

RESPUESTA CORRELACIONADA EN CARACTERES DE CRECIMIENTO EN UNA LINEA SELECCIONADA POR TASA DE OVULACIÓN Y TAMAÑO DE CAMADA EN CONEJO

Peiró^{1,2}, R., Badawy^{1,3}, A.Y., Blasco¹, A. y Santacreu¹, M.A.

¹Instituto de Ciencia y Tecnología Animal, Universitat Politècnica de València.

²Dirección actual: Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana, Universitat Politècnica de València. ³Dirección actual: Animal Production Department, Faculty of Agriculture, Suez Canal University, Egipto. msantacr@dca.upv.es

INTRODUCCIÓN

En conejo, el principal objetivo de un programa de mejora genética es aumentar la producción de carne de conejo con el menor costo (Cartuche et al., 2014). Estos programas se basan en el cruce a tres vías, dos líneas maternas y una paterna. Las líneas maternas se seleccionan por tamaño de la camada al nacimiento o al destete y se cruzan para producir la hembra híbrida (Ragab y Baselga, 2011), mientras que la línea paterna se selecciona por velocidad de crecimiento (Baselga, 2004). Por ello, el conejo comercial presenta un 50% de genes de las líneas maternas, por lo que estas líneas deben presentar una adecuada velocidad de crecimiento.

Existen pocas estimaciones de las correlaciones genéticas entre caracteres reproductivos y de crecimiento. Además, las estimaciones varían dependiendo de la población o raza evaluada, y generalmente son bajas y con un elevado error estándar (Mocé y Santacreu, 2010).

En la Universitat Politècnica de València se ha realizado un experimento de selección en conejo por tasa de ovulación durante 6 generaciones y por niveles independientes para tasa de ovulación y tamaño de camada durante 9 generaciones. El objetivo de este trabajo es estimar la respuesta correlacionada en el peso a los 28 días (P28) y a los 63 días (P63).

MATERIAL Y MÉTODOS

Animales: Los animales utilizados en este experimento se seleccionaron durante 6 generaciones por tasa de ovulación (primer periodo de selección) y posteriormente durante 9 generaciones por niveles independientes para tasa de ovulación y tamaño de camada (segundo periodo de selección). La selección por tasa de ovulación se realizó utilizando la tasa de ovulación estimada por laparoscopia en la segunda gestación. En este periodo se aplicó una presión de selección del 30%. En la selección por niveles independientes (segundo periodo de selección), primero se seleccionaron las hembras que presentaban una mayor tasa de ovulación (presión de selección del 65%) y posteriormente las que presentaban el mayor promedio de nacidos totales de los dos primeros partos (presión de selección del 50%).

Todos los animales se alojaron en la granja de la Universitat Politècnica de València. Los animales adultos se alojaron en jaulas individuales con un nido extraíble. Los gazapos se alojaron con la madre hasta el destete (28 días). Posteriormente, se alojaron en jaulas colectivas (agrupando ocho o nueve gazapos) hasta que alcanzan el peso comercial a los 63 días de edad. Los animales seleccionados se alojaron en jaulas individuales hasta las 18-20 semanas de edad, momento en el que inician su vida reproductiva. La monta se realiza a los 12 días post-parto. En la última gestación se estimó la tasa de ovulación post-mortem.

Durante el período de engorde (desde los 28 a los 63 días de edad), los conejos fueron alimentados *ad libitum* con una dieta comercial (15,0% de proteína cruda, 16,8% de fibra cruda, 2,4% de grasa cruda, 7,3% de cenizas, NANTA, S.A.[®]). A partir de los 63 días de edad, los conejos fueron alimentados con una dieta comercial (16,5% de proteína cruda, 15,0% de fibra cruda, 3,0% de grasa cruda, 7,8% de cenizas, NANTA, S.A.[®]).

Caracteres: El peso al destete (P28) y el peso al sacrificio (P63) se midió individualmente para cada animal a los 28 y 63 días de edad, respectivamente. El tamaño de la camada (TC) se midió como el número total de gazapos por camada, hasta un máximo de seis partos. La tasa de ovulación (TO) se estimó por laparoscopia en el día 12 de la segunda gestación y post-mortem en la última gestación.

