

# TENDENCIA GENÉTICA EN LÍNEAS MATERNALES DE CONEJO: CONSIDERACIÓN DE LA CONSANGUINIDAD, AÑO-ESTACIÓN Y DOMINANCIA

Fernández E.<sup>\*1,2</sup>, Legarra A.<sup>3</sup>, Sánchez J.<sup>4</sup>, Martínez R.<sup>2</sup> y Baselga M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Ciencia Animal. Universidad Politécnica de Valencia

<sup>2</sup>Mejora y Conservación de Recursos Genéticos. Facultad de Ciencias Agrarias, UNLZ

<sup>3</sup>GenPhySE, Institut National de la Recherche Agronomique

<sup>4</sup>Unitat de Cunicultura, Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentaries

\*ednfer@yahoo.com

## INTRODUCCIÓN

En los programas de mejora, se suele aceptar como una estima del progreso genético a la tendencia genética calculada a partir de las predicciones BLUP. Sin embargo, algunos estudios de prolificidad en conejos evidenciaron que dicha estimación de la tendencia genética resultó superior a la estimada mediante una población control (García y Baselga, 2002). En esta misma especie, se han encontrado dificultades en la estimación del efecto de la consanguinidad debido a una fuerte asociación con el efecto (fijo) año-estación (Ragab y Baselga, 2010, 2011). Este trabajo propone diferentes modelos BLUP en tamaño de camada, para evaluar el ajuste entre las tendencias genéticas predichas por BLUP y la respuesta observada a nivel experimental.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Se trabajó con el carácter número de destetados (ND), de tres líneas maternas de conejos originadas y seleccionadas por ND en el departamento de Ciencia Animal de la UPV, considerando la información presentada en la Tabla 1. Se propusieron 4 modelos, diferenciados por considerar o no la consanguinidad (F) como covariable, por incluir o no la dominancia en estructura aleatoria ( $d_R$ ), (de Boer y Hoeschele, 1993) y por considerar el efecto año-estación como factor fijo (AE) o aleatorio (ae). Todos los modelos incluyeron el estado fisiológico de la hembra al momento de la monta (EF) como efecto fijo, y como aleatorios el efecto aditivo del animal ( $a$ ), el efecto permanente de la hembra ( $p$ ) y el error ( $e$ ) (Tabla 2). Los elementos de la matriz de parentesco asociada a la dominancia en estructura aleatoria se calcularon por goteo de genes (MacCluer et al., 1986) y las estimas fueron obtenidas por REML con WOMBAT (Meyer, 2007).

**Tabla 1.** Composición del conjunto de datos

Línea	Número de Conejas	Animales en el Pedigrí	Número de Registros	Generaciones
A	4853	5668	15861	38
V	5022	5799	19262	35
H	2082	2391	8570	15

**Tabla 2.** Efectos fijos y aleatorios considerados en los modelos 1 a 4.

Modelo	Efectos Fijos	Efectos Aleatorios
1	EF y AE	$a, p$ y $e$
2	EF, AE y F	$a, p$ y $e$
3	EF y F	$a, p, ae$ y $e$
4	EF y F	$a, p, ae, d_R$ y $e$

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El coeficiente de correlación intraclase de año–estación para coeficientes de consanguinidad fue de 0.98 para las líneas A y V y 0.91 para la línea H. Esta fuerte asociación no permite separar adecuadamente los efectos AE de la depresión consanguínea. Como consecuencia, en los modelos 1 y 2 no existieron diferencias en las estimas de los componentes de varianza y las depresiones consanguíneas fueron estimadas con altos errores típicos. Además, en ambos modelos las estimas del efecto AE mostraron una tendencia negativa con el paso de las generaciones, indicación probable de confusión con la depresión consanguínea y sobreestimación de la heredabilidad ( $h^2$ ). La  $h^2$  estimada para ND en estos modelos fue de 0.10 (0.02), 0.09 (0.01) y 0.05 (0.02) para las líneas A, V y H respectivamente. Las tendencias genéticas estimadas en dichas líneas arrojaron valores de 0.149, 0.15 y 0.105 respectivamente, resultando superiores a las tendencias fenotípicas (0.088, 0.045 y -0.014). En el caso particular de la línea A, estos resultados están en concordancia con los obtenidos por García y Baselga (2002).

La inclusión del año-estación como efecto aleatorio, permitió aliviar la asociación entre este efecto y F (modelos 3 y 4). En ambos modelos la no consideración de F modificó las estimaciones de componentes de varianza. Las estimas de la depresión consanguínea, en comparación con el modelo 2, resultaron mayores en las tres líneas (significativamente en las líneas V y H) y con menores errores típicos (Tabla 3). Las estimas de  $h^2$  resultaron menores a las obtenidas con los modelos 1 y 2 y la incorporación de  $d_R$  sólo redujo la estima en la línea H. Los valores estimados fueron: 0.07 (0.01) en la línea A, 0.06 (0.01) en la V y de 0.04 (0.01) y 0.01 (0.02) para los modelos 3 y 4 en la H. La varianza dominante resultó mayor en la línea H, aunque no significativa.

