

RESUMEN

El objetivo principal de esta tesis fue evaluar la aplicación de distintos modelos para analizar los caracteres reproductivos (tamaño de camada) en cuatro líneas de conejos para carne. Esto a los efectos de cuantificar las componentes genéticas más relevantes, incluyendo la dominancia y proporcionar información de base para el desarrollo de planes de mejora. Las líneas involucradas fueron la A, V, H y LP, originadas bajo diferentes criterios, pero todas seleccionadas por el tamaño de camada al destete. El número de registros analizados fue respectivamente de 18000, 23000, 8500 y 6700. Los caracteres estudiados fueron el tamaño de camada al nacimiento (NT), el número de nacidos vivos (NV), el número de gazapos destetados (ND) y el número de gazapos sacrificados (NS). Este último carácter no se incluyó en la línea LP.

Los objetivos específicos de este trabajo fueron la descripción fenotípica de los caracteres en las distintas líneas, la estimación de las varianzas y parámetros genéticos y el estudio de tendencias genéticas en el carácter ND. También se incluyó la estimación del efecto de la consanguinidad en distintos modelos y caracteres, en el contexto de una estrecha asociación de la consanguinidad, los efectos año-estación y el progreso genético. Conforme se produce el progreso se va incrementando la consanguinidad.

Dependiendo de la línea y el modelo propuesto, se han considerado diferentes conjuntos de datos, diferenciados por la cantidad de generaciones que incluyeron. Al modelo que considera el efecto de la consanguinidad sobre la media y las matrices de covarianzas dominantes, le hemos denominado "completo". En algunas líneas, este modelo fue evaluado con archivos que contaron con registros de más generaciones. El modelo completo fue aplicado solo al carácter ND, en las líneas A, V y H.

En la sección **IV.1.** se presentan los resultados del análisis descriptivo de las líneas empleando la información de las generaciones 0 a 37 para la línea A, 0 a 34 para la V, 0 a 14 para la H y 0 a 7 para la LP. Las distribuciones de los caracteres manifiestan una leve asimetría a izquierda. En la evolución de las medias fenotípicas por generación se observa que los caracteres NV, ND y NS, acompañan la evolución de NT. En las líneas A y V se aprecian tendencias claramente ascendentes en tanto que en las líneas H y LP, que llevan menos generaciones de selección y han comenzado de valores medios más altos, la evolución de las medias es más estable. El agrupamiento de las generaciones en cada línea, permite ver de manera más adecuada el resultado del proceso selectivo sobre los caracteres. Los grupos iniciales y finales incluyeron las siguientes generaciones: 0 a 9 y 30 a 37 en la A, 0 a 9 y 30 a 34 en la V, 0 a 4 y 10 a 15 en la V y 0 a 2 y 6 a 7 en la H.

Para ND, la diferencia entre los promedios de los grupos generacionales finales e iniciales fue de 2.4, 0.61, 1.68 y 0.14 gazapos en las líneas A, V, H y LP. Todas las líneas mostraron un aumento en los coeficientes de consanguinidad promedio por generación. En las últimas generaciones de las líneas A y V estos coeficientes

alcanzaron los valores de 0.30 y 0.25, respectivamente. A igual generación, las líneas H y LP, presentan valores semejantes a los de la A y V.

En la sección **IV.2.** se muestran los resultados de los modelos que no consideran la dominancia en estructura de consanguinidad completa. Todos los modelos incluyen como efectos fijos el estado fisiológico de la hembra al momento de la monta (EF) y en ocasiones el año estación (AE) y el efecto de la consanguinidad como covariable (F). En los efectos aleatorios siempre se incluyó el valor de cría (a), el efecto permanente de la hembra (p), el error (e) y en ocasiones el año-estación (ae) y el efecto de dominancia (d_R) en estructura aleatoria. Los modelos evaluados fueron:

Modelo 1: Efectos Fijos: EF y AE	Efectos Aleatorios: a, p y e
Modelo 2: Efectos Fijos: EF, AE y F	Efectos Aleatorios: a, p y e
Modelo 3: Efectos Fijos: EF y AE	Efectos Aleatorios: a, p, d_R y e
Modelo 4: Efectos Fijos: EF, AE y F	Efectos Aleatorios: a, p, d_R y e .
Modelo 5: Efectos Fijos: EF	Efectos Aleatorios: a, p, ae y e
Modelo 6: Efectos Fijos: EF y F	Efectos Aleatorios: a, p, ae y e
Modelo 7: Efectos Fijos: EF	Efectos Aleatorios: a, p, ae, d_R y e
Modelo 8: Efectos Fijos: EF y F	Efectos Aleatorios: a, p, ae, d_R y e

Existe una fuerte asociación entre la consanguinidad de los animales y el año-estación, reflejado por altos coeficientes de correlación intraclase en relación al AE. Al comparar los modelos 1 y 2, cuando el efecto del año-estación es fijo y no se incluye el efecto de la dominancia d_R , no se observaron diferencias en las estimaciones de las varianzas aditivas (σ_{AR}^2), permanentes (σ_p^2), del error (σ_e^2) y las heredabilidades (h^2). Los valores más altos de h^2 correspondieron a NT (0.16 en líneas V y LP y 0.09 en H). Con excepción a la línea H, cuyas estimas son algo menores, en NV los valores oscilaron entre 0.09 y 0.12 y en ND y NS entre 0.08 y 0.10. La varianza de los efectos permanentes fue mayor para NT y luego decrece en los sucesivos caracteres, oscilando entre 0.15 y 0.06.

