

ASESORAMIENTO EN LA GESTIÓN GENÉTICA Y MEJORA DE NÚCLEOS DE SELECCIÓN EN PORCINO

Descripción general del servicio

El programa de Genética y Mejora Animal del IRTA ofrece servicios de asesoramiento en todos los pasos que supone la gestión genética de poblaciones porcinas sometidas tanto a procesos de selección como a protocolos de conservación y mantenimiento de la variabilidad genética.

La incorporación de un servicio de asesoramiento en mejora genética dentro de un esquema productivo porcino supone incorporar a la empresa conocimientos de las dos disciplinas fundamentales sobre las que se sostiene cualquier programa de mejora: genética de poblaciones y genética cuantitativa. Estas dos disciplinas ofrecen la teoría y las herramientas para poder mantener de forma rigurosa y razonada, el equilibrio entre minimizar el incremento de la consanguinidad dentro del programa de selección o conservación, y mejorar las producciones promedio de las poblaciones con las que se trabaje. Este último punto sería el más relevante desde el punto de vista económico para una empresa, que tendrá como objetivo incrementar sus producciones y rentabilidad. Por lo tanto, el establecimiento de un programa de mejora, basado en la selección y/o el cruzamiento, va a permitir incrementar las producciones y rentabilidades de las poblaciones con las que se trabaje, bien de forma directa o bien por adaptarlas a las peculiaridades de la empresa.

De forma general esta presentación de los servicios se estructura atendiendo a los tres puntos claves que supone la gestión genética de cualquier población cerrada reproductivamente:

- 1) Diseño de apareamientos para minimizar el incremento de consanguinidad y optimizar la contribución genética de los reproductores.
- 2) Evaluaciones genéticas para la selección de los caracteres (re)productivos objetivos de selección, y flujo de datos para llevarlas a cabo.
- 3) Seguimiento del programa y asesoramiento en relación a la estructura de las poblaciones y sus cruces para optimizar los programas de mejora y conservación.

Diseño de apareamientos

Un aspecto clave tanto en los programas tanto de selección como de conservación es el diseño de apareamientos de forma que se minimice el incremento de la consanguinidad. Evitar el apareamiento entre parientes cercanos, igualar todo lo posible la contribución de los reproductores a la siguiente generación e incrementar al máximo posible el número de machos activos son las tres medidas que, de forma general, se adoptan en un esquema de selección y conservación para minimizar el incremento de la consanguinidad en cualquier población.

El servicio ofrecido incluye el diseño óptimo de los apareamientos en cada lote de cubrición. Para ello **la empresa enviará al IRTA una semana antes de la fecha prevista para las cubriciones del lote un listado de las hembras a cubrir y de los machos disponibles**. Ver en el **ANEJO 1** la estructura de los datos a enviar.

La información genealógica disponible en la base de datos del núcleo, previamente constituida, se utilizará para calcular la consanguinidad de los descendientes de cada posible apareamiento.

El IRTA remitirá a la empresa puntualmente (dos días después de la recepción de los listados) la información relativa al diseño óptimo de apareamientos del lote. Esta información se suministrará con un formato similar al mostrado en la **Tabla 1**, donde se muestra la consanguinidad que se derivaría de cada uno de los apareamientos posibles, permitiéndose elegir aquellos que generan menor consanguinidad. Por otro lado, debe ser también un criterio importante el igualar la contribución de los reproductores a la siguiente generación. Por este motivo la **Tabla 1** incorpora información sobre el número de hijas e hijos de cada macho y hembra que han sido registrados en la base de datos del núcleo, lo que es de utilidad para planificar una contribución equitativa, particularmente de los machos, a la siguiente generación.

La información proporcionada por el IRTA para cada lote de cubrición permitirá indicar los distintos apareamientos de los que, en función del incremento mínimo de consanguinidad y del estado de la reposición, se deberán guardar machos y hembras para la siguiente generación. Puede observarse en el ejemplo de la **Tabla 1** que se indican también los apareamientos recomendados para dejar descendencia en el núcleo (celdas en verde).

Tabla 1. Ejemplo del tipo de información resultante de analizar los apareamientos posibles entre las hembras a cubrir y los machos activos. Para cada apareamiento posible entre una hembra (filas) y un macho (columnas) se indica si la pareja implicada tiene abuelos en común (SI/NO), y la consanguinidad que tendría un descendiente de ese apareamiento. Se señalan también los hijos previos de cada hembra/macho y los apareamientos recomendados.

