PARÁMETROS GENÉTICOS DE LA MORFOMETRÍA ESPERMÁTICA EN CONEJO

Lavara[1], R., Vicente, J.S., Marco-Jiménez, F., Baselga, M.
[1]Universidad Politécnica de Valencia. Instituto de Ciencia y Tecnología Animal. Camino de Vera s/n, 46071 Valencia. rlavara@dca.upv.es

INTRODUCCIÓN

La morfometría de la cabeza espermática presenta diferencias entre especies (Gage, 1998) y entre individuos dentro de la misma especie (Ward, 1998), incluso algunos autores postulan que la morfometría espermática podría ser específica para cada individuo (Morrow y Gage, 2001).

En conejo se dispone de estimas de heredabilidades y repetibilidades de las variables relacionadas con las características seminales y del eyaculado (Brun et al., 2009; Lavara et al., 2011 y 2012; Tusell et al., 2012), así como su relación con la ganancia media diaria durante el periodo de engorde (Lavara et al., 2011 y 2012; Tusell et al., 2012). Sin embargo, son escasos los trabajos en los que se estudien las bases genéticas de la morfometría espermática y no existen estudios sobre la correlación genética entre las distintos caracteres morfométricos y el criterio de selección en líneas comerciales de conejo.

El presente trabajo tiene como objetivo estimar la repetibilidad y heredabilidad de las dimensiones de la cabeza del espermatozoide así como la relación entre ellas y el criterio de selección en una línea paternal de conejos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron para el estudio 1795 eyaculados de un total de 283 machos adultos pertenecientes a una línea paternal de conejos (línea R) seleccionada por ganancia media diaria (GMD, g/día) durante el periodo de engorde (desde los 28 hasta los 63 días de vida) (Estany et al., 1989). Los machos estaban alojados en 2 núcleos de selección-multiplicación pertenecientes a la red UPV, situados en las provincias de Valencia y Murcia. Los machos fueron sometidos a un ritmo semi-intensivo de recuperaciones (dos eyaculados por semana con un intervalo de tiempo entre recuperaciones de 20 minutos). Una vez recuperado el eyaculado y realizado un primer análisis macroscópico, con el objetivo de eliminar aquellos eyaculados que presentaban una apariencia anómala (coloración diferente de blanco-nacarado, o presencia de precipitados), se procedió a la fijación de una muestra de 20 µl de semen con 180 µl de glutaraldehido al 0,2%. De cada una de las muestras se analizaron 100 espermatozoides con morfología normal. De cada uno de ellos se tomaron las medidas morfométricas: longitud (L, µm), anchura (W, µm), área (A, μm^2) y perímetro (P, µm) de la cabeza del espermatozoide (Marco-Jiménez et al., 2010). Las mediciones se realizaron con la ayuda de Vimas, un software específico para el análisis de la morfometría espermática (IMAGESP, Barcelona, España).

Además se utilizaron 12908 datos de GMD de animales de las 12 generaciones previas de selección. El pedigree incluía un total de 14700 animales.

Se realizaron 6 análisis tricarácter para los caracteres morfométricos y la GMD

El modelo mixto utilizado para los caracteres morfométricos fue el siguiente:

$y_{sijokl} = \mu_s + S_{si} + O_{sj} + P_{so} + a_{sk} + p_{sk} + c_{sl} + e_{sijokl}$

donde y_{sijokl} es una medida del carácter s, μ_s es la media general, S_{si} es el efecto sistemático núcleo-año-estación en el que el eyaculado fue recuperado, con 64 niveles, O_{sj} es el efecto sistemático orden del eyaculado con dos niveles (primero o segundo eyaculado), P_{so} es el efecto sistemático de la edad del macho con 3 niveles (≤ 6 meses, 6-8 meses, > 8 meses), a_{sk} es el valor genético aditivo del macho, p_{sk} el efecto aleatorio permanente del macho k sobre todos sus eyaculados, c_{sl} es el efecto aleatorio camada de origen en la cual el macho k ha nacido, y e_{sijokl} es el residual.

El modelo mixto utilizado para la GMD fue el siguiente:

$y_{dijkl} = \mu_d + b*LS_{dl} + YS_{di} + OP_{dj} + a_{dk} + p_{dk} + c_{dl} + e_{dijkl}$

donde y_{dijkl} es la ganancia media diaria del animal k, μ_d es la media general, LS_{dl} es la covariable tamaño de camada al nacimiento y b el coeficiente de regresión correspondiente, YS_{di} es el efecto sistemático año estación en el que el animal k fue destetado, con 30 niveles, OP_{dj} es el efecto sistemático orden de parto en el que el animal nació, con 3 niveles (primer, segundo, o superior), a_{dk} es el valor genético aditivo del animal, c_{dl} es el efecto

aleatorio camada de origen en la cual el animal k ha nacido. El residual del modelo se ha dividido en dos componentes: p_{dk} el componente que corresponde con la parte residual correlacionada con el efecto aleatorio permanente de los caracteres morfométricos y e_{dijkl} que corresponde con la parte residual no correlacionada con ningún otro efecto aleatorio, dentro y entre caracteres.

