RESPUESTAS EN SELECCIÓN DIVERGENTE POR VARIANZA AMBIENTAL DEL TAMAÑO DE CAMADA EN CONEJO

Martínez-Álvaro M.[1]*, Ibáñez-Escriche N.[2],Argente M.J.[3], García M.L.[3], Blasco A[1].
[1] Instituto de Ciencia y Tecnología Animal. Universitat Politècnica de València. Apartado de correos 22012.46071 Valencia.
[2]Genètica i Millora Animal, Centre IRTA-Lleida, C/Rovira Roure 191, 25198 Lleida.
[3]Departamento de Tecnología Agroalimentaria. Universidad Miguel Hernández de Elche,Ctra de Benial km3.2,03312 Orihuela.*mamaral9@etsia.upv.es

INTRODUCCIÓN

Varios estudios proponen que la varianza ambiental se encuentra bajo control genético (SanCristóbal-Gaudy *et al*., 2001 en tamaño de camada en ovejas; Sorensen y Waagepetersen, 2003 en tamaño de camada en cerdos; Bolet *et* al., 2008 en peso al nacimiento en conejos; Ibáñez-Escriche *et al*., 2008 en capacidad uterina en conejos). Lamentablemente estos estudios se basan en modelos altamente parametrizados muy poco robustos en los que, por ejemplo, un leve alejamiento de la normalidad en los residuos puede dar lugar a resultados completamente diferentes (Yang *et al*., 2011). La selección directa sobre este carácter permitiría resolver esta incógnita debido a que no depende (o depende mucho menos) de la modelización del carácter. El objetivo de este trabajo es estimar la respuesta a la selección del carácter varianza residual del tamaño de camada en un experimento de selección divergente por este carácter en conejos.

MATERIAL Y MÉTODOS

En este estudio se emplearon un total de 1591 hembras provenientes de un experimento de selección divergente por el carácter varianza residual del tamaño de camada (Ve). Los datos de tamaño de camada se precorrigieron por los efectos de año-estación y estado de lactación. La varianza fue calculada mediante el estimador de mínimo riesgo cuadrático:

$$\frac{1}{(n+1)}\sum_{i=1}^{i=n}(x-\overline{x})^2$$

donde *n* es el número de partos por hembra (*n* varía desde 2 hasta 12 partos). Los animales fueron criados en la granja de la Universidad Miguel Hernández de Elche. Cada línea consta de 125 hembras y 25 machos por generación aproximadamente. La media de partos por coneja fue de 4.6. La presión de selección media sobre las hembras fue de un 30% por línea. Los machos fueron elegidos dentro de familias de padre, para evitar un incremento de la consanguinidad. Los caracteres analizados fueron: varianza residual (Ve), varianza residual de los datos sin precorregir (Vr) y tamaño de camada (TC). La distribución de Ve fue: $\boldsymbol{Ve}|\boldsymbol{b},\boldsymbol{u},\sigma_e^2 \sim N(\boldsymbol{\mu}+\boldsymbol{Zu}, \boldsymbol{K}\sigma_e^2)$, donde $\boldsymbol{\mu}$ es un vector que incluye únicamente la media del carácter y $\boldsymbol{u}$ es el vector que incluye el efecto aditivo de las hembras ($\boldsymbol{u} \sim N(\boldsymbol{0},\boldsymbol{A}\sigma_u^2)$ donde $\boldsymbol{A}$ es la matriz de parentesco. Se analizó Vr con el mismo modelo. Como las varianzas residuales no están calculadas con el mismo número de partos, se ha considerado que los residuos del modelo se distribuyen normalmente con media 0 y varianza $\boldsymbol{K}\sigma_e^2$, donde $\boldsymbol{K}$ es una matriz diagonal de ponderaciones con el siguiente elemento en la diagonal:

