ESTUDIO DE LOS EFECTOS DE DOMINANCIA EN LA DETERMINACIÓN DE LA LONGEVIDAD DEL CONEJO DE CARNE

J.P. Sánchez[a], M. Baselga[a], I.R. Korsgaard[b]
[a]Dep. de Ciencia Animal, UPV, Camino de Vera s/n 46022 Valencia
[b] Dep. of Animal Breeding and Genetics, Research Centre Foulum, Danish Institute of Agricultural Sciences, P.O. Box 50,
DK-8830 Tjele, Denmark.
juansan@dca.upv.es, mbaselga@dca.upv.es

Introducción

Como una aproximación para el estudio de los efectos de dominancia sobre la longevidad en poblaciones consanguíneas se propone la inclusión en los modelos de un efecto de dominancia asociado a cada animal, con matriz de (co)varianzas D, y de la consanguinidad misma como una covariable lineal (Boer y Hoeschele, 1993).
La longevidad es un carácter de baja heredabilidad, por lo que se plantea la posibilidad de estudiar otros modos de acción génicos distintos a la aditividad que pudieran determinar genéticamente la longevidad.
El objetivo de este trabajo es investigar si la dominancia es un modo de acción génica relevante en la determinación genética de la longevidad en una población de conejos de producción cárnica.

Material y Métodos

Animales
La base de datos procede de un núcleo de selección, en el que el manejo es semi-intensivo, las cubriciones se hacen a 11 días postparto, el control de gestación se hace por palpación abdominal a los 12 días de la cubrición (monta natural) y el destete se hace a los 35 días, aunque se hace un control del número de animales vivos a los 28 días, el resultado de este control es la variable criterio de selección. Las generaciones se suceden como generaciones discretas, sin solape reproductivo. En total se tienen datos de 2400 hembras, que representan las 13 primeras generaciones de selección de este núcleo. El fichero de genealogía consta de 3031 animales.

Carácter y Modelos
El carácter estudiado es el número de días desde la primera palpación positiva hasta la muerte o eliminación por alguna causa patológica de la hembra.
Los modelos empleados son modelos de riesgos proporcionales en los que la función de riesgo base se aproxima por una función de escalera, definiendo el riesgo base como constante entre dos tiempos de muerte sucesivos (Korsgaard y col., 1998).
Se proponen tres modelos:
M1.- Modelo animal aditivo.
M2.- Modelo animal aditivo y dominante.
M3.- Modelo animal aditivo y dominante con consanguinidad como covariable lineal.
Para los tres modelos los efectos sistemáticos fueron los mismos:
i.- Efecto año-estación (AE), dependiente del tiempo con 37 niveles, definiendo los cambios de nivel el 1 de enero, el 1 de abril, el 1 de julio y el 1 de octubre de cada año.
ii.- Efecto de la combinación entre el número de ciclo (NC), definido por las fechas de las palpaciones positivas, con 3 niveles, (1, 2 y =3) y el estado fisiológico (EP), con 4 niveles (gestante, lactante, gestante & lactante y vacía).

iii.- Efecto de la combinación entre el estado fisiológico (EP) y el número de nacidos vivos (NV). El número de nacidos vivos se categorizó en 9 niveles, el primero incluyó a las hembras cuando eran nulíparas, el segundo a los partos con cero nacidos vivos, el tercero a partos con 1 o 2 nacidos vivos, y así hasta el nivel noveno que incluyó partos con 13 o más nacidos vivos.

En M1, M2 y M3 la inversa de la matriz de relaciones de parentesco aditivas se calculó usando las reglas de Henderson y considerando la consanguinidad.

En M2 y M3 la inversa de la matriz de relaciones de parentesco dominantes se calculó por inversión directa de la matriz de relaciones de parentesco dominantes, calculada a partir de las relaciones aditivas (Rico, 1999):

Elemento de la diagonal: $D_{ii} = 1 + F_i^2$.

Elemento de fuera de la diagonal: $D_{ij} = \frac{1}{4}[A_{hq} * A_{kl} + A_{hl} * A_{kq}]$.

Siendo h , k los padres de i y q , l los padres de j.

Todos los modelos incluyeron un término residual para tener en consideración otros efectos de naturaleza no genética y no dependientes del tiempo que pudieran actuar sobre el carácter.