Las componentes de varianza y covarianza fueron estimadas utilizando el programa informático TM desarrollado por Legarra et al. (2008), para hallar las soluciones REML de las componentes de varianza. Para los modelos trivariantes se realizaron un total de 2000000 iteraciones con un periodo de quemado de 500000 iteraciones. Se tomó una muestra de cada 100 iteraciones, para evitar la alta correlación entre muestras consecutivas. La convergencia se comprobó para cada cadena separadamente usando el criterio Z de Geweke. Los estadísticos de las distribuciones marginales posteriores se calcularon directamente de las muestras guardadas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados de los análisis descriptivos de los caracteres analizados (W: 4.7(0.2); A: 31.9 (1.7); L: 8.5(0.2); P: 23.9 (1.0); media (sd)) fueron similares a los obtenidos por otros autores (Marco-Jiménez et al., 2010, Gravance y Davis 1995), observándose que las variables morfométricas presentan un coeficiente de variación pequeño (comprendido entre 2-5%) comparado con otras variables del eyaculado como el volumen o la producción espermática (Lavara et al., 2011; Tusell et al., 2012).

Estos caracteres presentan repetibilidades ligeramente superiores (0.35-0.50, Tabla 1) a las características seminales rutinariamente evaluadas en los centros de inseminación artificial (Brun et al., 2002; García-Tomás et al., 2006; Lavara et al., 2011 y 2012; Tusell et al., 2012). Por otro lado, los resultados obtenidos en el presente trabajo demuestran que las dimensiones de la cabeza del espermatozoide son heredables (0.20-0.29, Tabla 1), presentando valores superiores a las heredabilidades estimadas en caracteres relacionados con la producción y la calidad seminal (Brun et al., 2009; Lavara et al., 2011 y 2012; Tusell et al., 2012)

Las medias estimadas de las distribuciones marginales posteriores de las correlaciones entre los caracteres morfométricos y entre éstos y el criterio de selección se presentan en la Tabla 2. En relación con el análisis de las correlaciones genéticas entre los caracteres morfométricos cabe destacar que con la excepción de la moderada correlación entre L-W, el resto de correlaciones fueron elevadas y favorables (entre 0.72-0.90, Tabla 2). Por contra las estimas de las correlaciones genéticas entre los caracteres morfométricos y la GMD fueron negativas y en general de magnitud inferior (entre -0.09 y -0.43, Tabla 2), mostrando además un HPD 95% más amplio. Como consecuencia, la selección por ganancia media diaria durante el periodo de engorde podría producir una reducción en las dimensiones de la cabeza del espermatozoide. Este antagonismo ha sido observado a nivel fenotípico por Morrow y Gage (2001) en un experimento en el que toros seleccionados por caracteres de crecimiento mostraron un tamaño de la cabeza espermática menor que toros seleccionados por producción lechera. En un futuro sería interesante estudiar las relaciones existentes por un lado entre las variables morfométricas y las características seminales, y por otro lado con la fertilidad y prolificidad de las dosis seminales.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

●Brun, J.M., Theau-Clement, M. & Bolet, G. 2002. Anim. Res. 51:433-442. ●Brun, J.M., Sanchez, A., Duzert, R., Saleil, G. & Theau-Clément, M. In: *13èmes Journ. Rech. Cunicole,* Le Mans, France. 2009; 11: 17-18. ●Estany, J., Camacho, J., Baselga, M. & Blasco, A. *Genet Sel Evol* 1992; 24: 527-537. ●Gage, M.J.G. 1998. Proc. R. Soc. Lond. B. 265:97-103. ●Garcia-Tomás, M., Sanchez, J., Rafel, O., Ramon, J. & Piles, M. 2006 Livestock Science 100:111-120. ● Gravance, C.G. & Davis, R.O. J Androl 1995;16:88-93. ●Lavara, R., Vicente, J.S. & Baselga, M. *J Anim Breed Genet* 2011; 12: 44-51. ●Lavara, R., Vicente, J.S. & Baselga, M. Theriogenology 2012;78:567-575.●Legarra, A., Varona, L. & López de Maturana, E. 2008. http://cat.toulouse.inra.fr/~alegarra. ●Marco-Jiménez, F., Vicente, J.S., Lavara, R., Balasch, S. & Viudes de Castro, MP. Reprod Dom Anim 2010;45:e118-e123.

