

# SELECCIÓN POR TASA DE OVULACIÓN EN CONEJO. ESTUDIO PRELIMINAR DE LA CORRELACIÓN ENTRE TASAS DE OVULACIÓN.

Laborda, P. <sup>1</sup>, Mocé, M.L. y Santacreu, M.A.

Instituto de Ciencia y Tecnología Animal. Universidad Politécnica de Valencia.

<sup>1</sup> patlavi@dca.upv.es. P.O. Box 22012. 46071 Valencia. Spain

## INTRODUCCIÓN

El tamaño de camada es un carácter de importancia económica para el que, sin embargo, la respuesta obtenida en la selección directa ha sido baja. Como alternativa, diversos autores han propuesto la selección por tasa de ovulación, cuya heredabilidad es mayor que la del tamaño de camada y está relacionada con él. En cerdo y en ratón, la selección por tasa de ovulación ha tenido éxito (Clutter et al., 1990, en ratón; Lamberson et al., 1991, Rosendo et al., 2007, en cerdo), aunque la respuesta correlacionada en tamaño de camada ha sido baja en ambos casos. El objetivo de este estudio es analizar la respuesta a la selección por tasa de ovulación en conejo a lo largo de 8 generaciones y estimar la correlación genética entre dos medidas de tasa de ovulación.

## MATERIAL Y MÉTODOS

**Animales:** Los animales pertenecen a una línea de conejos seleccionada por tasa de ovulación a lo largo de 8 generaciones. La selección se realiza en base al valor fenotípico de la hembra, que se mide el día 12 de la segunda gestación mediante laparoscopia. Las generaciones están formadas aproximadamente por 80 hembras y 20 machos. La presión de selección es aproximadamente del 30%.

**Caracteres:** Los caracteres analizados han sido la tasa de ovulación de la 2ª gestación (TO2) y la tasa de ovulación de gestaciones posteriores tomada como un solo carácter (TO>2). Se han analizado 680 datos de tasa de ovulación de la 2ª gestación y 508 datos de tasa de ovulación de gestaciones posteriores. TO2 se ha estimado como el número de cuerpos lúteos contabilizados mediante laparoscopia. TO>2 se ha estimado *post mortem* en diferentes días de gestación y en distintas gestaciones.

**Análisis estadísticos:** Los análisis genéticos se han hecho por métodos bayesianos. Para estimar las heredabilidades y las correlaciones se ha realizado un análisis bivalente. Para el carácter TO2 se ha utilizado el modelo:

$$Y_{ijk} = G_i + L_j + u_{ijk} + e_{ijk}$$

donde  $G_i$  es el efecto ambiental de la generación (9 niveles),  $L_j$  es el estado de lactación (2 niveles: lactante y no lactante),  $u_{ijk}$  es el valor aditivo del animal y  $e_{ijk}$  es el residuo del modelo.

Para el carácter TO>2 se ha utilizado el mismo modelo añadiendo el efecto del orden de gestación OP, agrupando las gestaciones en 3 niveles (1: 3ª gestación, 2: 4ª y 5ª gestación, 3: 6ª y 7ª gestación) de acuerdo con análisis exploratorios previos.

Para estimar las tendencias genéticas, se ha considerado que todas las tasas de ovulación son genéticamente el mismo carácter (TO), debido a la elevada correlación genética que mostraron TO2 y TO>2. Se ha ajustado el modelo de repetibilidad siguiente:

$$Y_{ijklm} = G_i + L_j + OP_k + u_{ijkl} + p_{ijkl} + e_{ijklm}$$

donde  $p_{ijkl}$  es el efecto permanente no aditivo y  $OP_k$ , con 3 niveles: (1: 2ª y 3ª gestación, 2: 4ª y 5ª gestación, 3: 6ª y 7ª gestación)

Los parámetros de las distribuciones marginales posteriores se estimaron mediante muestreo de Gibbs. Se utilizó una cadena de 1,000,000 de iteraciones, con un periodo de quemado de 200,000 iteraciones, tomándose una muestra de cada 100 iteraciones. Se comprobó la convergencia con el criterio de Geweke. *A priori*, todas las distribuciones fueron

planas salvo las de los efectos aditivo y permanente, que fueron normales, de media 0 y varianzas  $\sigma_u^2, \sigma_p^2$  respectivamente. Los priors de las varianzas fueron planos y positivos.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la tabla 1 se muestran las medias, las desviaciones estándar y el número de datos de la tasa de ovulación (TO) de todas las gestaciones. La media de la generación base es similar a la de Viudes de Castro et al. (1995) (14.8 óvulos) y superior a la de García et al. (2001) (12.6 óvulos), publicadas en otras líneas.

En la tabla 2 se presentan los parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las heredabilidades y de las correlaciones genética y fenotípica de TO2 y TO>2. Las heredabilidades estimadas para TO2 y TO>2 son similares a las de Blasco et al. (1993<sup>a</sup>) (0.21), Bolet et al. (1994) (0.24) y García et al. (2001) (0.35) en conejo, a las de Rosendo et al. (2007) (0.33) en cerdo, y a las de Land y Falconer (1969) (0.31) y Clutter et al. (1990) (0.33) en ratón, aunque sustancialmente inferiores a otras estimas publicadas en cerdo (ver Blasco et al. (1993b) para una revisión). La correlación genética entre la tasa de ovulación en la segunda gestación y la tasa de ovulación en gestaciones posteriores es alta (0.97), pudiendo asegurarse con un 95% de probabilidad que es al menos 0.72 (valor de k en la tabla 2). La correlación fenotípica es muy inferior (0.28). Rosendo et al. (2007) obtuvo coeficientes de correlación similares en un experimento de selección por tasa de ovulación en porcino ( $r_g=0.89$ ;  $r_p=0.33$ ).