MACHOS HEMBRAS	XX1008@2017	XX1318@2018	XX1326@2018	XX1353@2018	XX1414865@2014	XX850@2017	N_HIJAS HEMBRAS	N_HIJOS HEMBRAS
XX1002@2017	SI / 0.500	SI / 0.125	SI / 0.062	SI / 0.062	NO / 0.00	SI / 0.062	1	3
XX1310@2018	SI / 0.125	SI / 0.500	SI / 0.062	SI / 0.062	NO / 0.00	SI / 0.250	0	0
XX1360@2018	SI / 0.062	SI / 0.062	SI / 0.062	SI / 0.250	NO / 0.00	SI / 0.062	0	0
XX1364@2018	SI / 0.062	SI / 0.062	SI / 0.062	SI / 0.250	NO / 0.00	SI / 0.062	4	5
XX1405@2018	SI / 0.312	SI / 0.125	SI / 0.062	SI / 0.062	NO / 0.00	SI / 0.062	0	0
XX1416743@2014	SI / 0.125	SI / 0.125	SI / 0.125	NO / 0.00	NO / 0.00	SI / 0.125	8	8
XX1500183@2015	SI / 0.125	SI / 0.500	SI / 0.125	NO / 0.00	NO / 0.00	SI / 0.500	1	4
XX1500392@2015	SI / 0.125	SI / 0.125	SI / 0.125	NO / 0.00	NO / 0.00	SI / 0.125	1	6
XX588@2017	SI / 0.062	SI / 0.062	SI / 0.062	SI / 0.25	NO / 0.00	SI / 0.062	3	5
N_HIJAS MACHOS	6	0	0	0	40	0	NA	NA
N_HIJOS MACHOS	13	0	0	0	38	0	NA	NA

Apareamientos consanguíneos
Apareamientos no consanguíneos
Apareamientos recomendados

Evaluaciones Genéticas y Flujo de Datos

El sistema de evaluación genética incluye dos bloques de caracteres, por un lado los caracteres productivos que se registran en cerdos durante la fase de engorde (peso, espesor de tocino dorsal, consumo y conversión, grasa de infiltración, etc), y por otro las caracteres reproductivos relativos a las madres (principalmente prolificidad al nacimiento y tamaño de camada en distintos momentos de la lactación y al destete).

Datos a registrar y enviar por parte de la empresa

Coincidiendo con la finalización del control en engorde de cada uno de los lotes se enviará al IRTA toda la información relativa al rendimiento de los animales durante la fase de crecimiento y cebo. Igualmente se incluirá en el envío todos los datos relativos a cubriciones, partos, destetes, altas de lechones y bajas de reproductores que tuvieron lugar en el núcleo desde la finalización del control anterior. En el ANEJO 2 se describen la estructura que deben tener las distintas tablas Access que constituirán la base de datos para la transferencia de información. Se muestra la estructura que actualmente se utiliza, pero sería factible hacer modificaciones en ella para atender a otras necesidades de servicio o a especificidades de los programas de gestión que se utilicen en la granja. Igualmente, desde el IRTA se puede ofrecer asesoramiento para generar las herramientas que, de forma automática, permitan la creación de estas tablas.

Los momentos de interacción más intensa entre el IRTA y los responsables del programa de selección (empresa) serán por tanto, además de antes de las cubriciones de cada lote, al finalizar cada uno de los lotes de control/cebo.

Por otro lado, debe señalarse como **principal requisito** para constituir un núcleo genético y poder implementar un programa de selección y/o conservación **que se tenga bien establecido un protocolo de manejo reproductivo por lotes que garanticen grupos de comparación adecuados**. Se requiere un tamaño mínimo de 25-30 cerdas cubiertas por lote; los lechones nacidos de estos partos se mantendrán como un grupo homogéneo hasta el último control al final de su período de engorde. Los momentos de control y los caracteres a controlar (productivos y morfológicos) dependerán de la raza o línea con la que se trabaje.

En la Figura 1 se muestra el esquema de una supuesta sucesión de lotes. Como ya se ha indicado, para la estructuración del programa de selección el concepto de lote es fundamental, y aplica a todas las hembras cubiertas un mismo día o, alternativamente, en una misma semana. La definición de lote que se haga aplicará hasta el final del cebo de los animales que nacieron de esas cubriciones. Las características de la población en

estudio y su manejo condicionarán el número y la frecuencia de los lotes, pero lo importante es que éstos sean lo suficientemente grandes en número de animales como para garantizar una correcta comparación de los candidatos con sus coetáneos.