$$\frac{2(n-1)}{(n+1)^2}$$

siendo *n* el número de partos con el que se ha calculado la varianza de cada hembra. Este peso viene de obtener la varianza de un estimador cuadrático de mínimo riesgo. Para la estima de las heredabilidades no se consideró la ponderación anterior. Los datos de TC se distribuyeron: $\boldsymbol{TC}|\boldsymbol{b},\boldsymbol{u},\boldsymbol{p},\sigma_e^2 \sim N(\boldsymbol{Xb}+\boldsymbol{Zu}+\boldsymbol{Wp},\boldsymbol{I}\sigma_e^2)$. El vector $\boldsymbol{b}$ incluye los efectos ambientales de generación y estado de lactación y $\boldsymbol{p}$ son los efectos permanentes ($\boldsymbol{p} \sim N(\boldsymbol{0},\boldsymbol{I}\sigma_p^2)$. Todos los análisis se han llevado a cabo mediante metodología bayesiana. Se utilizaron priors planos acotados para todos los efectos y varianzas. Las distribuciones marginales posteriores se estimaron por muestreo de Gibbs. La convergencia fue testada usando el criterio Z de Geweke y los errores de Monte Carlo fueron obtenidos por series temporales (Sorensen y Gianola, 2002).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Figura 1 se muestran los parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las respuestas obtenidas por generación y línea. El test de Geweke no detectó falta de convergencia y el error de Monte Carlo fue pequeño en todas las variables.

Hubo respuesta en todas las generaciones de selección. Esto confirma la existencia de genes involucrados en la Ve, probablemente relacionados con la sensibilidad de las conejas al estrés y a las enfermedades. La respuesta para las líneas alta y baja fue asimétrica. En la Figura 2 se muestran los parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las respuestas en el carácter Vr obtenidas por generación y línea. Las respuestas obtenidas para los caracteres Ve y Vr son similares; por tanto, el efecto de la precorrección de los datos parece no afectar a los resultados.

En la Figura 3 se muestran los parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las respuestas en el carácter TC obtenidas por generación y línea. El TC se ha incrementado al seleccionar por baja varianza residual, y aunque de manera más irregular, ha disminuido en la línea alta, mostrando una correlación negativa entre TC y Ve. Ibáñez-Escriche *et al*., 2008 estimaron una correlación negativa entre capacidad uterina y varianza residual en conejos, pero Yang *et al*., 2011, haciendo una transformación Box-Cox para normalizar residuos, observaron que cambiaba de signo. Estos últimos resultados se discuten como artefactos del modelo, que es muy poco robusto.

En la Tabla 1 se muestran las características de las distribuciones marginales posteriores de la heredabilidad de los caracteres analizados. Las heredabilidades estimadas para los caracteres Ve y Vr son bajas. Otros autores, usando el modelo propuesto por SanCristóbal-Gaudy *et al*., 2001 encuentran también estimas de heredabilidad bajas para Ve (Garreau *et al*., 2004; Gutiérrez *et al*., 2006). Las respuestas obtenidas en el experimento parecen ser atribuibles la alta variabilidad de los caracteres. La heredabilidad obtenida para el carácter TC se asemeja a los valores de heredabilidad de tamaño de camada en conejos que se encuentran en la bibliografía.

CONCLUSIÓN

La respuesta obtenida tras seleccionar directamente por el carácter Ve confirma la existencia de genes controlando dicho carácter.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Bolet G., Garreau H., Hurtard J., Saleil G., Esparbié J.,Falieres J., Theau-Clément M., Bodin L., 2008. 9th WRC- Verona(Italia). ● Garreau H., SanCristóbal M.,Hurtard J.,Bodin L.,Ros M.,Robertgranie C.,Saleil G.,Bolet G., 2004. 8th WRC-Puebla (Méjico). ● Gutiérrez, J. P.,Nieto B.,Piqueras P.,Ibáñez N.,Salgado C., 2006. Genet. Sel.Evol., 30:445-462. ● Ibáñez-Escriche N.,Sorensen D., Blasco, A., 2008 9th WRC- Verona (Italia). ● SanCristóbal-Gaudy M., Bodin L., Elsen J.M., Chevalet C., 2001. Genet. Sel. Evol.33:249-271. ● Sorensen D., Gianola D., 2002. Springer, Nueva York, USA. ● Sorensen, D.,Waagepetersen, R., 2003.Genet. Res. Camb 82:207-222. ● Yang Y., Christensen O., Sorensen D., 2011. Gen. Res. Camb., 93:125-138.

RESPONSES OF DIVERGENT SELECTION FOR ENVIRONMENTAL VARIABILITY IN THE LITTER SIZE IN RABBIT.

ABSTRACT: A divergent selection experiment for residual variance of litter size was carried out in rabbits. The selection criteron was the residual variance of litter size, after correcting litter size for the effects of generation and lactation status (Ve). Bayesian methods were used to analyze the response obtained in the first five generations. The results showed a response in Ve. A negative correlated response was observed in litter size.