En los modelos 3 y 4, y al igual que los modelos 1 y 2, la inclusión de F no modificó substancialmente las estimas de las varianzas ni de $p^2 = \sigma_p^2 / \sigma_T^2$, aunque en la línea H se observó una ligera disminución de la σ_p^2 y un aumento de σ_{DR}^2 . La estima de σ_{DR}^2 resultó de mayor magnitud en las líneas H y LP para NT, NV y ND. Inclusive, en los últimos dos caracteres el cociente $d_R^2 = \sigma_{DR}^2 / \sigma_T^2$ resultó mayor que h^2 . La inclusión de d_{DR} indujo a una disminución de las estimas σ_{AR}^2 y σ_p^2 en las líneas H y LP (excepto de NS en la línea H que en los modelos 1, 2 y 3 no se modificó). También disminuyeron las h^2 de NT, NV y ND en la línea H, de NV y ND en la línea LP y de NT en la línea A. En estos casos la disminución de p^2 fue más notoria.

En los modelos 5 y 6 que incluyeron el año-estación (ae) como efecto aleatorio, sin la presencia de d_R , se observaron cambios en las estimaciones de σ_{AR}^2 y σ_p^2 al incluir la consanguinidad (modelo 6), en particular se aprecia una tendencia al aumento de la magnitud de las estimas de σ_{AR}^2 y a una disminución en las de σ_p^2 ,

no alterándose la σ_e^2 . También se observó un incremento en las estimas de las heredabilidades, mientras que las de p^2 no se modificaron sustancialmente. La inclusión del año-estación como efecto aleatorio, atenúa la asociación con F, al considerar de manera implícita una distribución normal para su efecto como información *a priori*. En general, en la comparación con los modelos 1 y 2 (con efecto año-estación fijo), se observó una disminución de las heredabilidades en todas las líneas y caracteres.

Cuando el año-estación fue aleatorio (*ae*) y se incluyó d_R^2 (modelos 7 y 8), el ajuste de depresión consanguínea provocó una tendencia a aumentar la σ_{AR}^2 , y disminuir la σ_{DR}^2 . Las heredabilidades manifestaron leves cambios tendiendo a aumentar. Los valores de d_R^2 en las líneas H y LP, fueron superiores a los obtenidos en los modelos 3 y 4 (año-estación fijo) con valores de 0.10, 0.12 y 0.09 en H y 0.06, 0.09 y 0.11 en LP, en los caracteres NT, NV y ND. Al comparar los modelos 4 y 8 se detectó que la σ_T^2 aumentó ligeramente con el modelo 8, aunque la σ_{AR}^2 disminuyó para el último, la única excepción a esto se dio para NV en la línea LP que tuvo valores estimados semejantes en ambos modelos. De manera contraria, σ_{DR}^2 tendió a ser mayor para el modelo 8 que para el 4, en todas las líneas salvo en la V, ya que en ésta línea la componente σ_{DR}^2 es casi nula. Para algunos caracteres (NV) de la línea LP la σ_{DR}^2 disminuyó ligeramente al tratar el año-estación como aleatorio.

Los coeficientes de repetibilidad (r) fueron similares en todas las líneas cuando éstos son estimados con los modelos 1 y 8, claramente hubo una tendencia decreciente en la dirección NT, NV, ND y NS.

La depresión consanguínea se expresó como número de gazapos por camada para un coeficiente de consanguinidad igual a 1. Cuando las depresiones consanguíneas se estimaron en los modelos 2 y 4, ciertas estimas fueron contrarias a lo esperado (efecto positivo de la consanguinidad sobre el tamaño de camada) y en general no confiables. En cambio, cuando las depresiones consanguíneas fueron estimadas en los modelos 6 y 8 donde el año-estación es aleatorio, se observó un relajamiento en la asociación entre los coeficientes de consanguinidad y el año-estación, permitiendo una mejor interpretación de los resultados. En estos dos últimos modelos, las estimas fueron siempre negativas, aunque con errores típicos elevados, especialmente en la línea LP. También hay que señalar que estos errores son más bajos que los correspondientes para las estimadas con los modelos 2 y 4 donde el año-estación es fijo. La línea que manifestó menor efecto de depresión consanguínea fue la A, siendo el carácter más afectado NV, con -2.7 gazapos/camada. En el resto de las líneas, la depresión para NT fue similar, -7.38 a -7.56 gazapos/camada. Para NV el mayor efecto de depresión lo mostró la línea V (-9.06 gazapos/camada). Para los caracteres ND y NS los valores fueron semejantes, fluctuando entre -5.21 y -6.7 gazapos por camada.