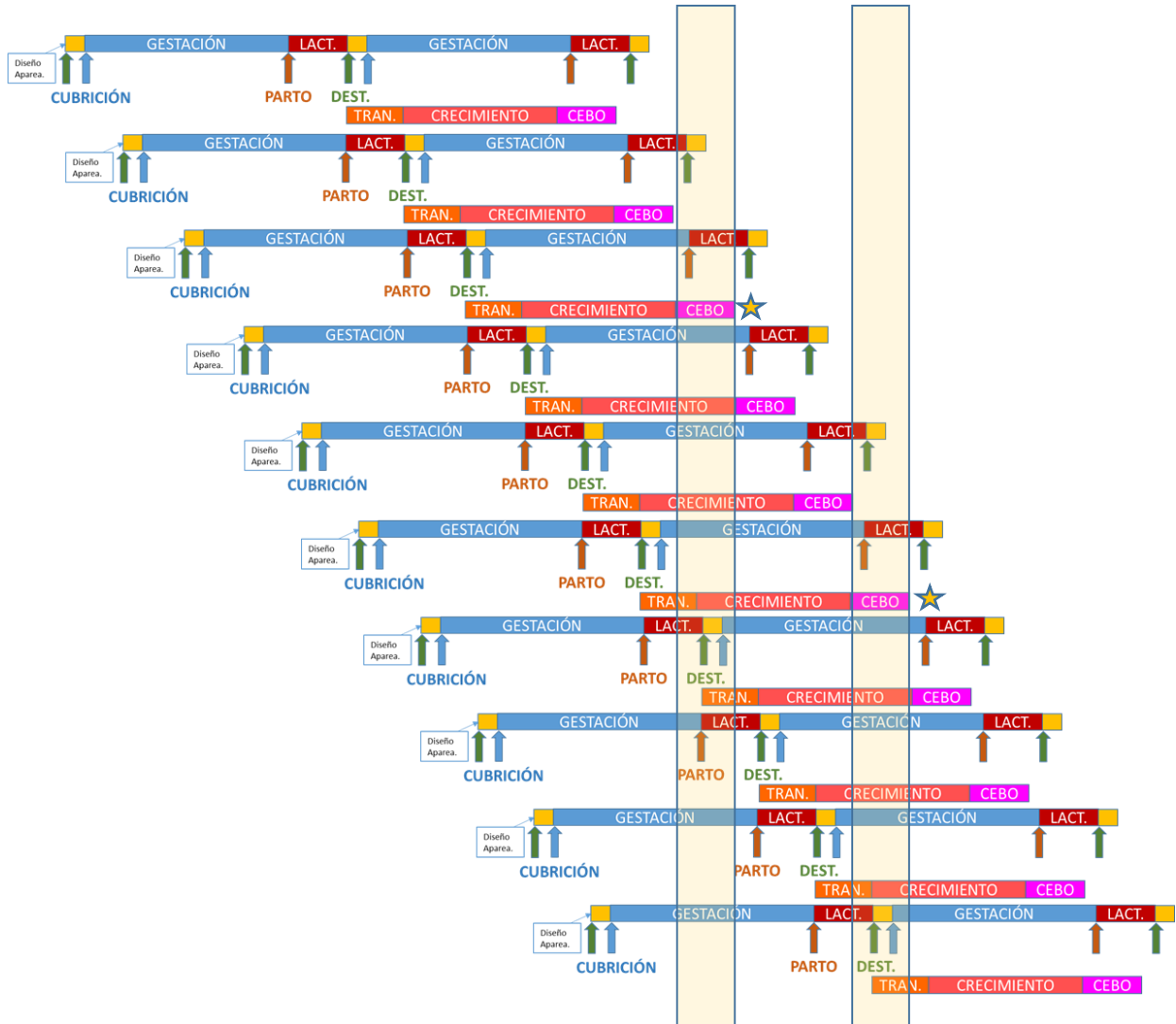


Figura 1.- Representación gráfica de una supuesta sucesión de lotes, donde se señalan los puntos de recogida de información en maternidad (Cubrición, Parto y Destete), así como las distintas fases del crecimiento-engorde. El momento de envío de información se hace coincidir con el final del cebo. En la gráfica se presentan dos bandas amarillas verticales que indican los períodos durante los cuales se recogería información para incluir en los respectivos paquetes de información a enviar al finalizar los dos lotes representados (marcados con una estrella amarilla). A la información de control del cebo se le incluiría la de otros eventos de hembras en otros lotes pero que quedan cubiertos por la banda amarilla. En el ejemplo estos eventos son dos partos (flechas anaranjadas), dos destetes (flechas verdes) y una cubrición (flecha azul).