Keywords: Residual variances, rabbits, litter size.

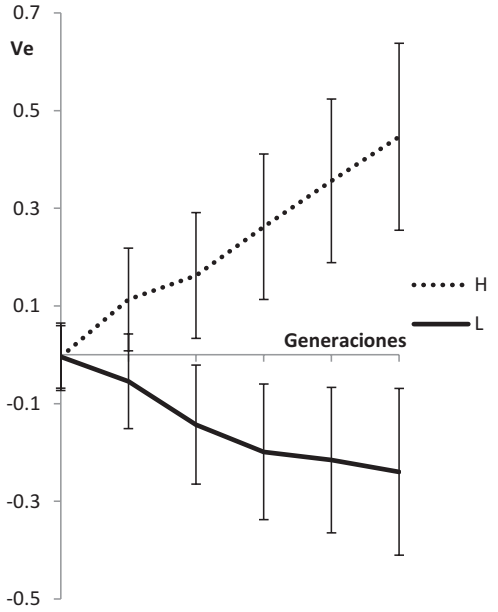


Figura 1.Medias y desviaciones típicas de las distribuciones marginales posteriores de las respuestas obtenidas en cada línea y generación para el carácter varianza residual de datos de tamaño de camada precorregido por los efectos año-estación y estado de lactación (Ve). H: línea alta. L: línea baja.

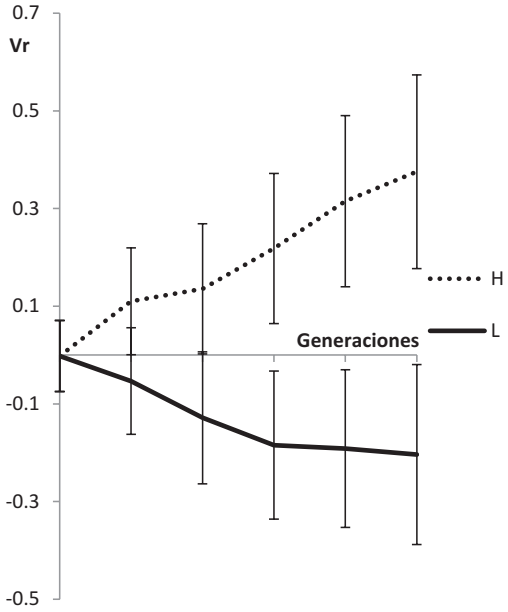


Figura 2.Medias y desviaciones típicas de las distribuciones marginales posteriores de las respuestas obtenidas en cada línea y generación para el carácter varianza residual de datos de tamaño de camada sin precorregir (Vr). H: línea alta. L: línea baja.

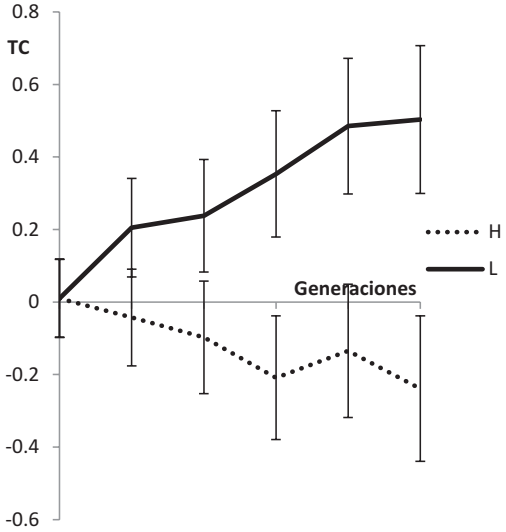


Figura 3 .Medias y desviaciones típicas de las distribuciones marginales posteriores de las respuestas obtenidas en cada línea y generación para el carácter tamaño de camada (TC). H: línea alta. L: línea baja.

Tabla 1.Heredabilidades para los caracteres Ve, Vr y TC.

	M	HPD(95%)
Ve	0.06	[0.01,0.11]
Vr	0.05	[0.01,0.10]
TC	0.12	[0.08,0.17]

Ve: varianza residual de datos de tamaño de camada precorregidos por los efectos año-estación y estado de lactación. Vr: varianza residual de datos de tamaño de camada sin precorregir. TC: tamaño de camada. M: mediana de la distribución posterior. HPD (95%): región de alta densidad posterior al 95%.