SELECCIÓN POR TASA DE OVULACIÓN EN CONEJO. RESULTADOS PRELIMINARES.

Ibañez N., Martínez M., Santacreu M.A., Climent A., Blasco A.

Departamento de Ciencia Animal. Universidad Politécnica de Valencia,

P.O. Box 22012. 46071 Valencia. Spain

INTRODUCCIÓN

La selección por tasa de ovulación ha sido propuesta como una forma indirecta de aumentar el tamaño de camada en cerdos y en ratón. La selección por tasa de ovulación, aunque ha aumentado la tasa de ovulación, no ha tenido una respuesta correlacionada en el tamaño de camada. Sin embargo, estos resultados están basados en pocos experimentos, dos en ratón (LAND Y FALCONER, 1969; BRADFORD, 1969) y dos en cerdo (CUNNINGHAM *et al.*, 1979; BIDANEL *et al.*, 1998) y no hay ningún experimento realizado en conejo. Además varios experimentos en cerdos han tenido éxito incrementando el tamaño de camada a través de una selección indirecta por sus componentes (LAMBERSON *et al.*, 1991; JOHNSON *et al.*, 1999; RUIZ-FLORES y JOHNSON, 2001). Estos experimentos muestran que cuando la tasa de ovulación es suficientemente alta, la selección por tamaño de camada aumenta la capacidad uterina.

MATERIAL Y MÉTODOS

Animales

Los animales fueron criados en la granja experimental de la Universidad Politécnica de Valencia. Estos animales derivan de una línea (V) sintética, seleccionada durante 12 generaciones por tamaño de camada, posteriormente 10 generaciones por capacidad uterina y finalmente se relajó la selección durante 5 generaciones. La línea de tasa de ovulación se fundó con los animales pertenecientes a la generación 16 de la línea seleccionada para aumentar la capacidad uterina. La selección se basó en el valor fenotípico de la tasa de ovulación, con una presión media de selección en hembras del 30%. La tasa de ovulación se midió mediante laparoscopia en la segunda gestación, 12 días después de la monta (la técnica quirúrgica esta descrita con detalle en ARGENTE *et al.*, 1997). Tres ciclos de selección han sido analizados. Cada generación se compuso de 80 hembras y 20 machos en promedio.

Caracteres

Se analizaron los siguientes caracteres: TO: tasa de ovulación estimada como el número de cuerpos lúteos. EI: número de embriones implantados, estimado como el número de puntos de implantación. TC: tamaño de camada (número total de gazapos nacidos). Todos los caracteres fueron medidos en el segundo parto, excepto el TC, que se midió en cuatro partos.

Análisis estadístico

El análisis genético se realizo con métodos bayesianos. Se ajusto un modelo jerárquico multivariante donde se incluyeron todos los caracteres. Los efectos ambientales considerados en el análisis fueron año-estación (12 niveles) y estado de lactación de la coneja (3 niveles: nulípara, y multípara lactante o no lactante durante la gestación). Las distribuciones marginales posteriores de los parámetros desconocidos se estimaron usando Gibbs sampling con aumento de datos. Después de varios análisis exploratorios se usaron tres cadenas de 1.000.000 iteraciones cada una, con un periodo de quemado de 100.000 iteraciones. Se tomó una muestra cada 100 iteraciones, para evitar la alta correlación entre muestras consecutivas. La convergencia se comprobó para cada cadena separadamente usando el criterio de Geweke. Detalles del procedimiento se pueden encontrar en SORENSEN y GIANOLA (2002).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las correlaciones fenotípicas entre los caracteres fueron 0.49 para TO y EI, 0.14 para TO y TC y 0.48 para EI y TC.

Los parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las heredabilidades y las correlaciones genéticas se presentan en las tablas 1 y 2. Las distribuciones marginales posteriores tuvieron un error de Monte Carlo muy pequeño. El test de Geweke no detectó falta de convergencia. Las distribuciones posteriores para las correlaciones genéticas fueron altamente asimétricas.

La heredabilidad de la TO fue mayor que la heredabilidad estimada en conejos por BLASCO *et al.* (1993b) (0.21), BOLET *et al.* (1994) (0.24) y ARGENTE *et al.* (2000) (0.20). La heredabilidad para el TC fue baja, de acuerdo con los resultados publicados en conejo (BLASCO *et al.*, 1993a; ARGENTE *et al.*, 2000; GARCIA y BASELGA, 2002). El carácter EI presenta una heredabilidad intermedia, como en BOLET *et al.* (1994).

La correlación genética entre TO y TC fue moderadamente alta (tabla 2). Esta correlación fue mayor que la estima obtenida por BLASCO *et al.* (1993b) (0.36 ± 0.31). Sin embargo, es difícil comparar estos resultados dada la baja precisión de ambas estimas. En cerdos y ratones las estimas publicadas de esta correlación son muy diversas (BLASCO *et al.*, 1993a; ROTHSCHILD y BIDANEL, 1998).

