ANÁLISIS GENÉTICO DE LOS CARACTERES DE FERTILIDAD Y VELOCIDAD DE CRECIMIENTO EN LA HEMBRA DE CONEJO

Tusell[1], LL., Rafel, O., Ramon, J. y Piles, M.
[1]Unitat de Cunicultura IRTA. Torre Marimón s/n. 08140 Caldes de Montbui. Barcelona.
llibertat.tusell@irta.cat

INTRODUCCIÓN

En las líneas terminales de conejo en las que los caracteres de crecimiento son objeto de selección, es de especial interés determinar que tipo de relación guardan estas variables con los caracteres reproductivos con la finalidad de evitar un posible deterioramiento de la aptitud reproductiva. En éste estudio se pretende analizar la relación genética existente entre la velocidad de crecimiento medio (**ADG**) y la fertilidad de la hembra (**F**).

MATERIAL Y MÉTODOS

Animales y datos

Los animales procedían de la línea Caldes seleccionada masalmente por ADG durante el periodo de engorde, y se encontraban en una granja experimental situada en Caldes de Montbui (Barcelona). Esta cuenta con aislamiento y medidas de control de temperatura. Machos y hembras iniciaban su periodo reproductivo a los 5 y 4.5 meses de edad, respectivamente, y estaban sometidos a un régimen de iluminación de 16h luz/día. Las hembras seguían un ritmo reproductivo semi-intensivo, siendo el intervalo entre partos de 42 días. A los 28 días de vida los gazapos eran destetados y alojados en grupos de 8 con alimentación *ad limitum* durante 32 días. Los datos corresponden al periodo comprendido entre Noviembre de 1983 y Octubre de 2008. Hasta Junio de 2003 se realizaba monta natural, posteriormente y hasta la finalización del estudio, se procedió al uso de la IA, utilizando tratamiento hormonal en las hembras para la inducción del estro y posterior ovulación.

Los caracteres analizados fueron F, definida como éxito a fracaso a la cubrición, del que se dispusieron de 27,234 datos procedentes de 7,895 hembras y ADG durante el periodo de engorde, utilizándose 114,135 datos de todos los individuos desde el inicio de la selección. El pedigrí incluía 114,485 animales.

Modelo y análisis estadístico

Ambos caracteres se analizaron conjuntamente mediante un modelo mixto longitudinal umbral-gaussiano.

Se utilizó el siguiente modelo para la velocidad de crecimiento:

$$\mathbf{y}_{adg} = \mathbf{X}_{adg}\boldsymbol{\beta}_{adg} + \mathbf{Z}_{1,adg}\mathbf{u}_{adg} + \mathbf{Z}_{2,adg}\mathbf{p}_{adg} + \mathbf{Z}_{3,adg}\mathbf{c}_{adg} + \mathbf{e}_{adg}$$

Donde $\boldsymbol{\beta}_{adg}$ es el vector de efectos sistemáticos, $\mathbf{u}_{adg}$ es el vector de efectos genéticos aditivos, $\mathbf{p}_{adg}$ y $\mathbf{c}_{adg}$ son los vectores de efectos permanentes de tipo ambiental maternos y de camada de origen, respectivamente, y $\mathbf{e}_{adg}$ es el vector de residuos aleatorios. $\mathbf{X}_{adg}$, $\mathbf{Z}_{1,adg}$, $\mathbf{Z}_{2,adg}$ y $\mathbf{Z}_{3,adg}$ son matrices de incidencia que relacionan los datos con los efectos sistemáticos, genéticos y ambientales de tipo permanente, respectivamente. Los efectos sistemáticos incluidos en el modelo fueron: año-estación, orden de parto en el que nació el individuo y número de nacidos vivos de la camada a la que pertenece.

Para la variable subyacente (*l*) de fertilidad se utilizó un modelo mixto en el que el residuo se descompuso en dos términos $\mathbf{c}_f$ y $\mathbf{e}_f$, siendo el primero de tipo permanente ambiental relacionado con el efecto de camada de origen de la velocidad de crecimiento, lo que permitía una mayor conexión entre los datos y a su vez, estimar la posible correlación de tipo ambiental entre los dos caracteres.

Así pues el modelo para la variable subyacente fue: $\mathbf{l}_f = \mathbf{X}_f\boldsymbol{\beta}_f + \mathbf{Z}_{1,f}\mathbf{u}_f + \mathbf{Z}_{2,f}\mathbf{p}_f + \mathbf{Z}_{3,f}\mathbf{c}_f + \mathbf{e}_f$

Donde $\boldsymbol{\beta}_f$ es el vector de efectos sistemáticos, $\mathbf{u}_f$ es el vector de efectos genéticos aditivos de hembra, $\mathbf{p}_f$ es el vector de efectos permanentes de tipo ambiental y genético no aditivo de hembra y, $\mathbf{c}_f$ y $\mathbf{e}_f$ son los dos vectores en los que se descomponía el vector de residuos. $\mathbf{X}_f$, $\mathbf{Z}_{1,f}$, $\mathbf{Z}_{2,f}$ y $\mathbf{Z}_{3,f}$ son matrices de incidencia que relacionan la variable subyacente con los efectos sistemáticos, genéticos y ambientales de tipo permanente, respectivamente. Los efectos sistemáticos incluidos en el modelo fueron: estado fisiológico de la hembra (nulípara, multípara lactante y multípara no lactante en el momento de la cubrición) y año-estación.

