <http://www.asprocer.cl/consumo-carne-cerdo-centroamerica-ha-crecido/>
- Bourdon, R. M. (1999). *Understanding Animal Breeding*.
- DanBred (2021, 29 de julio). Mejora de la capacidad de lactancia de la cerda mediante la selección genética. *DanBred*. <https://danbred.com/es/mejora-de-la-capacidad-de-lactancia-de-la-cerda-mediante-la-seleccion-genetica/>
- Duifhuis Rivera, T. (2019). *Estudio de asociación de genoma completo (GWAS) con tamaño de camada, eficiencia reproductiva en cerdas y respuesta a la selección molecular asistida en dos poblaciones* [Tesis]. Universidad Autónoma de Nayarit, México.
- Instituto para la Innovación Tecnológica en la Agricultura. (2019). *Sistemas de Producción Porcina*. Instituto para la Innovación Tecnológica en la Agricultura. Ganadería. <https://www.intagri.com/articulos/ganaderia/sistemas-de-produccion-porcina>
- Jacho López, M. A. y Beltrán Rosas, E. (2016, 19 de abril). Genética porcina. *Engormix*. https://www.engormix.com/porcicultura/genetica-cerdos/genetica-porcina_a33257/
- Muñoz Flores, R. y González Verdejo, C. (2016). *Guía Práctica de Evaluación Genética Animal con VirtualBlup*.
- Padilla Pérez, M. (2017). *El Componente Genético en la Producción de Cerdos ¿Cuán importante es?* <https://razasporcinas.com/el-componente-genetico-en-la-produccion-de-cerdos-cuan-importante-es/>
- Sánchez Dávila, F., González Martínez, F., Bosque, A. S. d., Ibarra Gil, H., Castillo Espinosa, F., Padilla Rivas, G. y Ledezma Torres, R. (2015). Afectaciones en la producción de cerdos en una granja comercial en el noreste de México. *Ciencia UANL*. <https://biblat.unam.mx/pt/revista/ciencia-uanl/articulo/afectaciones-en-la-produccion-de-cerdos-en-una-granja-comercial-en-el-noreste-de-mexico>
- Tibau i Font, J. (2013). *Aplicación del Método BLUP a la Evaluación y Selección de Reproductores Porcinos* [Tesis]. Institute of Agrifood Research and Technology, España. <https://www.avparagon.com/docs/reproduccion/ponencias/4.pdf>
- Tussel, L. (2022). *Genética porcina: Entre la genealogía y la genómica*. <https://porcinews.com/genetica-porcina-la-genealogia-la-genomica/>

- Vinuesa, P. (2016). *Tema 8 - Correlación: teoría y práctica*.
https://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/R4biosciencias/docs/Tema8_correlacion.html
- Walters, R. (2013). ¿A qué nos referimos cuando hablamos de revolución genómica? *3tres3*.
https://www.3tres3.com/latam/articulos/%C2%BFa-que-nos-referimos-cuando-hablamos-de-revolucion-genomica_11359/

Anexos**Anexo A.**

Base de datos para análisis de correlación obtenidos de la piara del Zamorano

DATA CERDOS;
INPUT GENETICA \$ PNacer NV1P;
DATALINES;
Duroc 1.28 9
Yorkshire 1.16 9
Yorkshire 1.45 11
Yorkshire 1.2 11
Yorkshire 0.76 10
Yorkshire 1.22 10
Yorkshire 0.92 9
Yorkshire 1.9 12
Yorkshire 1.26 12
Yorkshire 1.32 7
Landrace 1.48 12
Yorkshire 0.96 12
Yorkshire 1.24 12
Duroc 1.44 10
Landrace 1.31 7
Landrace 1.83 8
Yorkshire 2.22 15
Yorkshire 1.76 11
Yorkshire 1.67 12
Landrace 2 14
Yorkshire 2.6 14
Yorkshire 3.8 12
Yorkshire 3 11
Duroc 1.4 7
Yorkshire 1.75 7
Yorkshire 1.5 7
Landrace 1.88 10
Landrace 1.18 10
Yorkshire 1.57 10
Yorkshire 1.43 5
Yorkshire 1.18 5
Yorkshire 2.12 13
Landrace 2.04 15
Landrace 2.4 14
Landrace 1.37 13
Landrace 1.32 11
Duroc 1.72 8
Landrace 2.36 4
Yorkshire 1.98 15

