RESPUESTA A LA SELECCIÓN EN EL CRUZAMIENTO DOBLE EN EL CONEJO DE CARNE

Costa C.[1], Baselga M.[1], Silvestre M.A.[1,2], Sánchez J.P.[1]

[1]Dto. Ciencia Animal. Universidad Politécnica de Valencia. Camino de Vera, 14. 46022 Valencia.
[2]Consellería de Agricultura, Pesca y Alimentación. Amadeo de Saboya, 2. 46010 Valencia

INTRODUCCIÓN

Los programas de Mejora Genética de conejo de carne se basan en el desarrollo de líneas maternales y paternales que intervienen en el cruce a tres vías. A pesar de que las líneas se utilizan para su cruce, el método de selección más común es el de selección intralínea (Matheron y Rouvier, 1977; Rochambeau, 1988; Blasco, 1996), esperando que la respuesta obtenida se exprese también en el cruce. La respuesta a la selección intralínea ha sido estimada mediante poblaciones control, modelo mixto o metodología bayesiana. El objetivo de este trabajo es evaluar, comparando coetáneamente individuos cruzados procedentes de diferentes momentos del programa de selección, la respuesta obtenida en un cruzamiento doble en conejo cuando las líneas implicadas se han seleccionado intralínea.

MATERIAL Y MÉTODOS

Las líneas implicadas en este trabajo son tres: A, V y R. Las líneas maternales A y V son seleccionadas intralínea por tamaño de camada al destete y la línea paterna R se selecciona por ganancia media diaria postdestete. Las hembras cruzadas procedentes del cruce de hembras de la línea V y machos de la línea A, se cruzaban con machos de la línea R para obtener el conejo de carne industrial. En este estudio se compararon dos tipos de animales cruzados: H_1 y H_2. Las hembras H_1 (H_2) procedían del cruce de machos de la generación 16 (29) de la línea A con hembras de la generación 26 de la línea V. Las generaciones 26 y 29 de las líneas V y A, respectivamente, eran las generaciones actuales, sin embargo la generación 16 de la línea A era una generación antigua de la que se criopreservaron embriones y que posteriormente se descongelaron y transfirieron para obtener animales vivos coetáneos a las generaciones actuales. Los gazapos H_1 (H_2) se obtuvieron del cruce de las hembras H_1 (H_2) con los machos de la generación 6 (18) de la línea R. En dicha línea, la generación actual era la 18 y la antigua era la generación 6, de la que también se criopreservaron embriones. Así, los animales H_1 y H_2 representan respectivamente la versión semi-antigua y actual del doble cruzamiento.

El grupo de hembras H_1 (H_2) se componía de 83 (107) animales y éstas tuvieron un total de 475 (686) partos. Las hembras se apareaban por primera vez a los 4,5 meses de vida y 11-12 días después del parto se llevaba de nuevo a la monta. Se realizaban adopciones entre los animales que pertenecían al mismo grupo experimental. Los caracteres estudiados para las hembras fueron: peso de la camada al nacimiento (PCN), peso de la camada al destete (PCD), tamaño de camada total (TCT), nacidos vivos (NV) y tamaño de camada al destete (TCD). Los caracteres estudiados para los gazapos fueron: peso individual al destete (PD) y a los 65 días (PP), ganancia media diaria (GMD), consumo diario (CD) e índice de conversión (IC). Los modelos utilizados para el análisis de los caracteres de las hembras se muestran en la tabla 1.

TABLA 1: Modelos utilizados para el análisis de los caracteres de las hembras

Carácter	GE	AE	OP	R1	R2	EF	NV	DA	m	a	p	e
PCN	x	x	x	x			x		x	x	x	x
PCD	x	x	x		X			x	x	x	x	x
TCT	x	x				x				x	x	x
NV	x	x				x				x	x	x
TCD	x	x				x		x		x	x	x

GE: Grupo Experimental (2 niveles); **AE**: Año-estación; (cada nivel de 60 días 9 niveles). **OP**: Orden de Parto, 1ª, 2ª y más de 2 partos (3 niveles); **R1** (**R2**): Ritmo de gestación (lactación), 3 niveles dependiendo del intervalo entre el parto actual y el anterior (posterior): <45 d, 45-60 d, >60 d.; **EF**: Estado Fisiológico, 1 para nulíparas, 2 y 3 para lactantes o no lactantes respectivamente, y 4 y 5 para multíparas lactantes o no lactantes respectivamente. **NV**: covariable, nacidos vivos; **DA**: covariable, nº después de la adopción; **m**: efecto aleatorio del macho de la línea R intrageneración; **a** (**p**): efecto aditivo (permanente no aditivo) de la hembra; **e**: error.

Los modelos utilizados para el análisis de los caracteres de los gazapos consideraban GE y AE en todos los casos, y además para el PP se incluía los días de engorde como covariable, para el CD se incluía el PD como covariable, y para el IC se incluía el peso al final del cebo como covariable. Los caracteres se analizaron por mínimos cuadrados generalizados bajos los modelos especificados anteriormente, usando el programa PEST (Groeneveld, 1990). La significación estadística se calculó para α=0.05).