Evaluaciones genéticas y criterios de selección

La evaluación genética consiste en predecir el valor mejorante de los animales que finalizan cada lote (que serían los candidatos a ser seleccionados como reproductores, y por tanto progenitores de la siguiente generación) para todos los caracteres de interés dentro del programa. En este sentido las predicciones de valor genético se hacen de forma separada para los dos grupos de caracteres, productivos y reproductivos. Los primeros se realizan en base a los registros tomados durante la fase de crecimiento y cebo, y los segundos esencialmente en base a las medidas de prolificidad y tamaño de camada en distintos momentos de la lactación y al destete.

Las predicciones de los valores genéticos de ambos grupos de caracteres se hacen utilizando modelos lineales animales multivariados, que integran todos los caracteres que se consideren pertinentes y registrados en todos los individuos que componen la población, independientemente de la granja en la que se encuentren. Esta integración sólo será factible si las distintas granjas están conectadas genéticamente vía semen o se trata de granjas abastecidas de un mismo origen y las madres son parientes cercanos. Con los modelos lineales multivariados se obtienen predicciones BLUP (mejor predicción lineal insesgada) de los valores genéticos de los individuos. La resolución de los modelos de predicción del valor genético permite igualmente conocer la precisión (fiabilidad) de estas evaluaciones genéticas, pudiéndose utilizar esta información para limitar el subconjunto de animales de entre los que seleccionar a los futuros reproductores para la siguiente generación a aquellos que tengan un valor mínimo de fiabilidad para el o los caracteres de interés.

A partir de las evaluaciones genéticas individuales se pueden confeccionar índices compuestos que reflejen los verdaderos intereses de mejora del programa de selección en que se esté trabajando. Por ejemplo, en líneas maternas de cerdo blanco suele ser habitual considerar en el índice de selección tanto el incremento de la prolificidad como la reducción del espesor de tocino dorsal al final del cebo, pero tiene más peso el primero que el segundo. El valor de este índice igualmente se ofrece en las salidas rutinarias de las evaluaciones genéticas y se acompaña de un cálculo de su fiabilidad.

Las evaluaciones genéticas requieren, además de la propia información de los caracteres de interés, disponer de ficheros de pedigrí (genealogía) lo más íntegros posibles. Tanto los datos como la información de pedigrí quedará recogida en la base de datos histórica del núcleo que mantendremos y gestionaremos desde IRTA. En el momento de la importación de datos a dicha BBDD, tanto la información productiva y reproductiva como la de pedigrí se valida y se somete a algoritmos de detección de errores. Cuando se detecta algún error, antes de avanzar en el proceso de evaluación se requiere la

participación de los responsables del programa de selección para la subsanación de estos errores y el reenvío de los datos corregidos.

Información proporcionada por el IRTA

En los tres días siguientes a la recepción de datos (re)productivos, el IRTA remitirá a la empresa un resumen de los resultados (re)productivos obtenidos y los resultados de las evaluaciones genéticas, predicciones BLUP del valor genético de los candidatos. De forma general esta información se remitirá en tres bloques que se describen a continuación.

1.- Relación de los valores fenotípicos de todos los animales que acaban de finalizar el control para los caracteres productivos que se registren. En principio el conjunto de caracteres registrados incluirá el peso, el crecimiento y la deposición de grasa, pudiendo también recogerse otros caracteres relativos a la infiltración (grasa intramuscular), el diámetro de caña o la morfología del jamón. En la Tabla 2 se muestra un ejemplo.

Tabla 2. Ejemplo de los datos relativos al control productivo, suministrados por IRTA.

FECHA FIN CONTROL	TATUAJE	CAMADA	SEXO	RAZA	PFC	GFC	E100	G100	GMD	%M	GIM	CAÑA	JAMON
20/04/20	XX191463	XX19250	M	Du	104.0	11.0	156.0	10.8	640.5	54.8	3.1	4.8	3
20/04/20	XX191512	XX19258	M	Du	109.0	11.7	145.5	11.2	689.8	54.4	4.0	5.8	4
20/04/20	XX191467	XX19250	M	Du	104.0	12.2	156.0	12.0	640.5	53.6	3.1	5.4	5

PFC: peso a fin de control (Kg); GFC: grasa (mm) en el final de control; E100: edad a los 100 Kg (días); G100: grasa a los 100kg (mm); GMD: índice de crecimiento diario (gr/día) entre nacimiento y fecha final de control; %M: porcentaje magro al final de control; GIM: % grasa intramuscular; CAÑA: diámetro de la caña (cm) del jamón fin de control; JAMON: conformación del jamón a fin control; evaluación visual por calificador usando una escala lineal 1-5.