Yorkshire 2.68 11
Duroc 1.7 12
Landrace 1.54 4
Landrace 2 11
Landrace 2.12 10
Duroc 1.58 10
Landrace 1.7 9
Yorkshire 1.12 10
Yorkshire 1.6 14
Yorkshire 1.23 12
Yorkshire 1.68 11
Yorkshire 1.42 10
Yorkshire 1.94 14
Yorkshire 2 6
Landrace 2.16 10
Duroc 1.05 10
Landrace 1.88 11
Yorkshire 2.32 12
Landrace 1.64 6
Landrace 2.46 7
Landrace 2.28 12
Landrace 2.26 10
Yorkshire 1.98 7
Duroc 1.15 6
Landrace 1.22 11
Landrace 1.4 7
Landrace 1.97 12
Landrace 1.32 11
Landrace 1.7 12
Yorkshire 2.6 13

Anexo B.

Tabla de resultados análisis de correlación de las tres razas presentes en la piara de la Universidad

Zamorano

The CORR Procedure						
2 Variables:		PNacer NV1P				
Simple Statistics						
Variable	N	Mean	Std Dev	Sum	Minimum	Maximum
PNacer	69	1.72000	0.53672	118.68000	0.76000	3.80000
NV1P	69	10.21739	2.70005	705.00000	4.00000	15.00000
Pearson Correlation Coefficients, N = 69 Prob > r under H0: Rho=0						
	PNacer	NV1P				
PNacer	1.00000	0.25603				
		0.0337				
NV1P	0.25603	1.00000				
	0.0337					

Anexo C.

Tablas de resultados de análisis de correlación por razas presentes en la piara de la Universidad

Zamorano

The CORR Procedure							
GENETICA=Duroc							
2 Variables:		PNacer NV1P					
Simple Statistics							
Variable	Variable		Mean	Std Dev	Sum	Minimum	Maximum
PNacer	PNacer	8	1.41500	0.24611	11.32000	1.05000	1.72000
P	NV1P	8	9.00000	1.92725	72.00000	6.00000	12.00000
Pearson Correlation Coefficients, N = 8 Prob > r under H0: Rho=0							
			PNacer	NV1P			
	PNacer		1.00000	0.36142			
				0.3790			
	NV1P		0.36142	1.00000			
				0.3790			

The CORR Procedure
GENETICA=Landrace

2 Variables: PNacer NV1P

Simple Statistics

Variable	N	Mean	Std Dev	Sum	Minimum	Maximum
PNacer	26	1.80077	0.39727	46.82000	1.18000	2.46000
NV1P	26	10.03846	2.87723	261.00000	4.00000	15.00000

Pearson Correlation Coefficients, N = 26
Prob > |r| under H0: Rho=0

	PNacer	NV1P
PNacer	1.00000	0.06576 0.7496
NV1P	0.06576 0.7496	1.00000

The CORR Procedure

GENETICA=Yorkshir

2 Variables: PNacer NV1P

Simple Statistics

Variable	N	Mean	Std Dev	Sum	Minimum	Maximum
PNacer	35	1.72971	0.64858	60.54000	0.76000	3.80000
NV1P	35	10.62857	2.67983	372.00000	5.00000	15.00000

Pearson Correlation Coefficients, N = 35
Prob > |r| under H0: Rho=0

	PNacer	NV1P
PNacer	1.00000	0.32856 0.0540
NV1P	0.32856 0.0540	1.00000