SELECCIÓN DIVERGENTE POR GRASA INTRAMUSCULAR EN CONEJO. RESPUESTA DIRECTA A LA SELECCIÓN.

Zomeño, C., Hernández, P. y Blasco*, A.
Instituto de Ciencia y Tecnología Animal. Universitat Politècnica de València.
*ablasco@dca.upv.es

INTRODUCCIÓN

El contenido de grasa intramuscular (IMF) juega un papel determinante en la calidad de la carne, afectando principalmente a la calidad organoléptica y a la calidad nutricional de la carne (Wood et al., 2008).

Hay pocos estudios que traten de modificar el contenido de IMF por selección (Sapp et al., 2002; Suzuki et al. 2005a; Schwab et al., 2009), y ninguno de ellos se ha llevado a cabo en conejo. No se dispone de estimas de heredabilidad de IMF en conejo pero la mayoría de estudios publicados en cerdo (Sellier, 1998; Suzuki et al., 2005b) y en vacuno (Bertrand et al., 2001) presentan estimas moderadas-altas. Los experimentos de selección divergente por IMF permiten conocer el determinismo genético del carácter de interés y generar dos poblaciones separadas sobre las que estudiar mejor los mecanismos genéticos que conducen a la deposición de la IMF.

El objetivo de este trabajo ha sido evaluar la respuesta a la selección en IMF del músculo *Longissimus* tras tres generaciones de selección divergente. La heredabilidad y las tendencias genéticas también han sido estudiadas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron datos de tres generaciones de selección divergente por IMF. La población base estaba formada por 13 machos y 83 hembras. Las líneas alta (H) y baja (L) tenían aproximadamente 8 machos y 40 hembras por generación. La selección se realizó en el segundo parto de las hembras y se basó en el valor fenotípico de IMF medido en dos hermanos completos de primer parto. La presión de selección en las hembras fue de un 26% en la 1ª generación y un 13% en la 2ª y 3ª generación. Se utilizaron 668 conejos para estimar la respuesta a la selección. El pedigree utilizado para estimar la heredabilidad y las tendencias genéticas tenía 1332 datos.

Las líneas H y L fueron criadas de forma contemporánea. Dos conejos (un macho y una hembra) de primer parto de cada hembra fueron sacrificados a las 9 semanas de edad. A las 24 horas post mortem se separaron los músculos *Longissimus* (LM) de la canal, se picaron, liofilizaron y analizaron en un equipo NIRS (model 5000, FOSS NIRSystems INC.). El contenido de IMF se determinó a partir de las ecuaciones desarrolladas previamente (Zomeño et al., 2012) y se expresó en g/100g músculo fresco.

La respuesta a la selección se estimó por la comparación de las líneas H y L en la misma generación de selección aplicando el siguiente modelo:

$$y_{ijkl} = LG_i + S_j + PO_k + p_{ikl} + e_{ijkl}$$

LG_i es el efecto de línea-generación (7 niveles: población base, línea H-1ª generación, línea L-1ª generación, línea H-2ª generación, línea L-2ª generación, línea H-3ª generación, línea L-3ª generación), S_j el efecto de sexo, PO_k el efecto orden de parto (3 niveles), p_{ikl} es el efecto de camada común (334 camadas) y e_{ijkl} es el residuo del modelo.

Se realizó un análisis bayesiano con el programa Rabbit (desarrollado por el Instituto de Ciencia y Tecnología Animal) estimando las distribuciones posteriores por Gibbs sampling.

Para estimar la heredabilidad y las tendencias genéticas se utilizó el siguiente modelo:

$$y_{ijklm} = G_i + S_j + PO_k + c_{ikl} + a_{ijklm} + e_{ijklm}$$

G_i es el efecto generación (4 niveles: cero, primera, segunda y tercera), S_j es el efecto sexo, PO_k es el efecto orden de parto (3 niveles), c_{ikl} es el efecto de ambiente común (334

