SELECCIÓN DIVERGENTE POR VARIABILIDAD EN EL TAMAÑO DE CAMADA EN CONEJO. RESULTADOS DE LAS DOS PRIMERAS GENERACIONES.

Argente, M.J.[1*], Garcia, M.L.[1], Muelas, R.[1], Santacreu, M.A.[2] y Blasco, A.[2]
[1]Departamento de Tecnología Agroalimentaria. Universidad Miguel Hernández de Elche, Ctra de Beniel Km 3.2, 03312 Orihuela, Spain.
[2]Instituto de Ciencia y Tecnología Animal. Universidad Politécnica de Valencia, P.O. Box 22012. 46071 Valencia, Spain.
[*]mj.argente@umh.es

INTRODUCCIÓN

El aumento de la homogeneidad en el tamaño de camada tiene un doble interés en especies ganaderas como el porcino y el conejo; puesto que por un lado se reduciría el número de adopciones, facilitando el manejo diario al ganadero con la consiguiente reducción de costes en la explotación, y por otro lado se podría aumentar la heredabilidad del carácter tamaño de camada. La idea subyacente en este último punto es que la variación ambiental del tamaño de camada está determinada en parte por genes (SanCristobal-Gaudy et al., 1998), por lo que una reducción de la varianza ambiental del tamaño de camada aumentaría su heredabilidad y como consecuencia su respuesta a la selección. Estudios recientes han puesto en evidencia que es posible llevar a cabo este tipo de selección tanto en porcino (Sorensen y Waagepetersen, 2003) como en ratón (Gutiérrez et al., 2006), y en conejo (Ibáñez-Escriche et al., 2008b).

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 utilizados en este estudio proceden de las dos primeras generaciones de un experimento de selección divergente por varianza fenotípica del tamaño de camada. La población base de este experimento se constituyó con los descendientes elegidos al azar de una población F2. Esta población F2 se generó con el cruce de dos líneas de conejos seleccionadas divergentemente por capacidad uterina. Los detalles sobre la fundación de esta población F2 pueden encontrarse en Peiró et al. (2008). Los animales fueron criados en la granja de la Universidad Miguel Hernández de Elche. Esta granja tiene un ambiente controlado con un fotoperiodo constante de 16 h de luz: 8 h de oscuridad. Las hembras fueron llevadas por primera vez a la monta a las 18 semanas de edad, para proseguir con un manejo en bandas semanales con montas 12 días post-parto. En la Tabla 1 se muestra el número de hembras, número de partos y número promedio de partos por hembra por generación y línea.
El criterio de selección fue la varianza fenotípica del tamaño de camada dentro de cada hembra después de corregir el tamaño de camada por los efectos de año-estación y el estado de lactación (V). El efecto del año-estación incluyó 11 niveles y el efecto de lactación 3 niveles (hembras nulíparas, hembras lactantes y hembras no lactantes con más de un parto). V dentro de hembra fue calculado como:

$$V_i = \frac{1}{n_i + 1}\sum_{k=1}^{k=n_i}(e_{ik} - \bar{e}_i)^2$$

Donde n_i es el número de partos de la hembra i, e_{ik} es el tamaño de camada del parto k de la hembra i después de ser corregido por los efectos de año-estación y estado de lactación. La presión de selección fue de un 30% en cada línea. Los machos fueron elegidos dentro de familias de padre para evitar el incremento de la consanguinidad.

Caracteres. Los caracteres analizados fueron la varianza fenotípica del tamaño de camada dentro de hembra después de corregir el tamaño de camada por los efectos de año-estación y estado de lactación (V), la varianza fenotípica del tamaño de camada dentro de hembra sin corregir (σ^2_{TC}) y el tamaño de camada promedio dentro de hembra (TC).

Análisis estadísticos. Todos los análisis se realizaron utilizando metodología bayesiana. Las variables V, σ^2_{TC} y TC fueron analizadas con un modelo que sólo tenía como efecto la línea-generación (con 5 niveles). Para los efectos se utilizó un prior plano acotado, y se asumió que las variables analizadas tenían una distribución normal. Las distribuciones marginales posteriores de los parámetros desconocidos se estimaron usando muestreo de Gibbs. Después de algunos análisis exploratorios, se tomó una cadena de 200.000 iteraciones con un periodo de quemado de 20.000 iteraciones y se guardó una muestra de cada 50 iteraciones. La convergencia fue probada usando el criterio Z de Geweke (Sorensen y Gianola, 2002) y los errores de Monte Carlo fueron obtenidos usando el procedimiento de series temporales descrito por Geyer (1992).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En este experimento se seleccionó por variabilidad fenotípica total en lugar de variabilidad ambiental estimada. Esta última es difícil de estimar con pocos datos, por lo que seleccionando por varianza fenotípica evitamos los elevados errores de estimación en un carácter objeto de selección. Por otro lado más del 90% de la varianza del tamaño de camada es ambiental (ver, p. ej. Revisión de Blasco, 1996), por lo que la selección debería actuar preferentemente sobre este componente.

En la Tabla 2 se muestran las medias para las variables V, σ^2_{TC} y TC. La σ^2_{TC} y el TC dentro de hembra presentan medias menores a las publicadas previamente por Blasco et al. (1994) y Santacreu et al. (2005), pero esto se debe a que las varianzas de la Tabla 2 son varianzas dentro de hembra, sobre las que no hemos encontrado datos en la bibliografía. En la misma tabla se presentan los parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las diferencias entre las líneas de alta (H) y de baja (L) variabilidad del tamaño de camada en la primera y segunda generación de selección. Las distribuciones fueron aproximadamente normales, por lo que se presenta solamente la media posterior de la diferencia. En todas las variables, el test de Geweke no detectó falta de convergencia y el error de Monte Carlo fue pequeño.