Se han analizado un total de 30.420 y 29.075 datos para los caracteres P28 y P63, respectivamente. Estos datos proceden de un total de 4.027 camadas producidas por 1.317 hembras. Además, se analizaron los datos de 1.210 laparoscopias y 4.480 partos. El número de animales incluidos en el pedigrí ha sido de 30.666.

Análisis estadísticos: El modelo utilizado para analizar la TO y el TC fue:

$$y_{ijkl} = AE_i + P_j + a_k + p_k + e_{ijkl}$$

donde, AE_i es el efecto año-estación (44 y 49 niveles para TO y TC, respectivamente), P_j es estado fisiológico (4 y 5 niveles para TO y TC, respectivamente), a_k es el valor aditivo del animal, p_k es el efecto permanente no aditivo de la hembra, y e_{ijkl} es el efecto residual.

El modelo utilizado para analizar el P28 y P63 fue:

$$y_{ijklm} = AE_i + OP_j + b \times NV + a_k + m_l + l_{im} + e_{ijklm}$$

donde, AE_i es el efecto año-estación (46 niveles), OP_j es el efecto del orden de parto de la camada de origen (cuatro niveles: 1, 2, 3 y >3), NV es el número de gazapos nacidos vivos en los que nació el animal k y b es el coeficiente de regresión, a_k es el valor aditivo del animal k , m_l es el efecto aleatorio ambiental de la madre del animal k , l_{im} es el efecto aleatorio de la camada común del animal k y e_{ijklm} es el efecto residual.

La estructura de las correlaciones entre los efectos así como las distribuciones *a priori* han sido los mismos que los utilizados por Minguez et al. (2015). Se realizó un análisis bayesiano bivalente con aumento de datos (ver Blasco, 2017). Se utilizó una cadena de 3.000.000 iteraciones, con un periodo de quemado de 750.000 iteraciones, tomando una de cada 100. La posible falta de convergencia se realizó utilizando el criterio de Geweke.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El peso medio obtenido a los 28 y 63 días de edad ha sido de 0,50 y 1,74 kg, respectivamente.

En el primer período de selección se ha incrementado la TO en 0.24 óvulos/generación (lo que corresponde a una mejora de 1,5% por generación) pero la respuesta correlacionada en TC ha sido de 0,07 gazapos/generación (0,8% por generación). Para los caracteres de crecimiento (figura 1), se ha obtenido una respuesta correlacionada en P28 y P63 de 2,7 y 11,3 g/generación, lo que implica una mejora de aproximadamente un 0,5% y 0,7% por generación, respectivamente.

En el segundo período de selección se ha mejorado el TC en 0,17 gazapos/generación (1,9% por generación), debido a la mejora en los dos componentes: TO (0,17 óvulos/generación; 1,0% por generación) y supervivencia prenatal (0,01; 1,7% por generación). Durante este segundo período de selección, la respuesta correlacionada en los caracteres de crecimiento ha sido menor; 1,9 y 8,0 g/generación, lo que implica una mejora de aproximadamente un 0,4% y 0,5% por generación para P28 y P63, respectivamente. La correlación genética moderada positiva estimada entre OR y P63 podría explicar las diferencias entre dos periodos de selección. Durante el primer período de selección, se logró un aumento más alto de la tasa de ovulación y por lo podría explicar una mayor respuesta correlacionada en P63. La respuesta correlacionada en P28 podría explicarse por una correlación genética positiva y alta entre P28 y P63. Resultados similares han sido obtenidos en líneas seleccionadas por tasa de ovulación en conejo (Quirino et al., 2009) y cerdo (Rosendo et al., 2007). En los experimentos de selección por tamaño de camada, la respuesta ha sido nula o negativa (Rochambeau, 1998; García y Baselga, 2002; Minguez et al., 2016).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Blasco, A. 2017. Bayesian data analysis for animal scientists. Springer, New York, USA
- Cartuche, L., Pascual, M., Gómez, E.A. & Blasco, A. 2014. World Rabbit Sci. 22:165-177.
- García, M. L. & Baselga M. 2002. Livest. Prod. Sci. 78:91-98.
- Minguez, C., Sánchez, J. P., El Nagar A. G., Ragab M. & Baselga, M. 2016. J. Anim. Breed. Genet. 133:303-315.
- Mocé, M. L. & Santacreu M.A. 2010. Proc. 9th World Congress Genet. Appl. Livest. Prod. 1: 25-35.
- Ragab, M. & Baselga M. 2011. Livest. Sci. 136:201-206.
- Rochambeau, H. 1988. Proc. 4th World Rabbit Congress 2:1-68.
- Rosendo, A., Canario, L., Druet, T., Gogue, J. & Bidanel, J.P. 2007. J. Anim. Sci.