niveles),a_{ijklm} es el efecto aditivo y e_{ijklm} es el residuo del modelo. Se realizó un análisis bayesiano con el programa el programa TM (Legarra et al., 2008).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Tabla 1 muestra los parámetros de la distribución marginal posterior de las diferencias entre líneas para IMF. La línea H fue un 7% superior que la línea L en la 1ª generación, y un 9% en la 2ª y 3ª. Las diferencias entre líneas fueron como mínimo de 0.06, 0.08 y 0.07g/100g con un 80% de probabilidad ($k_{80\%}$) en la 1ª, 2ª y 3ª generación, respectivamente. Considerando un valor relevante para las diferencias un 0.05g/100g, el cual representa un tercio de la desviación típica del carácter, la probabilidad de relevancia fue moderada en la primera generación (P_R=0.85) y alta en la segunda y tercera (P_R=0.96 y 0.92, respectivamente). Estas diferencias representan una respuesta a la selección del 9% de la media, de la que un 6.8% se obtuvo en la 1ª generación y un 2.2% en la 2ª. En conejos no se han llevado a cabo experimentos de selección por IMF. En otras especies como en cerdos (Suzuki et al., 2005b; Schwab et al., 2009) y en vacuno (Sapp et al., 2002) se ha observado también un aumento de IMF.

La estima de la heredabilidad fue moderadamente elevada (0.37; Tabla 2) aunque con una precisión baja ($HPD_{95\%}$ entre 0.19 y 0.59). No obstante, la heredabilidad fue como mínimo de 0.29 con una probabilidad del 80% y la probabilidad de ser superior a 0.20 fue del 97% ($P_{0.20}$). No se dispone de estimaciones de heredabilidad de la IMF en conejo. La heredabilidad estimada en este trabajo es similar a las estimas publicadas en la bibliografía (revisado por Sellier, 1998 en cerdos; revisado por Bertrand et al., 2001 en vacuno).

Las tendencias genéticas mostraron una repuesta a la selección de 0.033, 0.052 y 0.054 g/100g para la línea H, y -0.032, -0.046 and -0.051 g/100g para la línea L en la 1ª, 2ª y 3ª generación, respectivamente (Fig 1). Las tendencias genéticas dependen de la heredabilidad considerada. Para validar nuestros resultados, las tendencias genéticas fueron calculadas de nuevo con una heredabilidad con un valor garantizado a un 95% de probabilidad (0.22; Tabla 2). La respuesta obtenida fue similar a la obtenida con un valor de heredabilidad de 0.37. Las tendencias ambientales también fueron calculadas y fueron nulas para las tres generaciones de selección, de forma que la mejora en IMF puede ser atribuida al proceso de selección.

Como conclusiones, se ha observado una respuesta directa a la selección que ha sido simétrica en las líneas H y L. La heredabilidad estimada ha sido moderadamente alta con una elevada probabilidad de ser superior a 0.20. El modelo aplicado y la heredabilidad estimada han sido validados y los resultados obtenidos confirman que este carácter puede ser modificado por selección en conejo.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Bertrand J. K., R. D. Green, W. O. Herring, & D. W. Moser. 2001. J. Anim. Sci. 79(Suppl.):E190-E200 • Legarra A., L. Varona, & E. López de Maturana. 2008. http://snp.toulouse.inra.fr/~alegarra/ • Saap R. L., J. K. Bertrand, T. D. Pringle, & D. E. Wilson. 2002. J. Anim. Sci. 80:2017-2022 • Schwab C. R., T. J. Baas, K. J. Stalder, & D. Nettleton. 2009. J. Anim. Sci. 87:2774-2780 • Sellier P. 1998. The Genetics of the Pig. CAB Int., New York,USA,463-510 • Suzuki K., Kadowaki H., T. Shibata, Uchida H. & A. Nishida 2005a. Livest. Prod. Sci. 97:193-202 • Suzuki K., M. Irie, H. Kadowaki, T. Shibata, M. Kumagai, & A. Nishida. 2005b. J. Anim. Sci. 83:2058-2065 • Wood J.D., M. Enser, A.V. Fisher, G.R. Nute, P.R. Sheard, R.I. Richardson, S.I. Hughes & F.M. Whittington. 2008. Meat Sci.78:343–358 • Zomeño C., V. Juste, & P. Hernández. 2012. Meat Sci. 91:155-159

Agradecimientos: A Verónica Juste y Federico Pardo por el trabajo técnico realizado. Este trabajo ha sido financiado por los proyectos AGL2011-29831-C03-01 del Ministerio de Ciencia e Innovación y PROMETEO/2009/125 de la Generalitat Valenciana.

