

Selección divergente para la variabilidad ambiental del tamaño de camada en conejo

Resultados preliminares

Argente, M.J.¹, García, M.L.^{1*}, Muelas, R.¹, Santacreu, M.A.², Blasco, A.²

¹Departamento de Tecnología Agroalimentaria. Universidad Miguel Hernández de Elche, Ctra de Beniel Km 3.2, 03312 Orihuela, Spain.

²Institute for Animal Science and Technology. Polytechnic University of Valencia, P.O. Box 22012. 46071 Valencia, Spain.

* mariluz.garcia@umh.es

Resumen

Se ha realizado un experimento de selección divergente para la varianza fenotípica del tamaño de camada en conejo. El criterio de selección ha sido la varianza fenotípica del tamaño de camada de una hembra después de haber sido corregido por los efectos fijos del año-estación y el estado de lactación (Pvc). La presión de selección en hembras fue de un 30% aproximadamente en cada una de las líneas. La selección de los machos se ha realizado dentro de familias de machos para evitar un incremento de la consanguinidad. Se recogieron 1929 datos de tamaño de camada y 534 de Pvc. Se utilizó metodología bayesiana para analizar los datos obtenidos en la primera generación de selección. La línea Alta presentó mayor Pvc que la línea Baja en la primera generación de selección. La diferencia entre las líneas (D) fue de 0.73 ($P(D>0)=96\%$). La diferencia observada en Pvc estuvo asociada a un incremento en la varianza fenotípica del carácter ($D=1.49$, $P(D>0)=100\%$) y una disminución en el tamaño de camada en la línea Alta ($D=-0.38$ gazapos, $P(D>0)=93\%$).

Los primeros resultados de este estudio, que se pueden considerar preliminares, sugieren que la variabilidad del tamaño de camada podría presentar control genético.

Palabras Clave: Selección, varianza, tamaño de camada, metodología bayesiana

Abstract

A divergent selection experiment on phenotypic variance of litter size was carried out in rabbits. Selection was based on phenotypic variance of litter size for each doe after correcting litter size for the fixed effects of year-season and lactation status (Pvc). Selection pressure on does was approximately 30% in each line. Males were chosen within sire families in order to avoid the increase of inbreeding. The total number of records for litter size and Pvc were 1929 and

534, respectively. Results of the first generation of selection were analyzed using Bayesian methods. The High line showed a higher Pvc than the Low line in the first generation of selection. The difference between lines (D) was 0.73 ($P(D>0) = 96\%$). This difference in Pvc was associated with an increase in the phenotypic variance of litter size ($D = 1.49$, $P(D>0) = 100\%$) and a decrease in litter size in the High line ($D = -0.38$ kits, $P(D>0) = 93\%$).

The first preliminary results of this study suggest that the variance of litter size seems to be under genetic control.

Keys words: Selection, variance, litter size, Bayesian methods

Introducción

Se considera que el tamaño de camada presenta una heredabilidad baja y esta es una de las causas que se plantean para obtener respuestas a la selección genética de este carácter inferiores a las esperadas (Baselga, 2004). Una reducción de la varianza ambiental del tamaño de camada aumentaría la heredabilidad de este carácter y como consecuencia su respuesta a la selección. Además, con camadas homogéneas se reducirían las adopciones facilitando el manejo diario de granja y disminuyendo los costes de mano de obra en la explotación. San Cristóbal-Gaudy *et al.* (1998) propusieron un modelo genético cuantitativo que suponía un control genético de la varianza ambiental. Estudios recientes en diversas especies han confirmado que hay un control genético aditivo de la varianza ambiental del tamaño de camada (Sorensen y Waagepetersen, 2003, en cerdos; Gutiérrez *et al.*, 2006, en ratón) y en concreto para el conejo en los caracteres de capacidad uterina (Ibáñez-Escriche *et al.*, 2008b) y el peso de la camada al nacimiento (Garreu *et al.*, 2004).

El objetivo de este trabajo es estimar la respuesta a la selección en un experimento de selección divergente para la varianza fenotípica del tamaño de camada en conejo.