2.- Resumen de resultados (re)productivos. En este apartado se indicarán los valores fenotípicos medios obtenidos en cada lote de control (resultados productivos), y un resumen de los resultados reproductivos en las cubriciones, partos y destetes de los lotes incluidos en el último paquete de datos remitido. Se trata de información promedio con valor principalmente informativo respecto a cómo va la actividad reproductiva del núcleo y su capacidad de generar de candidatos a la selección. La información se proporcionará en una tabla similar a la que se presenta como ejemplo en la Tabla 3.

Tabla 3. Ejemplo de resumen de resultados (re)productivos y posibles desviaciones enviados por IRTA.

Fecha Cubrición (LOTE)	Sexo	N	PFC	GFC	EFC	Ncam	NV	ND	Ncam	NV	ND
			M (DS)	M (DS)	M (DS)		Lote IA		Lote IA	Lote IA	
26/09/19*	H					33	150	300	35	160	320
	M						155			175	
05/09/19	H	35	100.5 (8.3)	11.7 (2.4)	169.3 (2.7)	30	144	296	34	163	308
	M	40	102.5 (7.8)	11.4 (1.7)	167.7 (2.5)		152			170	
15/08/19	H	40	98.5 (7.7)	10.0 (1.9)	162.1 (3.1)	25	114	219	30	137	270
	M	45	99.4 (6.4)	10.2 (2.3)	165.0 (2.9)		120			143	

N: Número de animales; M (DS) Media (Desviación Estándar); **PFC**: peso a fin de control (kg); **GFC**: media de grasa (mm) al final de control (mm); **EFC**: edad al final del control (días); N_cam: número de camadas de las que se controlan animales; NV: nacidos vivos, machos y hembras, procedentes de dichas camadas; DT: destetados totales en dichas camadas; Ncam_lote: número total de camadas en el lote de IA; NV_lote: total de nacidos vivos del total de las camadas en el lote de IA; ND_lote: destetados totales del lote.

* Se trata de un lote que aún no ha terminado la fase de control en cebo.

3.- Listado con la valoración genética de todos los individuos que han finalizado su período de control y por tanto son candidatos a ser seleccionados como futuros reproductores. Para cada individuo se ofrecerán los valores genéticos para cada uno de los caracteres (re)productivos que se han determinado como posibles objetivos de selección, y también el índice de selección determinado para la población (combinación de los distintos valores genéticos ponderados por su peso económico), y la fiabilidad del mismo. En la Tabla 4 se muestra un ejemplo.

Tabla 4. Ejemplo de información relativa a las evaluaciones genéticas. Se incluyen las predicciones BLUP del valor genético para todos los caracteres de interés, así como del índice, para todos los individuos que finalizan el control (candidatos a la selección).

TATUAJE	FECHA FIN CONTROL	FECHA EVALUACIÓN	SE XO	BLUP GMD	BLUP ETD	BLUP GIM	BLUP NV	BLUP NV5	BLUP ND	ÍNDICE	FIABILIDAD
XX191463	20/04/20	24/04/20	M	6.76	-1.61	-0.15	0.68	0.8	0.3	100.1	0.30
XX191512	20/04/20	24/04/20	M	6.73	-1.38	0.21	0.55	0.2	0.5	99.0	0.45
XX191467	20/04/20	24/04/20	M	5.69	-1.21	-0.17	0.14	0.1	0.1	89.0	0.10

GMD: índice de crecimiento diario (gr/día) entre nacimiento y fecha final de control; ETD: Espesor del tocino dorsal (mm); GIM: % grasa intramuscular; NV: nº de lechones nacidos vivos al parto; NV5: nº de lechones vivos al 5º día de lactación; ND: nº de lechones destetados.

Las tablas que se acaban de indicar se ofrecen en formato Excel de forma que sea fácil tanto su manipulación para ordenar con arreglo a distintos criterios como su importación a los programas de gestión que se utilicen en el programa, para conservar en el propio núcleo y de forma ordenada los resultados de las evaluaciones.

Al igual que el resto de elementos del programa de selección, estas tablas se puede adaptar las necesidades del esquema de selección, por ejemplo, si un carácter a considerar fuese el índice de conversión, porque se pudiera registrar el consumo individual, igualmente se ofrecerían predicciones de valor genético para éste carácter y pudiera incluso incluirse en el índice global.

En la Figura 2 se muestra esquemáticamente todo el flujo de información descrito previamente entre la empresa responsable del programa de mejora y el IRTA como asesor genético del mismo.