La distribución de las observaciones condicionada a los parámetros del modelo fue la siguiente:

$$p(\mathbf{y} \mid \boldsymbol{\beta}, \mathbf{u}, \mathbf{p}, \mathbf{c}, \mathbf{R}) \sim N(\mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_1\mathbf{u} + \mathbf{Z}_2\mathbf{p} + \mathbf{Z}_3\mathbf{c}, \mathbf{I} \otimes \mathbf{R})$$

donde $\mathbf{y}' = (\mathbf{l}', \mathbf{y}'_{adg})$; $\boldsymbol{\beta}' = (\boldsymbol{\beta}'_f, \boldsymbol{\beta}'_{adg})$; $\mathbf{u}' = (\mathbf{u}'_f, \mathbf{u}'_{adg})$; $\mathbf{p}' = (\mathbf{p}'_f, \mathbf{p}'_{adg})$ y $\mathbf{c}' = (\mathbf{c}'_f, \mathbf{c}'_{adg})$ se descomponen en los vectores de efectos sistemáticos y aleatorios descritos anteriormente para los dos caracteres, $\mathbf{I}$ es una matriz identidad y $\mathbf{R}$ es la matriz de (co)varianzas residuales con la siguiente estructura:

$$\mathbf{R} = \begin{bmatrix} 1 & 0 \\ 0 & \sigma_e^2 \end{bmatrix}$$

Se consideraron las siguientes distribuciones a priori de los parámetros:

$p(\boldsymbol{\beta}) \sim U(-5,5)$, $p(\mathbf{u} \mid \mathbf{G}) \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{A} \otimes \mathbf{G})$, $p(\mathbf{p} \mid \mathbf{P}) \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I} \otimes \mathbf{P})$, $p(\mathbf{c} \mid \mathbf{C}) \sim N(\mathbf{0}, \mathbf{I} \otimes \mathbf{C})$

Donde **A** es la matriz de relaciones de parentesco y $\mathbf{G} = \begin{bmatrix} \sigma^2_{u;f} & \sigma_{u;f,adg} \\ \sigma_{u;f,adg} & \sigma^2_{u;adg} \end{bmatrix}$; $\mathbf{P} = \begin{bmatrix} \sigma^2_{p;f} & \sigma_{p;f,adg} \\ \sigma_{p;f,adg} & \sigma^2_{p;adg} \end{bmatrix}$ y $\mathbf{C} = \begin{bmatrix} \sigma^2_{c;f} & \sigma_{c;f,adg} \\ \sigma_{c;f,adg} & \sigma^2_{c;adg} \end{bmatrix}$ son las matrices de (co)varianzas los de efectos genéticos y ambientales de tipo permanente descritos anteriormente. Se asignaron priors uniformes acotados a los elementos de las matrices **G**, **P** y **C**. Se utilizó el algoritmo de muestreo de Gibbs para aproximar las distribuciones marginales posteriores de los parámetros de interés. Se obtuvo una cadena de 500,000 iteraciones, desechándose las primeras 100,000 y se guardó 1 de cada 10 muestras. La varianza de muestreo de las cadenas fue obtenida calculando el error de Monte Carlo (Geyer *et al.*, 1992). Los estadísticos de las distribuciones marginales posteriores se calcularon directamente de las muestras guardadas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La tabla 1 muestra los estadísticos descriptivos de las distribuciones marginales posteriores estimadas de los ratios entre los componentes de variación y las correlaciones obtenidas entre ambos caracteres para los distintos efectos aleatorios.

La h^2 de la F fue similar a la obtenida en la misma línea en estudios anteriores (Piles *et al.*, 2005) y la h^2 del ADG se encuentra dentro del rango de heredabilidades encontrado en distintas líneas de conejos (Larzul y Gondret, 2005) y en esta misma línea (Piles *et al.*, 2004). La correlación genética entre F y la ADG resultó ser baja y negativa con elevada probabilidad (P<0=0.88). No existe información previa publicada de la relación entre fertilidad y caracteres de crecimiento en especies prolíficas. Sin embargo, la elevada correlación entre la fertilidad del macho y el tamaño de camada (0.97 p.s.d. 0.05) del macho de ésta misma línea (Tusell *et al.*, 2008), permiten relacionar estos resultados con los obtenidos en otros estudios en los que se estima la correlación entre crecimiento y el tamaño de camada atribuido a la hembra. En dichos trabajos, se observan correlaciones negativas, nulas o positivas, pero siempre de baja magnitud (García y Baselga 2002, Bünger *et al.*, 2005).

