

**Análisis descriptivo y estimación de parámetros genéticos para tamaño de camada en una línea maternal de conejos**

Fernández E. N.<sup>1</sup>, Martínez R. D.<sup>1</sup>, Birchmeier A.<sup>2</sup>, Valverde C.<sup>3</sup>, Ragab M.<sup>4</sup> y Baselga M.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Mejora y Conservación de Recursos Genéticos FCA UNLZ; <sup>2</sup>Actividad privada, <sup>3</sup>Alumna Colaboradora Proyecto 13/A212FCA – UNLZ; <sup>4</sup>Department of Poultry Production, Faculty of Agriculture Kafr El Sheikh University, Egypt; <sup>5</sup>Departamento de Ciencia Animal Universidad Politécnica de Valencia España. e-mail: ednfer@yahoo.com.

**Resumen**

Los criterios más empleados en la mejora de líneas maternas de conejos son los relacionados al tamaño de camada, en especial el número de gazapos nacidos (NT) y el de destetados (ND). Si bien estos caracteres son de baja heredabilidad, programas de selección a largo plazo muestran que es posible mejorarlos. En el presente trabajo, se observó que luego de 37 generaciones de selección por ND, las tendencias fenotípicas fueron de 0,079 NT y 0,088 ND por generación. Las estimaciones de la heredabilidad para NT y ND fueron de 0,128 y 0,095, mientras que para la repetibilidad se obtuvieron los valores 0,225 y 0,166, respectivamente. La tendencia genética fue estimada en 0,13 y 0,15 gazapos por generación, para NT y ND. Otros autores, empleando una población control, estimaron una respuesta directa para ND en esta línea de 0,085 gazapos por generación, lo que evidencia una sobreestimación en la tendencia encontrada en este trabajo al emplear un modelo mixto aditivo con repetibilidad. Las posibles razones de esta discrepancia son motivo de futuras investigaciones.

Palabras clave: Conejos, Tamaño de camada, Respuesta a la selección

**Introducción**

La especie cunícola tiene una alta eficiencia biológica, su carne es considerada un producto saludable y de alto valor nutritivo y al mismo tiempo la demanda de alimentos a nivel mundial es cada vez mayor. La producción cunícola moderna se desarrolla a partir de un cruzamiento de tres vías donde participan líneas maternas seleccionadas por sus caracteres reproductivos y líneas paternas seleccionadas por caracteres de crecimiento.

El tamaño de la camada es uno de los componentes más importantes de la producción de carne de conejo, siendo el número de gazapos totales nacidos por coneja (NT) y el número de gazapos destetados por coneja (ND) los dos principales criterios de selección utilizados para mejorar la producción anual por coneja (García y Baselga, 2002).

La expresión de los caracteres es la resultante de dos componentes: el valor genotípico (G) y los efectos ambientales (E). El primero puede ser partido en una componente aditiva o valor de cría, y otra no aditiva que responde a efectos dominantes y epistáticos. La componente aditiva merece una atención especial ya que de ella depende el comportamiento medio de la progenie de un animal. Por esta razón es importante poder determinar cuánto de la variabilidad total observable (varianza fenotípica) es debido a la componente genética aditiva (varianza aditiva), lo que define

Revista de Divulgación Técnica Agropecuaria, Agroindustrial y Ambiental

Fernández *et al.* Análisis descriptivo y estimación[...] el concepto de heredabilidad en sentido estricto ( $h^2$ ) (Falconer y Mackay, 1996). Por otro lado, a la componente ambiental se la puede dividir en un ambiente aleatorio y en otro permanente (debido a causas no genéticas pero que condicionan la expresión del carácter en sucesivas mediciones). A la fracción de la varianza fenotípica atribuible a las varianzas genética y ambiental permanente, se la conoce como repetibilidad ( $r$ ). Este parámetro nos indica la asociación lineal entre registros repetidos en un mismo animal, en una población dada y siempre es mayor o igual a la  $h^2$ . En términos generales, los caracteres de baja heredabilidad manifiestan una baja respuesta a la selección y demandan la aplicación de métodos especializados que permitan incrementar la exactitud de la predicción de los valores genéticos de los animales candidatos a la selección y mejorar la respuesta.

Los objetivos de este trabajo fueron realizar un análisis descriptivo de la línea materna de conejos A, creada en el Departamento de Ciencia Animal de la Universidad Politécnica de Valencia (España), luego de 37 generaciones de selección por tamaño de camada y al mismo tiempo estimar los componentes de varianza que permiten calcular la heredabilidad, la repetibilidad y la respuesta a la selección para NT y ND.