**Tabla 3.** Depresiones consanguíneas en las líneas A, V y H según modelos.

Línea	Modelo 2	Modelo 3	Modelo 4
A	0.20±2.57	-1.70±1.45	-1.48±1.44
V	-0.78±2.56	-6.70±1.58	-6.70±1.58
H	-2.88±3.15	5.68±2.21	-5.02±2.12

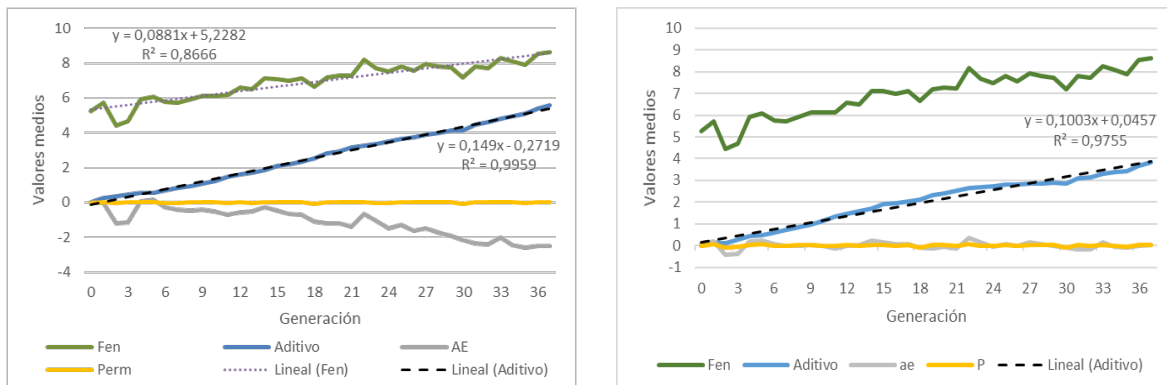
Las tendencias genéticas al considerar  $ae$  fueron inferiores en todas las líneas respecto a los modelos 1 y 2. La inclusión de  $d_R$  en el modelo sólo afectó la tendencia genética en la línea H, disminuyéndola. Las estimas fueron: 0.10 en la línea A, 0.098 en la V y 0.073 (modelo 3) y 0.032 (modelo 4) en la H. Si bien las tendencias genéticas disminuyeron al considerar  $ae$ , siguieron superando a las fenotípicas particularmente en las líneas V y H. A modo de ejemplo, las Figuras 1 y 2 presentan las tendencias para los modelos 2 y 4 en la línea A. Teniendo en cuenta la depresión consanguínea (-1.48, -6.70 y -5.05 para las líneas A, V y H respectivamente) y el incremento de consanguinidad por generación en cada línea (0.0084, 0.0076, 0.0104), el ajuste de las tendencias genéticas sumadas al efecto de la consanguinidad produjo las siguientes tendencias genéticas ajustadas: 0.087 para la línea A, 0.047 para la V con el modelo 3 y -0.02 para la H con el modelo 4.

## CONCLUSIONES

En las tres líneas de conejos consideradas en este trabajo, las tendencias genéticas predichas por BLUP fueron superiores a la respuesta observada a nivel experimental para ND. La inclusión del año-estación como efecto aleatorio permitió separar los efectos de la consanguinidad y del año estación y obtener estimas más bajas de la heredabilidad. Por otro lado, la inclusión de la dominancia en estructura aleatoria en el modelo contribuyó a disminuir la tendencia genética en la línea H. Al trabajar con poblaciones cerradas reproductivamente fue necesario ajustar la tendencia genética por el efecto de la

consanguinidad de manera de considerar el aumento de la misma a través de las generaciones y lograr tendencias genéticas estimadas acordes a las observadas.

**Palabras claves:** tendencias fenotípicas, tendencias genéticas, dominancia, consanguinidad, conejos.



**Figura 1 (izquierda) y 2 (derecha).** Tendencias fenotípicas, de año-estación y genéticas en la línea A según modelos 2 (izquierda) y 4 (derecha).

Fen: tendencia fenotípica, Aditivo: tendencia del valor genético aditivo, AE (ae): tendencia del efecto año-estación fijo (aleatorio), Perm (P): tendencia de los efectos permanentes, Lineal (Fen): recta de ajuste para la tendencia fenotípica, Lineal (Aditivo): recta de ajuste para la tendencia genética aditiva.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- de Boer I. J. M., Hoeschele I. 1993. Theor. Appl. Genet. 86: 245-258.
- García M. L., Baselga M. 2002. Livest. Prod. Sci. 74:45-53.
- MacCluer J.W, Van de Berg J.L, Read B, Ryder O.A. 1986. Zoo Biol 5, 147-160.
- Meyer K. 2007. J Zhejiang Univ. Sci. B, 8 (11):815-821.
- Ragab M., Baselga M. 2010. En Proc. 9th World Congr. on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany. CD Com. No. 0083.
- Ragab M., Baselga M. 2011. Livest. Sci.136: 201–206.

## ABSTRACT

Genetic trend estimates for litter size in some improved closed rabbit lines seem overestimated when compared to a cryopreserved control population. These lines suffer a steady accumulation of inbreeding, which is highly confounded with year-season effects. This work compared genetic trend estimates of litter size using REML. Models always included physiological state, permanent effects and additive relationships, and differed in the inclusion (or not) of inbreeding depression, year-season as random or fixed, and non-inbred dominant relationships. We analysed lines A, V and H with 5668, 5799 and 2391 animals in pedigree, most of them with phenotypic records. Complete pedigrees and data span from 15 to 38 generations. Including year-season as random effect instead of fixed yielded estimates of genetic trends in agreement with the control population, and detrimental estimates of inbreeding depression, contrary to fit year-season as a fixed effect. Inclusion of dominance relationships decreased the estimate of genetic trend in line H but not in the other two. Inclusion of inbreeding depression and year-season as random is needed to estimate genetic trends correctly.

**Keywords:** phenotypic trend, genetic trend, dominance, inbreeding, rabbits.