En conclusión, aunque en éste estudio F y ADG están correlacionados negativamente, la magnitud de esta relación no parece lo suficientemente importante como para esperar que la aptitud reproductiva de las hembras de líneas seleccionadas por crecimiento pueda verse comprometida en el transcurso del proceso de selección.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Bünger, L., Lewis, R., Rothschild, M., Blasco, A., Renne, U.,& Simm, G. 2005. Phil. Trans. R. Soc. B 360, 1489-1502. • García, M.L. & Baselga, M. 2002. Livest. Prod. Sci 78, 91-98. • Geyer, C.J. 1992. Stat. Sci. 7: 473-511. • Larzul, C. & Gondret, F. 2005. INRA, Prod. Anim. 18(2), 119-129. • Piles, M., Gómez, E.A., Rafel, O., Ramon, J. & Blasco, A. 2004. J. Anim. Sci. 82:654-660. • Piles, M., Rafel, O., Ramon, J. & Varona L. 2005. J. Anim. Sci. 83:340-

343. • Sorensen, D. S., Andersen, S., Gianola, D.& Korsgaard, I. 1995. Genet. Sel. Evol. 27:229-249. • Tusell, LL., Rekaya, R., López-Bejar, M., García-Tomás, M., Rafel, O., Ramon J., & Piles, M. submitted to 2009 Joint Meeting of ADSA, CSAS, and ASAS. Title: Genetic association between male fertility and prolificacy after artificial insemination with semen subjected to limited screening.

Tabla 1. *Media posterior (PM), intervalo mínimo de máxima densidad al 95%(HPD95%), error de Monte Carlo (MCse) y correlación entre muestras consecutivas (Lag) de los parámetros del modelo para velocidad de crecimiento (ADG) y fertilidad (F).*

ADG				
Parámetro	**PM**	**HPD95%**	**MCse**	**Lag**
$h^{2\,a}$	0.1431	0.1215 , 0.1640	0.0010	0.9520
$p^{\,b}$	0.0239	0.0163 , 0.0313	0.0002	0.8715
$c^{\,c}$	0.2777	0.2680 , 0.2870	0.0002	0.4364
$\sigma^{2\,d}$	51.5393	50.8210 , 52.3110	0.0213	0.4742
F				
Parámetro	**PM**	**HPD95%**	**MCse**	**Lag**
$h^{2\,a}$	0.0413	0.0165 , 0.0701	0.0017	0.9939
$p^{\,b}$	0.1400	0.1077 , 0.1738	0.0001	0.9408
$e^{\,e}$	0.8187	0.7926 , 0.8452	0.0006	0.9015
$\sigma^{2\,d}$	6.8987	4.4720 - 9.1105	0.1238	0.9880

Parámetro	**PM**	**HPD95%**	**MCse**	**Lag**
$rg^{\,f}$	-0.1205	-0.3030 , 0.0681	0.0111	0.9855
$rp^{\,g}$	0.4738	0.2827 , 0.6666	0.0049	0.9182
$re^{\,h}$	0.2147	0.0998 , 0.3339	0.0043	0.9551
$rf^{\,i}$	0.1108	0.0515 , 0.1657	0.0023	0.9569

[a]h^2: heredabilidad; [b]p: ratio de variación debida al efecto permanente de hembra; [c]c: ratio de variación debida al efecto de camada de origen; [d]σ^2: varianza fenotípica; [e]e: ratio de variación residual; [f]rg: correlación genética; [g]rp: correlación del efecto permanente de hembra; [h]re: correlación residual; [i]rf: correlación fenotípica.

Agradecimientos: Proyecto financiado por el Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias (INIA-RTA2005-0008-C02) y una beca predoctoral INIA para Ll. Tusell.

GENETIC ANALYSIS OF FERTILITY AND AVERAGE DAILY GAIN IN RABBIT DAM

ABSTRACT: A Bayesian bivariate Linear-Threshold Animal Model was performed to determine the genetic correlation between doe fertility (**F**) and average daily gain (**ADG**) in a rabbit line selected for growth rate during the fattening period. The model used for ADG included the systematic effects of year-season, parity order and number of kids born alive, the animal additive effect, the maternal genetic plus permanent environmental effects and the environmental permanent effect of litter and the random residual effect. The model for the underlying variable for F included the systematic effects of year-season and physiological status of the female, the female additive genetic effects, the female non additive genetic plus permanent environmental effects and the residual, which was divided in an environmental permanent effect related with the environmental permanent effect of litter for ADG, and a random residual term. The obtained heritabilities were 0.04 and 0.14 for F and ADG, respectively. The genetic correlation was low and negative (-0.12) with a probability of 88% of being lower than 0. Thus, the negative value of the genetic correlation seems not to be enough to consider that female reproductive performance is being affected by the selection for growth traits in rabbit lines.
Keywords**:** *Fertility, Growth, Correlation, Rabbit*