Tabla 1. *Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las diferencias entre la línea alta y la línea baja para el contenido de grasa intramuscular (g/100g músculo).*

G	D_{H-L}	$HPD_{95\%}$		P	$k_{95\%}$	$k_{80\%}$	$P_{0.05}$
1	0.08	0.03	0.14	1.00	0.03	0.06	0.85
2	0.10	0.04	0.16	1.00	0.05	0.08	0.96
3	0.09	0.04	0.15	1.00	0.04	0.07	0.92

G: generación; D_{H-L}: mediana de la distribución marginal posterior de la diferencia; $HPD_{95\%}$: región de mayor densidad posterior al 95% de probabilidad; P: probabilidad de que la diferencia sea mayor que cero; $k_{95\%}$: límite del intervalo [k, +∞) al 95% de probabilidad; $k_{80\%}$: límite del intervalo [k, +∞) al 80% de probabilidad; $P_{0.05}$: probabilidad de que la diferencia sea mayor a 0.05 g/100g.

Tabla 2. *Parámetros de la distribución posterior de la heredabilidad del contenido en grasa intramuscular.*

Mediana	$HPD_{95\%}$		$k_{95\%}$	$k_{80\%}$	$P_{0.20}$
0.37	0.19	0.59	0.22	0.29	0.97

Mediana: mediana de la distribución posterior de la heredabilidad; $HPD_{95\%}$: región de mayor densidad posterior al 95% de probabilidad; $k_{95\%}$: límite del intervalo [k, +∞) al 95% de probabilidad; $k_{80\%}$: límite del intervalo [k, +∞) al 80% de probabilidad; $P_{0.20}$: probabilidad de que la diferencia sea mayor a 0.20.

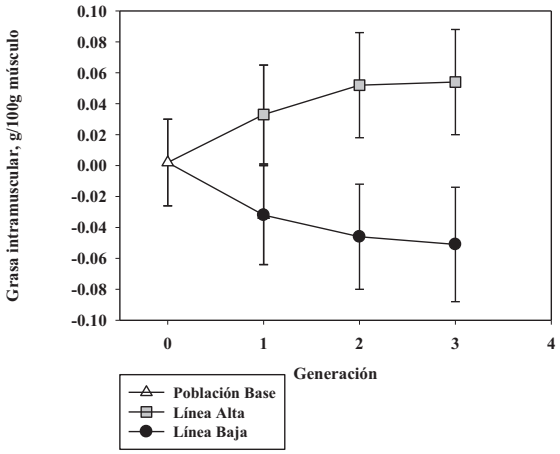


Figura 1. *Medianas y desviaciones típicas de las distribuciones marginales posteriores de las medias genéticas para grasa intramuscular por generación.*

DIVERGENT SELECTION FOR INTRAMUSCULAR FAT CONTENT IN RABBITS. DIRECT RESPONSE TO SELECTION

ABSTRACT: The aim of this study was to evaluate the selection response on intramuscular fat (IMF) content after three generations of divergent selection. Selection was based on the phenotypic value of IMF content measured in two full sibs of the first parity. A total of 668 records were used to estimate the selection response on IMF and a pedigree of 1332 records was used to calculate heritability and genetic trends. Differences between lines for IMF were 0.08, 0.10 and 0.09 g/100g in the 1st, 2nd and 3rd generation, respectively. These differences represent a response of 9% of the mean. Heritability estimate for IMF was moderately high (0.37) with 97% of probability of being greater than 0.20. Genetic trends showed a direct response to selection of 0.05 g/100g in the high line and -0.05 g/100g in the low line. Selection response for IMF was similar using a guaranteed value of heritability with 95% of probability. The animal model applied and the heritability estimated in this study were validated and results confirmed that this trait can be improved through selection in rabbits.

Key words: heritability, intramuscular fat, rabbits, selection