RESULTADOS Y DISCUSION

En la Tabla 2, se presentan el nº de datos utilizados para el análisis, las medias y los errores estándar de los diferentes caracteres de la hembra. En dicha tabla, también se presentan los contrastes entre los grupos genéticos de hembras, observándose diferencias significativas para los caracteres TCT y NV, a favor del cruce actual.

TABLA 2: Descripción de los datos de las hembras y los contrastes entre el grupo genético de hembras para los caracteres del tamaño de camada.

Carácter	N	Media	EE	H_1-H_2	Cov
TCT	1153	10.01	2.98	-0.83 ± 0.36*	
NV	1155	8.46	3.72	-1.16 ± 0.42*	
TCD	1069	7.59	2.71	0.21 ± 0.18	0.82 ± 0.02*
PCN (g)	1148	499	197	11 ± 14	49 ± 1*
PCD (g)	932	4204	1300	80 ± 207	224 ± 15*

Estas diferencias significativas no se observaban para el TCD cuando se incluía en el análisis la covariable tamaño de camada tras la adopción. Sin embargo, esta covariable es significativa, y si la eliminamos la diferencia resultante entre ambos grupos genéticos es de +0.74 ([1.16*0.82] – 0.21) a favor de H_2. La respuesta a la selección intralínea por generación había sido evaluada en anteriores trabajos (García y Baselga, 2002), siendo la estima de 0.085 gazapos destetados por generación. De esta forma, si la heterosis del cruzamiento no se modificaba, la superioridad esperada de la H_2 era de 0.51 gazapos destetados (0.5*12*0.085), un valor ligeramente inferior al observado. De la misma forma para el TCT y NV, los valores observados eran ligeramente superiores a los esperados. Estas diferencias podrían deberse a que las respuestas estimadas por García y Baselga (2002) estuvieran subestimadas debido a la consanguinidad acumulada desde la generación 17 a la 29, lo que reduciría las medias de los caracteres del tamaño de

camada (Farghaly, 2000). Por otro lado, tampoco se observaba ningún efecto del grupo genético ni sobre el peso de la camada al nacimiento ni sobre el peso de la camada al destete, cuando ambos se corregían por NV.

TABLA 3: Descripción de los datos de los gazapos y los contrastes entre el grupo genético de gazapos para los caracteres de crecimiento de los gazapos.

Carácter	N	Media	EE	H_1-H_2	Cov
PD (g)	7249	534	153	34 ± 4*	
PP (g)	6591	1993	301	11 ± 7	28 ± 8*
GMD (g/d)	6578	42	6	-0.6 ± 0.1*	
CD(g/d)	725	103	18	-1 ± 1	55 ± 4*
IC	725	2.48	0.323	0.03 ± 0.02	0.21 ± 0.06*

En la Tabla 3, se presentan el nº de datos utilizados para el análisis, las medias y los errores estándar de los diferentes caracteres de crecimiento de los gazapos. También se presentan los contrastes entre los grupos genéticos de gazapos para los diferentes caracteres estudiados. En dicha tabla, se observa que los gazapos H_1 eran significativamente más pesados al destete que los H_2 (actuales). Este hecho era esperado debido al mayor tamaño de camada de las hembras H_2 (Rochambeau et al., 1994; Feki et al., 1996; García y Baselga, 2003). Sin embargo, los gazapos H_2 tienen una GMD significativamente superior a los H_1, aunque inferior a la esperada, expresando en parte el mayor valor genético de los R18 frente a los R6. Respecto al CD y al IC, no se observa ninguna diferencia significativa. Estos resultados son contrarios a lo esperados, ya que se esperaría como respuesta correlacionada a la respuesta directa de GMD, un aumento del CD y una disminución del IC (Torres et al., 1992; Feki et al., 1996). Una posible explicación podría ser el tipo de pienso suministrado a los animales habitualmente utilizado para controlar una nueva enfermedad conocida como la enteropatía mucoide, y que podría tener diferentes efectos sobre el crecimiento de los animales, dependiendo del genotipo de los animales en cuestión.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por los proyectos AGR/1/FS/01 (Fundación Séneca) y AGL2000-0595-C03 (CYCIT).

REFERENCIAS

Blasco A, 1996. 6th World Rabbit Congress, 2: 219-227. Toulouse, 9-12 julio.
Farghaly HM, 2000. 7th World Rabbit Congress, A: 375-379. Valencia, 4-7 julio.
Feki S, Baselga M, Blas E, Cervera C, Gómez EA, 1996. Livest. Prod. Sci., 45:87-92.
García ML y Baselga M, 2002. Livest. Prod. Sci., 74:45-53.
García ML y Baselga M, 2003. Livest. Prod. Sci., 78: 91-98.
Groeneveld E, 1990. Instit. Animal Husdandry and Animal Behaviour, Fal. Germany.
Matheron G y Rouvier R, 1977. Ann. Genet. Sel. Anim., 9: 393-405.
Rochambeau H, 1988. 4th World Rabbit Congress, 2: 1-68. Budapest, 10-14 octubre.
Rochambeau H, Bolet G, Tudela F, 1994. Proc. Sém. modèle animal, 143-150. La Colle sur Loup, 26-29 sept.
Torres C, Baselga M, Gómez EA, 1992. J. Appl. Rabbit Res., 15-884-888.