

PARÁMETROS GENÉTICOS DE LAS ENFERMEDADES MÁS COMUNES EN EL ENGORDE DE GAZAPOS BAJO DOS REGÍMENES ALIMENTARIOS

Ragab^{1,2}, M., Sánchez¹, J. P., Ramon¹, J., Rafel¹, O. y Piles¹, M.

¹Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries. Torre Marimón, Caldes de Montbui, 08140, Barcelona, Spain.

²Poultry prod. Depart. Kafr El Sheikh University, 33516, Kafr El Sheikh, Egypt.
mohamed.mohamed@irta.es

INTRODUCCIÓN

En los últimos años la producción de carne de conejo ha alcanzado un elevado potencial debido, en gran parte, a los desarrollos de líneas altamente especializadas y a los avances en nutrición. Sin embargo, en muchos casos este potencial no se plasma finalmente en incrementos reales de la producción debido, entre otros factores, a problemas derivados de la presencia de enfermedades tanto de etiología infecciosa (bacterianas, virales, parasitarias y micóticas) como no infecciosa (toxinas, estrés y metabólicas). Estas patologías causan importantes pérdidas económicas en la industria cunícola y además afectan al bienestar de los animales, por lo que la supervivencia durante el cebo tiene un peso económico relativamente alto (Carchute *et al.*, 2014). Obviamente, la incidencia de enfermedades en conejo es muy diferente en función de la edad del animal y del sistema de manejo al que se someta. Los procesos digestivos y respiratorios son los más frecuentes en conejos de engorde (Marlier *et al.*, 2003), pero si durante esta fase los animales se racionan parece ser que la incidencia de enfermedades digestivas se reduce de manera importante (Romero *et al.*, 2010). Las estimas publicadas de parámetros genéticos para la incidencia de enfermedades en conejo son escasas, aunque se conoce que ciertos caracteres asociados a incidencia de enfermedades pudieran presentar, incluso en condiciones comerciales, un control genético aditivo que pudiera aprovecharse en programas de mejora (Baselga *et al.*, 1988; Eady *et al.*, 2007; Garreau *et al.*, 2008). De hecho, algunos programas de mejora genética ya están utilizando la resistencia a la infección bacteriana como objetivo de selección (En Australia, Eady, 2003). Los objetivos de este trabajo fueron estudiar el efecto de dos regímenes de alimentación (*ad libitum* y restringida) durante la fase del engorde sobre la incidencia de las enfermedades más importantes y estimar los parámetros genéticos de estas enfermedades en ambas condiciones.

MATERIAL Y MÉTODOS

Los animales de este experimento proceden de una línea paternal (Caldes) seleccionada por velocidad de crecimiento diario (VC) durante el periodo de engorde con alimentación *ad libitum*. Se engordaron en sucesivos lotes dos grupos de gazapos bajo las mismas condiciones ambientales y de manejo, siendo la única diferencia entre ellos la cantidad de pienso suministrada a cada grupo: Alimentación *ad libitum* (AD) y alimentación racionada al 75% del consumo a voluntad (RF). El periodo de cebo duró 5 semanas (32 – 67 días) y durante ellas el pienso usado para ambos grupos fue una dieta estándar. Los animales de una misma camada se distribuían entre los dos tratamientos en jaulas de 8 individuos. La distribución se hacía considerando también el tamaño. Se dispuso de 4024 y 3840 gazapos en los grupos AD y RF, respectivamente. Durante todo el periodo de cebo los gazapos se controlaban semanalmente para detectar signos de enfermedad y para los muertos se diagnosticó la causa más probable de la muerte. Los caracteres analizados fueron: mortalidad general o inespecífica (MO-I), y la morbimortalidad asociadas a procesos entéricos (EN), procesos respiratorios (RS) y mal estado general (ME), todos ellos considerados como caracteres binarios. Con los datos obtenidos se realizaron 4 análisis tri-variados con un modelo umbral-gausiano considerando como dos caracteres distintos la incidencia de cada enfermedad en cada una de las condiciones de alimentación, además de la información del criterio de selección desde la fundación de la línea. El modelo para VC incluyó los factores año-estación (280 niveles), tamaño de camada (7), orden de parto (4), camada de origen (21308) y el efecto genético aditivo (140261). Los modelos para la incidencia de la distintas enfermedades incluyeron los factores lote (14), tamaño de camada (7), orden de parto (4), peso al destete (2: bajo y alto), la camada de origen (1344), el grupo (jaula-lote) (956) y el efecto genético aditivo (140261). Los parámetros de este modelo se estimaron mediante un procedimiento bayesiano utilizando el programa thrgibbs1f90 de

Misztal *et al.* (2002). Se obtuvieron 100000 muestras de cada parámetro descartándose las primeras 10000; de estas se guardaron 1 de cada 100. Se utilizó la fórmula de Dempster y Lerner (1950) para transformar la heredabilidad de la escala subyacente a la escala observada.