Tabla 1. Características de las distribuciones marginales posteriores de las heredabilidades de la tasa de ovulación (TO), nº de embriones implantados (EI) y tamaño de camada (TC).

	Mediana	Media	de	IMD(95%)	k	MCee	Z
TO	0.44	0.44	0.08	0.28, 0.61	0.30	0.0005	-0.12
EI	0.32	0.32	0.08	0.16, 0.48	0.19	0.0004	0.44
TC	0.12	0.11	0.05	0.04, 0.22	0.05	0.0003	1.58

de: desviación estándar, IMD: Intervalo de máxima densidad al 95%., k: límite del intervalo [k,1] conteniendo una probabilidad del 95%. MCee: error estándar de Monte Carlo , Z: Z-score del test de Geweke.

Tendencias genéticas

La respuesta en las tres primeras en generaciones para la tasa de ovulación fue muy alta, 1.8 óvulos. La respuesta correlacionada para embriones implantados fue alta, alrededor de 1.4 embriones y la respuesta para TC fue de 0.5 gazapos. Nuestros resultados no están de acuerdo con experimentos previos de selección por tasa de

ovulación en ratones (LAND Y FALCONER, 1969; BRADFORD, 1969) y cerdo (CUNNINGHAM *et al.*, 1979; BIDANEL *et al.*, 1998) en donde no hubo respuesta para TC. GARCÍA y BASELGA (2002), en un experimento de selección por tamaño de camada en conejo encuentran una respuesta correlacionada en tasa de ovulación, lo que apoyaría nuestros resultados. Dada la alta heredabilidad de TO y la correlación genética entre TO y TC encontradas, la selección por tasa de ovulación podría incrementar el TC con una mayor eficiencia que la selección directa por TC.

Table 2. Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las correlaciones genéticas entre tasa de ovulación (TO), nº de embriones implantados (EI) y tamaño de camada (TC).

	Mediana	Media	de	IMD(%)	k	MCee	Z
TO,TC	0.57	0.56	0.20	0.19, 0.95	0.23	0.0011	-1.04
TO,EI	0.69	0.68	0.13	0.42, 0.93	0.45	0.0007	1.46
EI,TC	0.94	0.92	0.09	0.73, 1.00	0.76	0.0006	0.84

de: desviación estándar, IMD: Intervalo de máxima densidad al 95%., k: límite del intervalo [k,1] conteniendo una probabilidad del 90%. MCee: error estándar de Monte Carlo , Z: Z-score del test de Geweke.

REFERENCIAS

ARGENTE M.J., SANTACREU M.A., CLIMENT A., BLASCO A., BOLET G. 1997. *J. Anim. Sci.* **75**: 2350 - 2354.

ARGENTE M.J., SANTACREU M.A., CLIMENT A., BLASCO A. 2000. *7th World Rabbit Congress*. Valencia-España. Vol B: 333-338.

BIDANEL J.P., TRIPART C., BLASCO A., GOGUE. 1998. *49th Annual Meeting. EAAP.* Varsovia.

BLASCO A., BIDANEL J.P., BOLET G., HALEY C.S., SANTACREU M.A. 1993a. *Livest. Prod. Sci.* **37**: 1-21.

BLASCO A., SANTACREU M.A., THOMPSON R., HALEY C.S., 1993b. *Livest. Prod. Sci.* **34**: 163-174.

BLASCO A., SORENSEN D., BIDANEL. 1998. *Genetics*. **149**: 301-306.

BOLET G., SANTACREU M.A., ARGENTE M.J., CLIMENT A., BLASCO A. 1994. 5th *World Cong. Genet. Appl. Lives. Prod.* Guelph, Canada. Vol. **19**: 261-264.

BRADFORD G.E, 1969. *Genetics.* **61**: 905-921.

CUNNINGHAM, P. J., ENGLAND, M. E, YOUNG, L. D., ZIMMERMAN, D.R.1979. *J. Anim Sci.* **48**(3): 509-516.

GARCIA M.L, BASELGA M. 2002. *Livest. Prod. Sci.* **74**: 45-53.

JOHNSON R.K., NIELSEN M.K, KITTOK R.J. 1999. *J. Anim. Sci.* **77**: 541-557.

LAMBERSON W.R., ZIMMERMAN D.R., ELDRIDGE F.E., KOPF J.D. 1991. *J. Anim. Sci*. **69**: 3129-3143.

LAND R.B., FALCONER D.S. 1969. *Genet. Res.* **13***: 25-45*.

ROTHSCHILD M.F., BIDANEL J.P. 1998. *Chapter 11.Biology and Genetics Reproduction. C.A.B. International.*

RUIZ-FLORES A., JOHNSON R.K. 2001. *J. Anim. Sci*. **79**: 2286-2297.

SORENSEN D., GIANOLA D. 2002. Likelihood, Bayesian and MCMC methods in quantitative genetics. New York: Springer.