

Comparación de estrategias de genotipado y fenotipado en individuos cruzados en gallinas de puesta

M. Sánchez-Díaz^{*1}, N. Ibáñez-Escriche², D. López-Carbonell¹, D. Cavero³ and L. Varona¹

¹Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, 50013 Zaragoza, Spain; ²Institute for Animal Science and Technology, Universitat Politècnica de Valencia, 46022 Valencia, Spain; ³H&N International GmbH, 27472 Cuxhaven, Germany

* *Corresponding autor*: manuel.sanchez@unizar.es

Resumen

La industria de las gallinas ponedoras desempeña un papel crucial en el suministro global de alimentos. Las principales empresas en este sector cuentan con diversas líneas puras que se cruzan para satisfacer las demandas del mercado y aprovechar los beneficios de la heterosis y la complementariedad. Sin embargo, la información procedente de los cruces comerciales no suele utilizarse en los programas de cría debido a problemas de recogida de datos y coste comercial de genotipar y fenotipar un gran número de individuos. Este estudio pretende evaluar en qué medida la incorporación de la información procedente de cruces puede mejorar las predicciones del mérito genético y determinar un escenario óptimo de fenotipado y genotipado. Para ello, se realizó una simulación de un esquema estándar de mejora de ponedoras utilizando el programa AlphaSimR que nos permitió trabajar con poblaciones genéticas que se asemejan a las líneas puras reales que se encuentran en la empresa. A continuación, se llevaron a cabo evaluaciones genéticas de este esquema mediante un modelo *single-step* GBLUP (ssGBLUP) mediante los programas de la familia BLUPF90+. Se exploraron distintos escenarios que abarcaban una variedad de niveles de información fenotípica y genotípica de las gallinas del cruce comercial en las evaluaciones. Los escenarios fueron los siguientes: sin información del cruce (NC), dato propio individual de cada gallina (FI), media de cada jaula como dato propio (PF), dato propio y genotipado individual de cada gallina (FI_GI), media de la jaula como dato propio y genotipado individual (PF_GI), y por último, media de la jaula y pool de genotipos de la jaula (PF_PG). Las predicciones de los méritos genéticos se utilizaron, en primer lugar, para calcular las correlaciones entre los valores genéticos reales y los estimados para los distintos escenarios y, en segundo lugar, para efectuar el proceso de selección de los progenitores de la próxima generación y cuantificar la respuesta a la selección a lo largo de 3 generaciones.

La correlación entre los valores genéticos estimados y simulados fue más alta en el escenario FI_GI, seguido por PF_GI, FI, PF, PF_PG y NC. Estos resultados coincidieron con los de respuesta a la selección, mostrando un aumento del 66% en la respuesta a la selección cuando las gallinas fueron fenotipadas y genotipadas individualmente (FI_GI) en comparación con el escenario donde no se disponía de datos de cruce (NC). Sin embargo, los desafíos relacionados con la recopilación de esta información, especialmente el fenotipado individual, hacen que este escenario sea difícil de implementar en la actualidad. Otra opción viable podría ser la obtención de genotipos individuales y medias fenotípicas de la jaula (PF_GI), que ofrece una superioridad del 53 % respecto a NC. La recogida de datos genómicos en pool (PF_PG) no mostraron buenos resultados, ya que la respuesta a la selección fue menor incluso que en el escenario donde no se utilizó información genómica (PF y FI).

Estos resultados respaldan la idea de utilizar datos de cruces en los programas de mejora genética de gallinas ponedoras y abren la posibilidad a nuevos sistemas de evaluación genética.

Keywords: Laying hens; Crossbred individuals; ssGBLUP; Response to selection.