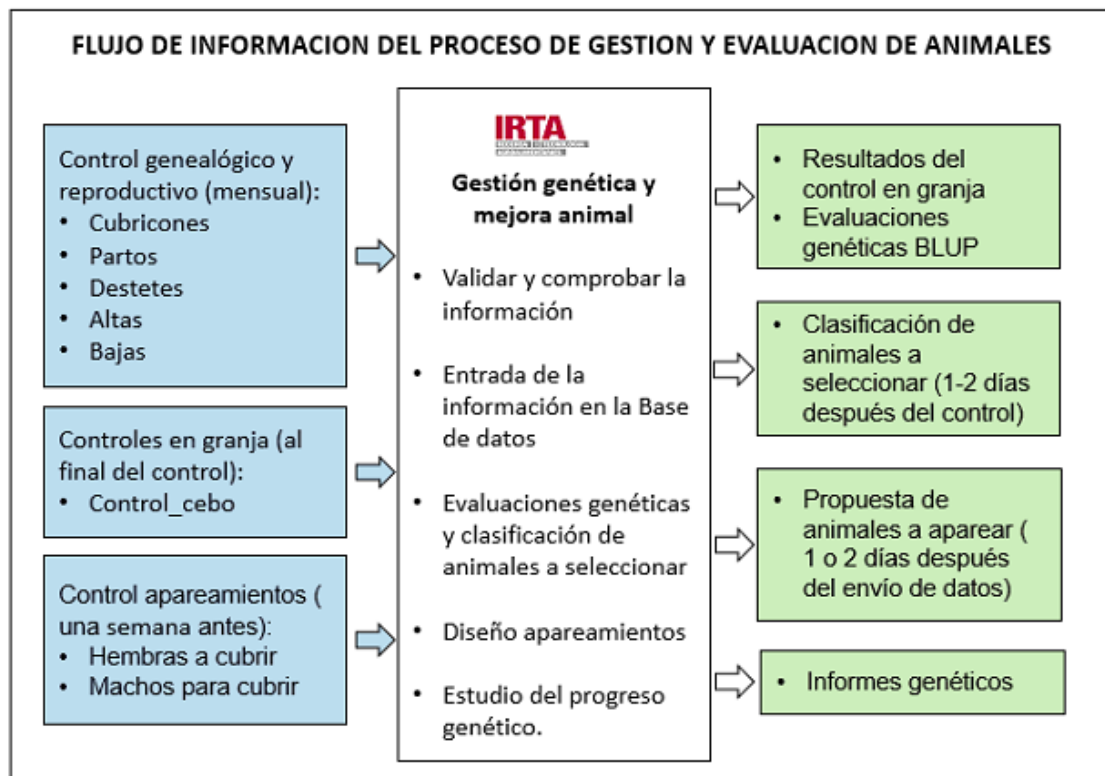


Figura 2.- Representación esquemática del flujo de información entre la empresa y el IRTA en el marco del servicio de asesoramiento en mejora genética

Libros Genealógicos y control de filiaciones por ADN

En caso de que fuese requerido por parte de la empresa, el IRTA podría también llevar a cabo parte de las tareas de gestión e interacción con las entidades responsables de gestión de los respectivos libros genealógicos, u ofrecer asesoramiento para agilizar, en la medida de lo posible, esta interacción. De igual manera, si fuese preciso, desde el IRTA se puede coordinar el genotipado para las validaciones de filiación genealógica que exijan los organismos gestores de los libros genealógicos. En concreto desde el IRTA se

indicarían los animales de los que es precisa la toma de muestras biológicas, la posterior extracción de ADN y finalmente abordar el genotipado con algún panel de marcadores genómicos que permita validar las paternidades/maternidades reportadas. Este servicio incluirá la interpretación de los resultados de los genotipados. Las muestras a usar (sangre) para la validación de paternidades/maternidades en base a marcadores de ADN se deberán recoger al final de cada lote de control, una vez se haya decidido qué animales serán los futuros reproductores.

Asesoramiento y Optimización del programa de mejora.

Como parte del servicio y más allá de las tareas rutinarias de diseño de apareamientos, gestión de la base datos y evaluación genética, el Departamento de Genética y Mejora Animal del IRTA **realizará el seguimiento de la evolución del núcleo genético, la monitorización del progreso genético obtenido, y un asesoramiento continuado en todos los aspectos del programa de mejora**, valorando con la empresa posibles acciones para su optimización.

En este sentido el IRTA **realizará un informe anual** para la empresa con toda la información relativa al programa de mejora, el cual se presentará en una reunión anual entre el IRTA y la empresa para seguimiento del progreso del núcleo. En el informe anual se explicará la dimensión de los controles y registros tomados durante el último año y se incluirán estimas de las tendencias genéticas y fenotípicas que vayan mostrando los caracteres de interés como respuesta a la acción de selección que se está llevando a cabo. También se incluirán indicadores de las presiones y diferenciales de selección que dentro del núcleo se está ejerciendo.