### Materiales y Métodos

La línea A tuvo su origen en animales de Nueva Zelandia desde su creación en 1980 y fue seleccionada por el tamaño de camada al destete mediante un índice familiar de información variable que permite evaluar tanto machos como hembras (Baselga y col., 1984). Para las hembras el Índice fue:

$$\hat{I}_i = \hat{b}_{1i}(\bar{y}_i - \hat{\mu}_{gi}) + \hat{b}_{2i}(\bar{y}_j - \hat{\mu}_{gj}) + \hat{b}_{3i}(\bar{y}_k - \hat{\mu}_{gi}) + \hat{b}_{4i}(\bar{y}_m - \hat{\mu}_{gi})$$

Donde:

$\hat{I}_i$  es el estimador del valor aditivo para ND de la hembra  $i$ .

$\bar{y}_i$  es la media del ND de la hembra  $i$ .

$\hat{\mu}_{gi}$  es la media del ND en la generación de la hembra  $i$ .

$\bar{y}_j$  es la media del ND de la madre de  $i$ .

$\hat{\mu}_{gj}$  es la media del ND en la generación de la madre de  $i$ .

$\bar{y}_k$  es la media del ND de las hermanas completas de  $i$ .

$\bar{y}_m$  es la media del ND de las medias hermanas de  $i$ .

$\hat{b}_{li}$  son los factores de ponderación estimados de las distintas fuentes de información ( $l = 1$  a  $4$ ) para el individuo  $i$ .

En el caso de los machos, el Índice no incluyó información propia.

Se dispuso de un pedigrí de 5668 animales y una base de datos de 4853 conejas con 15878 registros para la variable nacidos totales (NT) y 15861 para el número de gazapos destetados (ND), que abarcaron 37 generaciones de selección. A los efectos de considerar efectos ambientales sistemáticos, se tuvieron en cuenta los factores año-estación (AE) con 114 niveles y el estado fisiológico de la hembra al momento de la monta (EF) con 5 niveles: 1- nulíparas, 2- primíparas lactantes, 3- multíparas lactantes, 4-primíparas no lactantes y 5 - multíparas no lactantes. El manejo de bases de datos y la codificación de las generaciones se realizó con SAS (SAS Institute Inc., 2009) e InfoStat (Di Rienzo y col., 2008). Para la estimación de la heredabilidad de

## INVESTIGACIÓN

Fernández *et al.* Análisis descriptivo y estimación[...] ambos caracteres se empleó el método de máxima verosimilitud restringida, REML (Patterson y Thompson, 1971), utilizando el programa Wombat (Meyer, 2007), sobre la base del siguiente modelo aditivo con repetibilidad:

$$Y = X\beta + Za + Wp + e$$

Donde:

$Y$  es el vector de observaciones para NT o ND.

$X$  es la matriz de incidencia que relaciona los efectos fijos con los datos.

$\beta$  es el vector de efectos fijos (año-estación y estado fisiológico).

$Z$  es la matriz de incidencia que relaciona los valores genéticos aditivos con los datos.

$a$  es el vector de valores genéticos aditivos.

$p$  es el vector de efectos permanentes.

$W$  es la matriz de incidencia que relaciona los efectos ambientales permanentes con los datos.

$e$  es el error aleatorio del modelo.

Las matrices de (co)varianzas asociadas a las variables aleatorias del modelo fueron:

$V(a) = A\sigma_a^2$  donde  $A$  es la matriz de relaciones aditivas de Wright y  $\sigma_a^2$  es la varianza aditiva.

$V(p) = I\sigma_p^2$  donde  $I$  es la matriz identidad y  $\sigma_p^2$  es la varianza de los efectos permanentes.

$V(e) = I\sigma_e^2$  donde  $\sigma_e^2$  es la varianza del error.

## Resultados

Con el objeto de describir la estructura de la base de datos de la línea A, luego de 37 generaciones de selección, se muestran en las Tablas 1 a 3 las distribuciones de frecuencias para las variables: número de pariciones por coneja, tamaño de camada (nacidos totales y destetados) y estado fisiológico de las hembras al momento del servicio, respectivamente. Puede observarse que el 75% de las conejas aportaron menos de 5 pariciones (Tabla 1) y que no existieron camadas con más de 15 gazapos destetados (Tabla 2). Por otro lado, los estados fisiológicos más frecuentes fueron los de nulíparas y múltiparas lactantes (Tabla 3).

**Tabla 1:** Frecuencia del número de pariciones por coneja

## INVESTIGACIÓN

Fernández *et al.*

Análisis descriptivo y estimación[...]