RESULTADOS AND DISCUSIÓN

La Tabla 1 muestra que los animales RF tuvieron menos mortalidad inespecífica y presentaron una menor incidencia de enteropatía y de problemas respiratorios. Este resultado confirma los encontrados en estudios previos (Romero *et al.*, 2010; Gidenne *et al.*, 2012) que han servido para avalar las recomendaciones sobre la restricción alimentaria que la Association Scientifique Française de Cuniculture han hecho (Lebas, 2007) y que en este país siguen un gran porcentaje de cunicultores (Tudela, 2008). En nuestro estudio también se observa que los problemas digestivos son los más frecuentes durante el cebo y para ellos las diferencias entre mortalidad y morbimortalidad son importantes, independientemente del régimen alimentario, indicando que, aunque los animales presenten síntomas digestivos, un porcentaje elevado finaliza el cebo.

La heredabilidad (h^2) para VC (Tabla 2) se encuentra dentro del rango de heredabilidades obtenidas en ésta (Piles y Tusell, 2011) y otras líneas de conejos (Larzul y Gondret, 2005; Lavara *et al.*, 2011). Las estimas de h^2 en escala observada para todos los caracteres binarios fueron en general bajas y no se observan diferencias entre tratamientos. Estos valores de h^2 son similares a los reportados para prolificidad, carácter para el que se han llevado a cabo procesos exitosos de selección (García y Baselga, 2002) y similares a las publicadas anteriormente para este tipo de caracteres. Así, Baselga *et al.* (1988) obtuvieron una heredabilidad de los daños en el pulmón, causados por Pasterelosis de entre 0,12 y 0,28; Eady *et al.* (2007) obtuvieron para la presencia de signos de infección bacteriana (*S. aureus* y *P. multocida*) una h^2 de 0,12; Garreau *et al.* (2008) reportaron una h^2 de 0,08 para la presencia de trastornos digestivos. Las correlaciones genéticas (Tabla 3) entre los caracteres binarios y la VC resultaron ser en general bajas y negativas, lo que es compatible con otras estimas publicadas en conejos (Sorensen *et al.*, 2001; Garreau *et al.*, 2008). Por otra parte, todas las correlaciones genéticas entre los caracteres binarios bajo alimentación a voluntad y bajo restricción son claramente diferentes de 1, lo que apunta a una magnitud importante de la interacción entre el genotipo y el tipo de alimentación, a este respecto no se han encontrado estudios previos que aborden el estudio de esta interacción.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Baselga, M. et al. 1988. Proc. 4th World Rabbit Congress, Budapest, Hungary. • Carchute, L. et al., 2014. World Rabbit Sci. 22: 165-177. • Dempster, E.R. & Lerne, I.M. 1950. Genetics 35: 212-236. • Eady, S.J. 2003. RIRDC No 02/144. • Eady, S.J. et al. 2007. Lives. Sci. 112: 90-98. • Garreau, H. et al. 2008. Proc. 9th World Rabbit Congress. Verona, Italy. • García M.L. & Baselga M. 2002b. World Rabbit Science 10:71-76. • Gidenne et al. 2012. Prod. Anim. 25:323-336 • Larzul, C. & Gondret, F. 2005. Prod. Anim.18: 119-129. • Lavara, R. et al. 2011. J. Anim. Breed. Genet. 128: 44-51 • Lebas, F. 2007. Cuniculture magazine. ASFC. • Marlier, D. et al. 2003. Ann. Méd. Vét. 147, 385-392. • Misztal, I. et al. 2002. Proc. 7th WCGALP, Montpellier, France. • Piles, M. & Tusell, L. 2011. J. Anim. Breed. Genet. 1-8. • Romero, C. et al. 2010. World Rabbit Sci. 18: 211-218. • Sorensen, P. et al. 2001. World Rabbit Science 9: 33-38. • Tudela, F. 2008, Proc. XXXIII Symposium de ASESCU. Calahorra, Spain.