Material y Métodos

Animales

Los animales de la población base fueron elegidos aleatoriamente de una población F2 obtenida del cruce de dos líneas de conejo seleccionadas divergentemente por capacidad uterina. Los detalles sobre la fundación de la población F2 pueden encontrarse en Peiró *et al.* (2007). Los

animales fueron criados en la granja de la Universidad Miguel Hernández de Elche. Las instalaciones presentan ventilación controlada y las hembras reciben un fotoperiodo de 16:8 h. Las hembras fueron montadas por primera vez a las 18 semanas de vida, para proseguir con un manejo en bandas semanales con montas 12 días post-parto, obteniendo una media de 2.5 partos/hembra.

El criterio de selección fue la varianza fenotípica del tamaño de camada de cada hembra después de haber sido corregido por los efectos fijos del año estación y el estado de lactación (PVC). El efecto del año-estación incluyó 7 niveles y el efecto de lactación tres niveles (núlparas, hembras lactantes y hembras no lactantes con más de un parto). PVC dentro de hembra fue calculado siguiendo la siguiente fórmula:

$$\frac{1}{n+1} \sum_{i=1}^n (e_i - \bar{e})^2,$$

donde e es el tamaño de camada después de corregir por el año estación y el estado de lactación y n es el número de partos de cada hembra, que varió de 2 a 6. La presión de selección en las hembras fue del 30% en cada una de las líneas y la selección de los machos se realizó dentro de familias de machos para evitar un incremento de la consanguinidad.

Los datos que se incluyeron en el análisis procedieron de la población base y de la primera generación de selección divergente. Se utilizaron 1929 datos de tamaño de camada y 534 de PVC. El número de hembras en la población base fue de 265, 141 en la línea Alta y 128 en la línea Baja.

Caracteres

Los caracteres que se analizaron fueron el tamaño de camada al nacimiento (TC) y su varianza fenotípica (σ^2_p) y PVC.

Análisis estadísticos

Diferencias entre las líneas de Alta y Baja variabilidad del tamaño de camada: Todos los análisis se realizaron utilizando metodología bayesiana. PVC y la varianza fenotípica para el tamaño de camada (σ^2_p) fueron analizados con un modelo que sólo tenía como efecto fijo la línea (con 3 niveles: generación base y líneas Alta y Baja). El modelo utilizado para analizar TC incluyó los efectos fijos de la línea, año-estación y estado de lactación) y el efecto aleatorio de hembra. Se utilizaron a priori planos para todos los parámetros desconocidos, excepto para el efecto de la hembra, que se consideró una distribución normal con media 0 y varianza $I \sigma^2_e$, donde I es la matriz identidad y σ^2_e es la varianza de la hembra. Los residuos también siguieron una distribución normal con media 0 y varianza $I \sigma^2_e$. Los a priori de la varianza también se consideraron planos.

Los parámetros de las distribuciones marginales posteriores de la diferencia entre la línea de Alta y de Baja fueron estimados usando el muestreo de Gibbs. Después de algunos análisis exploratorios, se tomó una cadena de cada 120.000, rechazando las 20.000 primeras y las muestras fueron salvadas cada 50 iteraciones. La convergencia se testó usando el criterio Z de Geweke (Sonensen y Pianola, 2002) y los errores de Monte Carlo se obtuvieron usando el procedimiento de series temporales descrito por Geyer (1992).

Resultados y Discusión

En la **Tabla 1** se describen los datos para la varianza fenotípica del tamaño de camada dentro de hembra después de corregir por el año-estación y el estado de lactación (PVC), la varianza fenotípica del tamaño de camada (σ^2_p) y el tamaño de camada al nacimiento (TC) del experimento de selección divergente. Las medias obtenidas para TC y σ^2_p son ligeramente inferiores a los obtenidos por Blasco *et al.* (1994) y Santacreu *et al.* (2005).

Tabla 1. Número de datos (N), media y desviación típica de la varianza fenotípica del tamaño de camada dentro de hembra después de corregir por el año-estación y el estado de lactación (PVC), la varianza fenotípica del tamaño de camada (σ^2_p) y el tamaño de camada al nacimiento (TC).

Carácter	N	Media	SD
PVC	534	3.36	3.32
σ^2_p	534	6.51	6.29
TC	1929	8.27	2.56

Únicamente se presenta la media posterior de la diferencia pues las distribuciones marginales posteriores fueron siempre aproximadas a una normal.