Otro servicio incluido en la labor de asesoramiento pretende optimizar en todo momento el programa de mejora con el **planteamiento de esquemas y estructuras de selección y cruzamiento alternativas para su valoración y posible futura implementación**. En este sentido las posibilidades que se pueden discutir y plantear pudieran ser las siguientes:

1. **Consideración de criterios de selección alternativos.** Inicialmente esto supondrá el planteamiento de los esquemas de recogida de registros en el núcleo, posteriormente abordar su estudio genético y si finalmente los resultados se consideran positivos (porque se trate de caracteres con parámetros genéticos apropiados dentro del esquema) se empezarán a incluir en las evaluaciones genéticas rutinarias de la población.
2. **Reestructuración del esquema de producción.** Un ejemplo claro de estas acciones pudiera ser planteamiento del uso de más de una línea para producir hembras cruzadas. Las decisiones a adoptar en torno a posibles reestructuraciones de los esquemas de mejora en desarrollo se basarán en estudios de la respuesta esperada (en unidades productivas y económicas) desarrollados tanto basados en teoría de índices selección como en simulaciones estocásticas de las estructuras alternativas.
3. **Utilización de la información de los cruzados para la evaluación genética del núcleo.** En esquemas donde parte de la producción se sostenga sobre animales cruzados, como por ejemplo pudiera ser el caso de una hembra Ibérica obtenida del cruce de dos líneas o estirpes diferentes, pero ambas formalmente inscritas en el

libro genealógico de la raza, se podrían plantear mejorar las fiabilidades de las predicciones de valor genético incorporando los datos productivos de animales que son cruzados en las evaluaciones genéticas de cada una de las líneas implicadas. Este tipo de acciones supone un cierto esfuerzo de seguimiento de paternidades / maternidades en los animales cruzados, pero, como se indica, ofrecerá predicciones más precisas y además en base un a carácter de mayor relevancia como es la producción en los animales cruzados ya que es sobre estos (y no sobre los animales del núcleo) sobre los que se sostiene la producción comercial.

4. **Implementación de un esquema de selección genómica**, utilizando el genotipado masivo para llevar a cabo evaluaciones genéticas que integren esta información de los genotipos. Con estos procedimientos de selección genómica se consigue una mayor respuesta a la selección pues los candidatos quedan evaluados genéticamente con mayor precisión y además a una edad más temprana. Obviamente, la consideración de estos esquemas supondrá un importante esfuerzo de inversión, por un lado; y planificación y coordinación a largo plazo por otro.

ANEJO 1. Estructura (campos) y descripción de los ficheros, con la información referente a los apareamientos que deben ser remitidos al IRTA una semana antes del apareamiento.**Tabla - HEMBRAS_a_CUBRIR**

CAMPO	DESCRIPCIÓN	TIPO de CAMPO
HEMBRAS	ID de la hembra a cubrir (tatuaje)	Carácter 10
AÑO_NACIMIENTO	Año de nacimiento	Carácter 4

Tabla - MACHOS_para_CUBRIR

CAMPO	DESCRIPCIÓN	TIPO de CAMPO
MACHOS	ID del macho disponible para cubrir (tatuaje)	Carácter 10
AÑO_NACIMIENTO	Año de nacimiento	Carácter 4

ANEJO 2 Estructura (campos) y descripción de las tablas de Access, con la información referente a los movimientos del núcleo de selección y con la información de los caracteres recogidos durante el control en la fase de crecimiento-cebo (envío al final de cada lote de control).

Tabla - CUBRICIONES

CAMPO	DESCRIPCIÓN	TIPO de CAMPO
HEMBRA_TATUAJE	ID de la hembra reproductora (tatuaje)	Carácter 10
HEMBRA_FECHA_NACIMIENTO	Fecha de nacimiento de la hembra reproductora	Fecha 8
MACHO_TATUAJE	ID del macho reproductora (tatuaje)	Carácter 10
MACHO_FECHA_NACIMIENTO	Fecha de nacimiento del macho reproductor	Fecha 8
FECHA_CUBRICION	Fecha de la cubrición	Fecha 8
CICLO_CUBRICION	Nº de ciclo de la cubrición	Carácter 2