Se definen dos ratios de varianza, en la escala del logaritmo de $g_i(t)$ siendo $g_i(t) = \int_0^t \lambda_0(s)\exp\{x_i(s)\beta\}ds$ (Korsgaard y col., 2002). $g_i(t)$ es el riesgo acumulado para el animal i debido a efectos dependientes del tiempo del modelo: riesgo base $\lambda_0(s)$ y efectos sistemáticos dependientes del tiempo en β y seleccionados para cada tiempo por $x_i(s)$. Los ratios fueron: $h^2_{\log} = \sigma_a^2/(\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_e^2 + \frac{\pi^2}{6})$ y $d^2_{\log} = \sigma_d^2/(\sigma_a^2 + \sigma_d^2 + \sigma_e^2 + \frac{\pi^2}{6})$.

La estimación de los parámetros de los modelos se llevó a cabo usando métodos bayesianos, la marginalización para hacer inferencias de las distribuciones marginales posteriores de los parámetros de interés se hizo vía mustreo de Gibbs, usando Adaptative Rejection Sampling para muestrear de las condicionales con forma desconocida. El muestreo de Gibbs constó de una cadena para cada modelo de 1 millón de iteraciones con un periodo de quemado de 100 mil y reteniendo 1 de cada 100 muestras.

Resultados

En la tabla 1 se muestran los estadísticos más relevantes de las distribuciones marginales posteriores para $h^2_{\log}$ y $d^2_{\log}$ y el coeficiente de regresión para la consanguinidad.

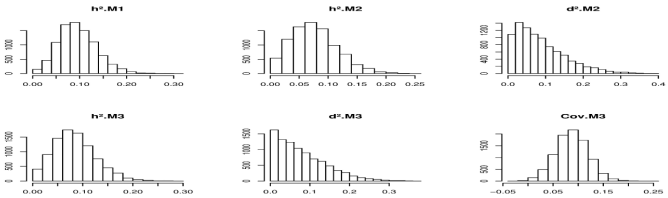
Tabla 1.- Estadísticos descriptivos de las distribuciones posteriores marginales de los ratios de varianzas y para el efecto de la consanguinidad en los tres modelos.

	M1				M2				M3			
	M	SD	95SI	ES	M	SD	95SI	ES	M	SD	95SI	ES
$h^2_{\log}$	0.09	0.04	0.02-0.17	787.3	0.08	0.04	0.005-0.15	495.9	0.08	0.04	0.003-0.16	458.6
$d^2_{\log}$					0.09	0.07	0-0.22	375	0.08	0.06	0-0.20	255.2
Cov									0.09	0.03	0.024-0.151	3836.6

M: Media, SD: Desviación típica, 95SI: Intervalo más pequeño con el 95% de la densidad, ES: Tamaño efectivo.

En la Figura 1 se muestran los histogramas de las distribuciones marginales posteriores para $h^2_{\log}$ en los tres modelos, para $d^2_{\log}$ en M2 y M3 y para el coeficiente de regresión de la consanguinidad en M3.

Figura 1.- Histogramas de las distribuciones marginales posteriores para los ratios de varianza y la covariable.



Discusión y Conclusiones

En la Figura 1 (d^2.M2 y d^2.M3) se puede apreciar que estamos ante un problema de frontera paramétrica para $d^2_{\log}$. De hecho el intervalo más pequeño que contiene el 95% de la densidad (Tabla 1) incluye el cero. Con la inclusión de los efectos de dominancia en el modelo las estimas de $h^2_{\log}$ se reducen ligeramente y aunque la desviación típica posterior es la misma, las distribuciones posteriores se hacen más asimétricas. Por lo tanto, en nuestra población se puede concluir que los efectos dominantes en la determinación genética de la longevidad son pequeños y pudiera ocurrir que la información disponible no permita detectarlos. Ducrocq y col., (2000), tampoco detectaron efectos genéticos no aditivos en la determinación genética de la longevidad en gallinas de puesta.
En cuanto al efecto de la consanguinidad se aprecia claramente que existe (Tabla 1) a pesar de que no se hayan podido detectar efectos de dominancia. Además, parece que con la inclusión de la consanguinidad en el modelo, la variación dominante se reduce ligeramente, pues el intervalo más pequeño que incluye el 95% de la densidad pasa de ser 0-0.22 (M2) a ser 0-0.20 (M3).

Referencias

de Boer I.J.M., Hoeschele I. 1993. Theor. Appl. Genet. 86:245-258.
Ducrocq V., Besbes B., Protais M. 2000. Genet. Sel. Evol. 32:23-40.
Korsgaard I.R., Andersen A.H., Jensen J. 2002. Genet. Sel. Evol. 34:307-333
Korsgaard I.R., Madsen P., Jensen J. 1998. Genet. Sel. Evol. 30:241-256.
Rico M, 1999. Los modelos lineales en la mejora genética animal. Ediciones Peninsular.