La línea Alta mostró mayor PVC que la línea Baja en la primera generación de selección ($D=0.73$, $P(D>0)=96\%$, **Tabla 2**). Esta diferencia se encuentra asociada a una mayor varianza fenotípica del tamaño de camada ($D=1.49$, $P(D>0)=100\%$) y una disminución del tamaño de camada en la línea Alta ($D=-0.38$ gazapos, $P(D>0)=93\%$). Estos resultados concuerdan con la correlación negativa entre la varianza ambiental del tamaño de camada y el tamaño de camada (-0.75) estimada por Ibáñez-Escriche *et al.* (2008a) en esta misma población.

Tabla 2. Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las diferencias entre la línea Alta y Baja de la varianza fenotípica del tamaño de camada dentro de hembra después de corregir por el año-estación y el estado de lactación (PVC), la varianza fenotípica del tamaño de camada (σ_p^2) y el tamaño de camada al nacimiento (TC).

Carácter	D	HPD _{95%}	P (%)	R	Pr (%)
PVC	0.73	-0.11, 1.51	96	0.5	71
σ_p^2	1.49	0.02, 2.97	100	1	74
TC	-0.38	-0.86, 0.12	93	0.4	53

D: media posterior de la diferencia entre la línea Alta y Baja. HPD_{95%}: región de alta densidad posterior al 95%. P: $P(D>0)$ cuando $D>0$ y $P(D<0)$ cuando $D<0$. R: diferencia relevante asumida. Ps: probabilidad de similitud (probabilidad de que $|D| < R$). Pr: probabilidad de relevancia ($P(D>R)$ cuando $D>0$ y $P(D<R)$ cuando $D<0$).

Conclusiones

Los resultados preliminares de este estudio sugieren que la varianza ambiental del tamaño de camada podría estar regulada por factores genéticos.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido financiado por MCYT AGL2005-07624-C03-03

Bibliografía

- Baselga M. 2004. Genetic improvement of meat of rabbits. Programmes and diffusion. In *Proc. 8th World Rabbit Congress, 2004 September, Puebla, Mexico*, Vol. 1,57-62.
- Blasco A., Argente M.J., Haley C., Santacreu M.A. 1994. Relationships between components of litter size in unilaterally ovariectomized and intact rabbit does. *Journal of Animal Science*, 72: 3066–3072.
- Garreau H., SanCristobal M., Hurtaud J., Bodin L., Ros M., Robert-Granié C., Saleil G., Bolet G. 2004. Can we select on within litter homogeneity for rabbit birth weight ? A divergent selection experiment. In *Proc. 8th World Rabbit Congress, 2004 September, Puebla, Mexico*, Vol. 1,63-68.
- Geyer C.M. 1992. Practical Markov Chain Monte Carlo (with discussion). *Statistical Science*, 7: 467–511.
- Gutiérrez J.P., Nieto B., Piqueras P., Ibáñez N., Salgado C. 2006. Genetic parameters for canalisation analysis of litter size and litter weight traits at birth in mice. *Genetic Selection and Evolution*, 38: 445-462.
- Ibáñez-Escriche N., Argente M.J., García M.L., Muelas R., Santacreu M.A., Blasco, A. 2008a. Preliminary results in a divergent selection experiment on variance for litter size in rabbits. I. Genetic parameters. In *Proc. 9th World Rabbit Congress, 2008 September, Verona, Italy*.
- Ibáñez-Escriche N., Sorensen D., Waagepetersen R. Blasco A. 2008b. A study of canalization and response to selection for uterine capacity in rabbits. *Genetics (Aceptado)*.
- Peiró R., Merchán M., Santacreu M.A., Argente M.J., García M.L., Folch J.M., Blasco A. 2008. Identification of single nucleotide polymorphism in the Progesterone Receptor gene and its association with reproductive traits in rabbits. *Genetics (Acetado)*.
- SanCristobal-Gaudy M., Bodin L., Elsen J.M., Chevalet C. 1998. Genetic Components of litter size variability in Sheep. *Genetic Selection and Evolution*, 33: 249-271.

- Santacreu M.A., Mocé M.L., Climent A., Blasco A. 2005. Divergent selection for uterine capacity in rabbits. II. Correlated response in litter size and its components estimated with a cryopreserved control population. *Journal of Animal Science*, 83: 2303–2307.
- Sorensen D., Gianola D. 2002. *Likelihood, Bayesian, and MCMC Methods in Quantitative Genetics*. Springer, New York. USA.
- Sorensen D., Waagepetersen R. 2003. Normal linear model with genetically structured residual variance: a case study. *Genetical Research*, 82: 202-222. ●