●Morrow, E.H. & Gage, M.J.G. J Zool Lond 2001;254:147-153 ●Tusell, L., Legarra, M., García-Tomás, M., Rafel, O., Ramon, J. & Piles, M. J Anim Sci 2012;90:1385-1397.●Ward, P.I. Heredity 1998;80:655-659.

Agradecimientos: Este trabajo forma parte del proyecto AGL2008-03274 y Prometeo 2009/125. RLavara ha disfrutado una beca FPU (Ministerio de Educación)

Tabla 1. ***Estadísticos descriptivos de las distribuciones marginales posteriores de la heredabilidad (h^2), de los efectos permanentes (p^2), de los efectos de camada de origen (c^2) y de la repetibilidad de los caracteres morfométricos***

	h^2	p^2	c^2	Repetibilidad
	PM HPD95%	**PM HPD95%**	**PM HPD95%**	**PM HPD95%**
W(µm)	0.28 [0.14, 0.43]	0.09 [0.01, 0.17]	0.12 [0.02, 0.23]	0.48 [0.41, 0.53]
A(µm^2)	0.20 [0.09, 0.31]	0.11 [0.02, 0.19]	0.06 [0.01, 0.13]	0.35 [0.29, 0.42]
L(µm)	0.25 [0.11, 0.39]	0.18 [0.06, 0.30]	0.06 [0.01, 0.13]	0.47 [0.40, 0.53]
P(µm)	0.29 [0.18, 0.41]	0.10 [0.02, 0.17]	0.06 [0.01, 0.13]	0.43 [0.36, 0.49]

PM: media posterior; HPD95%: intervalo de máxima densidad al 95%

Tabla 2. ***Estadísticos descriptivos de las distribuciones marginales posteriores de las correlaciones genéticas (r_g), correlaciones entre efectos permanentes (r_p) y entre efectos de camada de origen (r_c) entre los caracteres morfométricos y entre ellos y la ganacia media diaria (GMD)***

	r_g	r_p	r_c
	PM HPD95%	**PM HPD95%**	**PM HPD95%**
W-A	0.72 [0.42, 0.97]	-0.26 [-1.00, 0.69]	0.45 [-0.63, 1.00]
W-L	0.48 [0.05, 0.94]	0.19 [-0.86, 1.00]	-0.30 [-1.00, 0.66]
W-P	0.87 [0.75, 0.97]	0.59 [-0.46, 1.00]	0.86 [0.56, 1.00]
A-L	0.85 [0.67, 0.97]	0.95 [0.81, 1.00]	0.85 [0.47, 1.00]
A-P	0.90 [0.75, 0.99]	0.55 [-0.43, 1.00]	0.72 [-0.10, 1.00]
L-P	0.80 [0.62, 0.98]	0.90 [0.65, 1.00]	0.17 [-1.00, 0.87]
W-GMD	-0.43 [-0.84, 0.01]	-0.51 [-0.99, 0.11]	-0.09 [-0.58, 0.43]
A-GMD	-0.32 [-0.86, 0.14]	-0.10 [-0.99, 0.68]	0.10 [-0.48, 0.99]
L-GMD	-0.09 [-0.60, 0.42]	-0.35 [-0.99, 0.25]	0.09 [-0.56, 0.99]
P-GMD	-0.34 [-0.74, 0.06]	-0.65 [-0.99, -0.14]	-0.01 [-0.76, 0.81]

PM: media posterior; HPD95%: intervalo de máxima densidad al 95%

GENETIC PARAMETERS OF SPERM MORPHOMETRY IN RABBIT

ABSTRACT: The aim of this study was to determine the repeatability and heritability of sperm head characteristics: width (W, µm), area (A, µm^2), length (L, µm) and perimeter (P, µm), and to explore the relationships between them and with the selection objective in a rabbit paternal line selected for daily weight gain (DG, g/day) between 28 and 63 days. Six sets of three-trait analyses were performed, involving 12908 records of DG, 1795 ejaculates corresponding to 283 males and 14700 animals in pedigree file. The results obtained showed that sperm head dimensions are heritable (ranged between 0.2 and 0.29). The genetic correlation between sperm traits with the exception of L-W genetic correlation that was moderate, were always high and positive (between 0.72 and 0.90). Regarding the genetic correlations between DG and sperm head characteristics, the resulted means ranged from -0.09 for L-DG to -0.43 for W-DG, showing a consistent evidence of the negativity of the genetic correlations. Furthers studies should be focused on the relationship between sperm head morphometry and different semen or ejaculate characteristics and also between sperm head morphometry and field fertility and prolificacy.

Keywords: rabbit, daily gain, sperm morphometry, heritability, genetic correlation