Las tendencias genéticas para TO se muestran en la figura 1. En ella se puede observar que la tasa de ovulación ha aumentado en aproximadamente 1.65 óvulos en 8 generaciones, una media de 0.21 óvulos por generación. En porcino, la respuesta a la selección por generación se encuentra en un rango variable: entre 0.31 óvulos (Newton et al. 1975) y 0.60 óvulos (Rosendo et al. 2007).

**CONCLUSIONES:** En este experimento de selección por tasa de ovulación en conejo, la tasa de ovulación ha aumentado. La tasa de ovulación de la segunda gestación está muy correlacionada genéticamente con la tasa de ovulación de gestaciones posteriores consideradas todas ellas como un carácter.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Blasco, A., Santacreu, M.A., Thompson, R. & Haley C.S. 1993a. Livest. Prod. Sci. 34:163-174.
- Blasco, A., Bidanel, J.P., Bolet, G., Haley, C. & Santacreu, M.A. 1993b. Lives. Prod. Sci. 37:1-21.
- Bolet, G., Santacreu, M., Argente, M., Climent, A. & Blasco, A. 1994. 5th World Cong. Genet. Ap. Livest. Prod. Vol.19:261-264.
- Clutter, A.C., Nielsen, M.K., & Johnson, R.K. 1990. J. Anim. Sci. 68:3536-3542.
- García, M.L., Baselga, M., Lavara, R. & Vicente, J.S. 2001. ITEA.
- Lamberson, W.R., Johnson, R.K., Zimmerman, D.R. & Long, T.E. 1991. J. Anim. Sci. 69:3129-3143.
- Newton, J.R., Cunningham, P.J. & Zimmerman, D.R. 1977. J Anim Sci. 44:30-35.
- Rosendo, A., Druet, T., Gogué, J. & Bidanel, J.P. 2007. J. Anim. Sci. 85:356-364.
- Viudes de Castro, M.P., García Ximenez, F. & Vicente, J.S. 1995. Investigación agraria. Producción y sanidad animales. Vol 10(2).

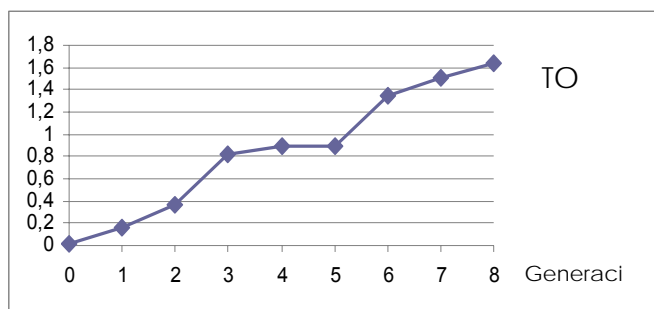
**Tabla1:** Media, desviación estándar (sd) y número de datos (N) para la tasa de ovulación (TO) en cada generación.

Generación	0	1	2	3	4	5	6	7	8
Media	14.87	15.43	15.71	16.42	15.72	15.49	16.23	15.65	15.92
sd	2.24	2.62	2.65	2.38	2.73	2.41	2.18	2.30	2.50
N	134	127	157	130	101	104	172	131	131

**Tabla 2:** Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las heredabilidades de la tasa de ovulación en la segunda gestación (TO2) y en gestaciones posteriores (TO>2) y de las correlaciones genética ( $r_g$ ) y fenotípica ( $r_p$ ) entre las dos tasas de ovulación.

	Media	Mediana	HPD (95%)	k
$h^2_{TO2}$	0.24	0.25	0.05, 0.40	0.08
$h^2_{TO>2}$	0.29	0.29	0.15, 0.42	0.18
$r_g$	0.93	0.97	0.72, 1.00	0.72
$r_p$	0.28	0.28	0.19, 0.37	0.20

HPD (95%): Intervalo de máxima densidad al 95%; k: límite del intervalo  $[k, \infty)$  conteniendo una probabilidad del 95%.



**Figura 1:** Tendencias genéticas para la tasa de ovulación (TO).

**Agradecimientos:** A Rosa Peiró, por su colaboración en los análisis estadísticos. Este trabajo ha sido financiado por la Comisión Interministerial de Ciencia y Tecnología (CICYT) (AGL2005-07624-C03-01).

### SELECTION FOR OVULATION RATE IN RABBIT. CORRELATION BETWEEN TWO MEASURES OF OVULATION RATE. PRELIMINARY RESULTS.

**ABSTRACT:** The present study was designed to evaluate the response to selection for ovulation rate in rabbits during eight generations and to establish the correlation among ovulation rate in different gestations. Selection was based on phenotypic value of ovulation rate measured by laparoscopy at day 12 of their second gestation. Pressure of selection for does was close to 30%. Line size was approximately 20 males and 80 females per generation. Traits recorded were ovulation rate at second gestation (TO2) by laparoscopy and at later gestations (TO>2) *post mortem*. Data from 680 laparoscopies and 508 sacrifices were analyzed using Bayesian methods. Heritabilities of TO2 and TO>2 were 0.25 and 0.29 respectively. Genetic ( $r_g$ ) and phenotypic ( $r_p$ ) correlation were 0.97 and 0.28 respectively. Selection increased ovulation rate in 1.65 oocytes in eight generations of selection.

**Keywords:** ovulation rate, selection, correlation