Tabla - PARTOS

CAMPO	DESCRIPCIÓN	TIPO de CAMPO
MADRE_TATUAJE	ID de la hembra reproductora (tatuaje)	Carácter 10
NAC_CAMADA	ID de la camada de nacimiento. Los 2 primeros dígitos indican la granja donde se ha producido el nacimiento, los 2 siguientes el año de nacimiento y los 3 o 4 siguientes el número de orden que indica la camada (P.ej. XX190001, XX190002...)	Carácter 8
PADRE_TATUAJE	ID del macho reproductor (tatuaje)	Carácter 10
FECHA_CUBRICION	Fecha de la cubrición	Fecha 8
FECHA_PARTO	Fecha del Parto	Fecha 8
PART_NUMERO	Ciclo del parto	Carácter 2
NTOTALES	Nº total de lechones (vivos y muertos)	Numérico 2
NV_HEMBRAS	Nº de lechones hembras nacidos vivos	Numérico 2
NV_MACHOS	Nº de lechones machos nacidos vivos	Numérico 2
PESO_PARTO_CAMADA	Peso de la camada al nacimiento (opcional)	Numérico 5.1

Tabla - DESTETES

CAMPO	DESCRIPCIÓN	TIPO de CAMPO
MADRE_TATUAJE	ID de la hembra reproductora (tatuaje)	Carácter 10
NAC_CAMADA	ID de la camada nacimiento	Carácter 8
PADRE_TATUAJE	ID del macho reproductor (tatuaje)	Carácter 10
FECHA_PARTO	Fecha del parto	Fecha 8
DEST_TOTALES	Nº de destetados totales sean suyos o no	Numérico 2
DEST_PROPIOS	Nº de destetados propios de la camada (de los que la hembra es la verdadera madre)	Numérico 2
DEST_EN_ADOP	Nº de destetados propios de la madre que están en otras camadas (en adopción).	Numérico 2
FECHA_DESTETE	Fecha de Destete	Fecha 8
PESO_CAMADA_DESTETE	Peso de la camada al destete (opcional)	Numérico 5.1

Tabla - ALTAS LECHONES

CAMPO	DESCRIPCIÓN	TIPO de CAMPO
TATUAJE	ID del animal (tatuaje). Los 2 primeros dígitos indican la granja, los 2 siguientes el año de nacimiento y los 4 o 5 dígitos el número de orden (P.ej. XX190001, XX190002...)	Carácter 10
NAC_CAMADA	ID Camada de nacimiento	Carácter 8
DES_CAMADA	ID Camada de destete (opcional)	Carácter 8
RAZA	Código Raza. (El código del duroc es 55 , landrace: 22, large White: 11, Pietrain: 66, retinto: 88, entrepelado: 99)	Carácter 2
SEXO	Código sexo. El código para hembras es H , para macho M	Carácter 1
TETINAS	Número de tetinas	Numérico 2
FECHA_NACIMIENTO	Fecha del parto	Fecha 8
MADRE_TATUAJE	ID de la madre (tatuaje)	Carácter 10
MADRE_FECHA_NACIMIENTO	Fecha de nacimiento de la madre	Fecha 8
PES_NACI	Peso al nacimiento (opcional)	Numérico 5.1

Tabla - BAJAS

CAMPO	DESCRIPCIÓN	TIPO de CAMPO
TATUAJE	ID del animal de baja (tatuaje)	Carácter 10
FECHA_NACIMIENTO	Fecha de nacimiento del animal de baja	Fecha (8)
FECHA_BAJA	Fecha de Baja	Fecha 8
TIPO_BAJA	Código de Baja (*)	Carácter 1

(*) Código del tipo de baja: nacimiento: 0, muerte: 1, matadero: 2, baja por inventario: 7, venta a explotación desconocida: 8, transferencia: 9

Tabla - CONTROL_CEBO

CAMPO	DESCRIPCIÓN	TIPO de CAMPO
TATUAJE	ID del animal testado (tatuaje)	Carácter 10
FECHA_NACIMIENTO	Fecha de nacimiento	Fecha 8
NAC_CAMADA	Camada de nacimiento	Carácter 8
HALOTANO	Código Halotano (P, H, N) (opcional)	Carácter 1
FECHA_INI_CONTROL	Fecha inicio control	Fecha 8
PESO_INI	Peso al inicio del control (opcional)	Numérico 5.1
TOCINO_INI	Grasa dorsal inicio control (mm) (opcional)	Numérico 4.1
FECHA_FIN_CONTROL	Fecha fin de control	Fecha 8
PESO_FIN	Peso fin de control	Numérico 5.1
TOCINO_FIN	Grasa dorsal fin de control (mm)	Numérico 4.1
CANYA_FIN	Diámetro de la caña del jamón fin del control (opcional)	Numérico 4.1
JAMON_FIN	Conformación del jamón fin de control (opcional)	Numérico 2
GIM_FIN	Grasa intramuscular fin de control (opcional)	Numérico 4.1
LOMO_FIN	Espesor lomo fin de control (opcional)	Numérico 4.1
CONSUMO	Consumo durante la fase de cebo (Kg) (opcional)	Numérico 4.1