En relación a las tendencias genéticas, ambientales y fenotípicas se tomaron como referencia dos líneas: una en la cual la σ_{DR}^2 se mostró importante (línea H) y

otra en la que no (línea A). En la línea H, la tendencia fenotípica se mostró sin pendiente significativa. Al analizar los distintos componentes de ésta, cuando se predijeron con los modelos 2 y 4 (efecto de año-estación fijo), se evidenció una tendencia negativa de las soluciones para año-estación y una tendencia genética aditiva de 0.11 y 0.06 gazapos por generación, respectivamente. Con las estimaciones realizadas con los modelos 6 y 8 (efecto de año-estación aleatorio), las tendencias del año-estación fluctuaron, como era de esperar, en torno al cero. La tendencia genética fue de 0.07 y 0.03 gazapos por generación, respectivamente. En términos de tendencia genética, la inclusión de d_R en un modelo con año-estación fijo, tuvo un efecto similar al de incluir el año-estación como aleatorio en un modelo sin d_R .

Cuando ambos, año-estación aleatorio y d_R están presentes en el modelo, la tendencia genética se aproxima más a la fenotípica, lo que es un indicio de la falta de sesgo en la estimación de la primera. En el caso de la línea A, en donde la tendencia fenotípica fue de 0.088 gazapos por generación, el modelo 2 estimó una respuesta genética aditiva de 0.15 gazapos por generación y una tendencia negativa para el efecto año-estación. La incorporación del año-estación como aleatorio estimó una tendencia de 0.10 gazapos por generación, resultando más acorde a los resultados fenotípicos y la respuesta estimada previamente empleando una población control.

La sección **IV.3.1.** presenta el análisis genético del carácter ND, en las líneas A, V y H, con modelos sin dominancia, dominancia en estructura aleatoria y dominancia completa (modelos 6, 8 y completo), con el objeto de estimar parámetros genéticos con metodología bayesiana que usa muestreo de Gibbs.

Tanto con el modelo 6, como con el 8 las heredabilidades estimadas para ND fueron muy similares a las previamente estimadas usando REML y una base de datos ligeramente más pequeña (en las líneas A y V). Algo parecido ocurrió para la componente σ_{DR}^2 . Sin embargo, respecto a las estimas de las σ_{ae}^2 en las líneas A y V con la consideración de un mayor número de registros, se observó un aumento de ellas.

Con respecto al modelo completo, que además del efecto del año-estación aleatorio y de la dominancia en estructura aleatoria, consideró el efecto de la dominancia en estructura de consanguinidad completa y la covarianza entre los valores aditivos y dominantes en la población completamente consanguínea, las estimas de σ_{DR}^2 y σ_{DI}^2 fueron de 0.09 y 2.15 en la línea A, 0.13 y 1.99 en la V y de 0.3 y 4.99 en la H. La covarianza entre los efectos aditivos y dominantes en la población completamente consanguínea fue de -0.65, -0.69 y -0.06 para las líneas A, V y H, respectivamente. Los resultados con el modelo completo mantuvieron una concordancia razonable con los correspondientes a los modelos aproximados. El criterio DIC, seleccionó el modelo 8 para la línea V y el completo para las líneas A y H.

En la sección **IV.3.2.** se desarrolló la estimación de la varianza genética poblacional, varianza genética para un cierto subconjunto de animales de cada

una de las líneas, y de su composición. En los casos estudiados estos subconjuntos los definen animales de las últimas generaciones de las líneas A, V y H. En tal sentido las poblaciones A, V y H se conformaron con las generaciones 40 a 43, 37 a 39 y 11 a 14, respectivamente. Los modelos considerados fueron el 6, el 8 y el completo.

El interés de estimar los componentes de la varianza genética poblacional en las últimas generaciones de las líneas estudiadas permite disponer de estimaciones actuales de los parámetros genéticos. Esto puede ser de valor para predecir el progreso genético que en el momento actual se podría esperar. Por comparación de estos valores con los estimados en la población base se apreciará el efecto de la selección sobre el cambio de las varianzas genéticas.

En la línea A se observó una disminución de la varianza genética aditiva en todos los modelos. La varianza dominante, en estructura aleatoria disminuyó en los modelos 8 y completo, mientras que la varianza genética total, disminuyó en los modelos 6 y 8. Las heredabilidades en sentido estricto disminuyeron en la población de las generaciones recientes. En la línea V a nivel de la población se observó una reducción de la estima de la heredabilidad y de las varianzas aditiva, dominante y total. En la línea H, pese a la disminución en las varianzas aditiva y dominante en estructura aleatoria, se observó un aumento de la varianza total impulsada por la estima de la varianza dominante en estructura de consanguinidad total. De igual manera, en esta línea es la única en la que la covarianza aditiva-dominante en consanguinidad no es claramente negativa.

Del conjunto de resultados presentados en este trabajo, a modo de implicación práctica, resultaría aconsejable considerar el efecto año estación como aleatorio e incluir la dominancia tanto en estructura aleatoria como consanguínea, aunque dada la dificultad de implementación que el modelo completo supone, una solución alternativa pudiera ser considerarla sólo en estructura aleatoria en los modelos de evaluación de caracteres de tamaño de camada en conejos para carne