Las líneas H y L mostraron un diferencia de 0.49 (P(D>0) = 89%, Tabla 2) para V en la primera generación de selección. Esta diferencia se incrementó en la segunda generación de selección (D = 1.04, P(D>0) = 93%, Tabla 2). La selección por V parece mostrar una respuesta correlacionada con la varianza fenotípica del tamaño de camada (σ^2_{TC}), siendo las diferencias entre las líneas de 0.59 (P(D>0) = 87%, Tabla 2) en la primera generación y 0.91 (P(D>0) = 95%, Tabla 2) en la segunda generación. El incremento de la variabilidad del tamaño de camada en la línea H parece estar asociado a una disminución del tamaño de camada en esta línea (D = -0.31, P(D<0) = 99%, en la primera generación, y D = -0.36, P(D<0) = 99%, en la segunda generación, Tabla 2). Este resultado está de acuerdo con la correlación negativa entre la varianza ambiental del tamaño de camada y el tamaño de camada (-0.75) encontrada por Ibañez-Escriche et al. (2008a) en esta población.

CONCLUSIÓN

Los primeros resultados de este estudio sugieren que la varianza del tamaño de camada parece estar bajo control genético.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Blasco, A.1996. 6th World Rabbit Congress. Toulouse, 1996. 2: 219-228. • Blasco A., Argente M.J., Haley C., Santacreu M.A. 1994. J. Anim. Sci., 72, 3066–3072. • Geyer C.M. 1992. Statist. Sci., 7, 467–511. • Gutiérrez J.P., Nieto B., Piqueras P., Ibáñez N., Salgado C. 2006. Genet. Sel. Evol., 38, 445-462. • Ibáñez-Escriche N., Argente M.J., Garcia M.L., Muelas R., Santacreu M.A., Blasco, A. 2008a. In Proc. 9th World Rabbit Congress, 2008 September, Verona, Italy. Vol 1: 121-124. • Ibáñez-Escriche N., Sorensen D., Waagepetersen R. Blasco A. 2008b. Genetics, 180: 2209-2226. • Peiró R., Merchán M., Santacreu M.A., Argente M.J.,

García M.L., Folch J.M., Blasco A. 2007. Genetics,180: 1699-1705. • SanCristobal-Gaudy M., Bodin L., Elsen J.M., Chevalet C. 1998. Genet. Sel. Evol., 33, 249-271. • Santacreu M.A., Mocé M.L., Climent A., Blasco A. 2005. J. Anim. Sci., 83, 2303–2307. • Sorensen D., Gianola D. 2002. Springer, New York. USA. •Sorensen D., Waagepetersen R. 2003. Genetical Research., 82, 202-222.

Tabla 1. *Número de hembras (N), número de partos y número promedio de partos por hembra por generación y línea*.

		G1		G2	
	BASE	**H**	**L**	**H**	**L**
N	266	135	149	117	118
Número de partos	989	592	667	506	457
Partos por hembra	2.5	2.97	2.96	3.01	2.68

BASE: generación base. G1: primera generación de selección. G2: segunda generación de selección. H: línea de alta variabilidad del tamaño de camada. L: línea de baja variabilidad del tamaño de camada.

Tabla 2. *Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las diferencias entre las líneas de alta (H) y de baja (L) variabilidad del tamaño de camada, medida como la varianza fenotípica dentro de hembra después de corregir el tamaño de camada por año-estación y el estado de lactación (V), varianza fenotípica del tamaño de camada sin corregir* $\left(\sigma^2_{TC}\right)$ *y tamaño de camada promedio dentro de hembra (TC).*

		G1			G2		
	Media	**D**	**$HPD_{95\%}$**	**P(%)**	**D**	**$HPD_{95\%}$**	**P(%)**
V	3.73	0.49	-0.34, 1.20	89	1.04	0.23, 1.86	93
σ^2_{TC}	4.87	0.59	-0.49, 1.52	87	0.91	-0.14, 1.98	95
TC	8.23	-0.31	-0.81, 0.12	91	-0.36	-0.85, 0.13	92

G1: primera generación de selección G2: segunda generación de selección. D: media posterior de la diferencia entre las líneas de alta (H) y baja (L) variabilidad del tamaño de camada. $HPD_{95\%}$: región de alta densidad posterior al 95%. P: P(D>0) cuando D>0 y P(D<0) cuando D<0.

Agradecimientos: Este experimento ha sido financiado con los proyectos CICYT AGL2005-07624-C03-03 y AGL2008-05514-C02-02.

DIVERGENT SELECTION FOR VARIABILITY OF LITTER SIZE IN RABBIT. RESULTS AFTER TWO GENERATIONS OF SELECTION.

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 effects of year-season and lactation status (V). Selection pressure on does was approximately 30% in each line. Males were chosen within sire families in order to avoid the increase of inbreeding. Results of the first two generations of selection were analyzed using Bayesian methods. The High line (H) showed a higher V than the Low line (L) in the first (0.49, P(D>0) = 89%) and the second (D = 1.04, P(D>0) = 93%) generation of selection. This difference in V seems to be associated with an increase in the phenotypic variance of litter size in the first (59 (P(D>0) = 87%) and second generation (0.91 (P(D>0) = 95%) in the H line, and a decrease in litter size in this line (D = -0.31 kits, P(D<0) = 99%, in the first generation, D = -0.36 kits, P(D<0) = 99%, in the second generation).

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, rabbits*