Tabla1. Morbimortalidad y mortalidad específicas asociadas a cada enfermedad y mortalidad inespecífica.

		MO-I	EN	RS	ME
% Morbimortalidad	Ad libitum		10,51 ^a	2,36 ^a	2,66 ^a
	Restringida		8,15 ^b	1,61 ^b	2,86 ^a
% Mortalidad	Ad libitum	9,89 ^a	3,38	0,40	0,47
	Restringida	6,72 ^b	1,98	0,23	0,52

MO-I: Mortalidad Inespecífica; EN: Enteropatía; RS: Problemas Respiratorios; ME: Mal Estado General. ^{a, b}. Letras diferentes dentro de columna indican diferencias significativas (P<0,05) entre tratamientos en un test Chi².

Tabla 2. Medias (desviaciones típicas) de la distribución marginal posterior de las heredabilidades en la escala subyacente (h^2_{sub}) y observada (h^2_{obs}) para VC y la presencia de distintas enfermedades en el periodo de engorde.

Carácter	Ad libitum		Restringido	
	h^2_{sub}	h^2_{obs}	h^2_{sub}	h^2_{obs}
VC	-	0,14 (0,009)	-	-
MO-I	0,30 (0,06)	0,10 (0,022)	0,27 (0,06)	0,07 (0,017)
EN	0,17 (0,09)	0,06 (0,015)	0,17 (0,09)	0,05 (0,016)
RS	0,23 (0,05)	0,03 (0,007)	0,27 (0,08)	0,03 (0,008)
ME	0,20 (0,06)	0,03 (0,015)	0,38 (0,09)	0,06 (0,015)

VC: Velocidad de crecimiento; MO-I: Mortalidad Inespecífica; EN: Enteropatía; RS: Problemas Respiratorios; ME: Mal Estado General.

Tabla 3. Medias (desviaciones típicas) de la distribución marginal posterior de las correlaciones entre la velocidad de crecimiento (VC), y la presencia de una determinada enfermedad en condiciones de alimentación a voluntad (D_{AD}) o restringida (D_{RF}).

Caracteres implicados en la correlación genética			
Carácter	D_{AD}, VC	D_{RF}, VC	D_{AD}, D_{RF}
MO-I	-0,37 (0,08)	-0,34 (0,08)	0,68 (0,07)
EN	-0,29 (0,9)	-0,35 (0,06)	0,34(0,08)
RS	-0,18 (0,12)	0,02 (0,06)	0,26 (0,09)
ME	-0,31 (0,09)	-0,29 (0,06)	0,47 (0,10)

VC: Velocidad de crecimiento; MO-I: Mortalidad Inespecífica; EN: Enteropatía; RS: Problemas Respiratorios; ME: Mal Estado General.

GENETIC PARAMETERS OF COMMON RABBIT DISEASES UNDER TWO FEEDING SYSTEMS

ABSTRACT: Genetic parameters for average daily gain (**ADG**), unspecific mortality (**U-MO**), enteropathy (**EN**), respiratory symptoms (**RS**) and poor body condition (**ME**) and in Caldes line rabbits during the fattening period were estimated using Bayesian Trivariate Linear-Threshold Animal Models. 4024 and 3840 animals were reared under *ad libitum* (**AD**) and restricted feeding (**RF**) regimes. The kits of the same litter were distributed into both treatments ensuring that animals in a cage had a similar initial weight. For each disease, records obtained under different feed regimes were treated as different traits. The model for ADG included the effects of year-season, parity order, number born alive, additive genetic and litter. For every disease the model included parity order, number born alive, batch, size of the animal at weaning, additive genetic, litter and cage group effects. The heritabilities on the liability scale were converted to the observed scale. Estimates were found to be between 0,03 and 0,10, and for all the diseases they were equal under both treatments. The genetic correlations between feeding regimens were far from 1, suggesting the existence of genotype by feeding regimen interaction. The genetic correlations between VC and all of the diseases under both feeding regimens were moderate and negative.

Keywords: Rabbit, Diseases, Feeding regime, GxE interaction