Agradecimientos: El trabajo ha sido financiado por el Ministerio de Economía y Competitividad (AGL2014-55921-C2-1-P) y la Generalitat Valenciana (Prometeo 2009/125).

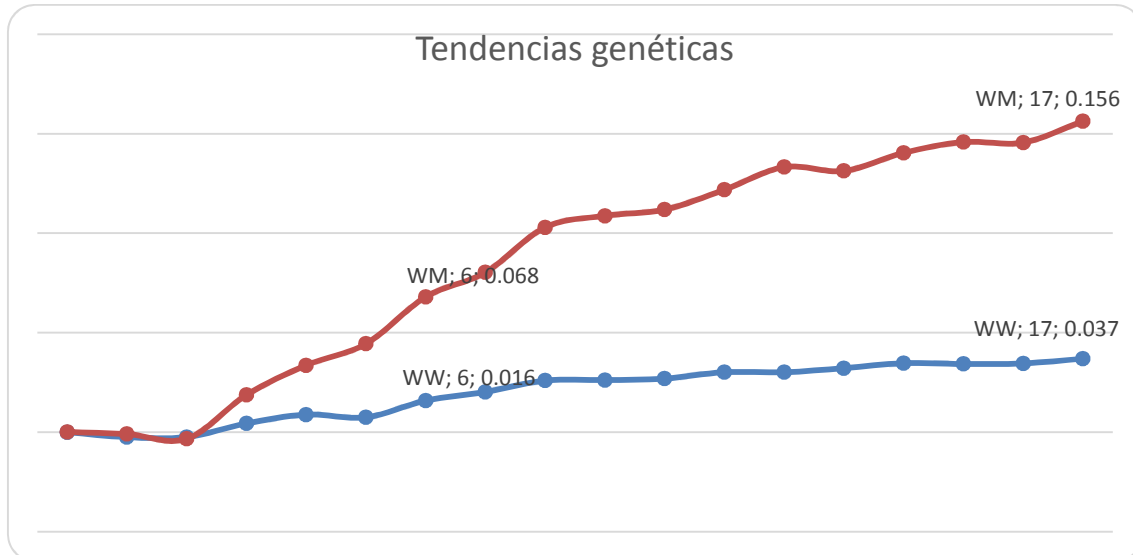


Figura 1. Media genética estimada por generación para peso a los 28 (línea azul) y 63 (línea granate) de edad (en gramos) en un experimento de selección por tasa de ovulación durante 6 generaciones de selección y por niveles independientes para tasa de ovulación y tamaño de camada durante 9 generaciones de selección.

SELECTION FOR OVULATION RATE AND LITTER SIZE USING INDEPENDENT LEVELS IN RABBITS: CORRELATED RESPONSES ON GROWTH TRAITS

ABSTRACT: The objective of this study was to evaluate the effect of selection for ovulation rate and litter size on growth traits in rabbit. The experiment involved two selection periods. In the first one, selection was performed for ovulation rate, recorded by laparoscopy at day 12 of their second gestation. In the second one, selection was performed for ovulation rate and litter size using independent culling levels. The total selection pressure was around 30 %. The measured traits were ovulation rate (TO), litter size (TC), weaning weight (P28) and marketing weight (P63). Data was analyzed using Bayesian inference methods. Positive correlated response in both periods was obtained for growth traits. The positive moderate genetic correlation estimated between OR and P63 could explain the correlated response found in P63. Correlated response on P28 could be explained by positive and high genetic correlation between P28 and P63.

Keywords: litter size, marketing weight, ovulation rate, genetic response, weaning weight.