Número de pariciones	Número de Conejas	%
1	1022	21,06
2	920	18,96
3	774	15,95
4	889	18,32
5	713	14,69
6	315	6,49
7	133	2,74
8	47	0,97
9	28	0,58
10	8	0,16
11	4	0,08
<b>Total</b>	<b>4853</b>	<b>0</b>

**Tabla 2:** Frecuencia del número de gazapos nacidos totales y destetados por camada

Número de gazapos	Nacidos Totales		Destetados	
	Número de camadas	%	Número de camadas	%
0	0	0	730	4,6
1	140	0,88	276	1,74
2	254	1,6	387	2,44
3	363	2,29	605	3,81
4	519	3,27	806	5,08
5	782	4,93	1168	7,36
6	1136	7,15	1591	10,03
7	1644	10,35	2077	13,1
8	2100	13,23	2487	15,68
9	2378	14,98	2368	14,93
10	2272	14,31	1867	11,77
11	1851	11,66	995	6,27
12	1314	8,28	381	2,4
13	640	4,03	100	0,63
14	305	1,92	21	0,13
15	110	0,69	2	0,01
16	47	0,3	0	0
17	16	0,1	0	0
18	6	0,04	0	0
19	1	0,01	0	0
<b>Total</b>	<b>15878</b>	<b>100</b>	<b>15861</b>	<b>100</b>

**Tabla 3:** Frecuencia del estado fisiológico de la hembra al momento de la monta

Revista de Divulgación Técnica Agropecuaria, Agroindustrial y Ambiental

Facultad de Ciencias Agrarias. UNLZ. Vol. 2 (1) 2015:3-10

## INVESTIGACIÓN

Fernández *et al.*

Análisis descriptivo y estimación[...]

Estado Fisiológico	Número de registros	%
Nulípara	4810	30,29
Primípara lactante	2902	18,28
Multípara lactante	5796	36,5
Primípara no lactante	924	5,82
Multípara no lactante	1446	9,11
<b>Total</b>	<b>15878</b>	<b>100</b>

A los efectos de caracterizar fenotípicamente la línea A durante el proceso selectivo, en la Tabla 4 se presentan estadísticos descriptivos para las variables NT y ND considerando un agrupamiento secuencial de las generaciones. Comparando el comportamiento medio en las etapas iniciales y finales del proceso de selección, se aprecia un aumento de 2,18 gazapos en NT y de 2,41 gazapos en ND.

**Tabla 4:** Medidas resumen para las variables número de gazapos nacidos totales (NT) y número de gazapos destetados (ND) según agrupamiento secuencial de las generaciones.

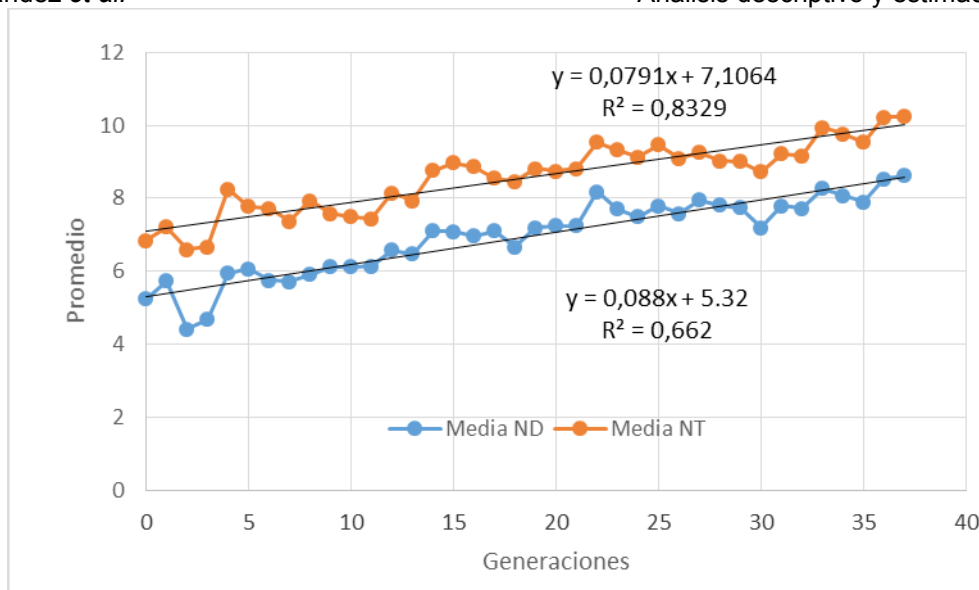
Generaciones	Variable	n	Mediana	Moda	Media	Desv. Est.	Mínimo	Máximo
0 a 9	NT	2775	8	8	7,37	2,67	1	16
	ND	2763	6	7	5,56	2,7	0	12
10 a 19	NT	4582	9	9	8,4	2,79	1	18
	ND	4582	7	8	6,79	2,79	0	14
20 a 29	NT	4261	9	10	9,12	2,63	1	18
	ND	4252	8	8	7,66	2,78	0	14
30 a 37	NT	4260	10	10	9,55	2,69	1	19
	ND	4260	9	9	7,97	2,94	0	15

El Gráfico 1 muestra la evolución de la media fenotípica por generación de ambas variables, observándose la existencia de una tendencia positiva en ambos casos. Como se aprecia, luego de 37 generaciones de selección por ND, las tendencias fenotípicas fueron de 0,079 NT y 0,088 ND por generación.

## INVESTIGACIÓN

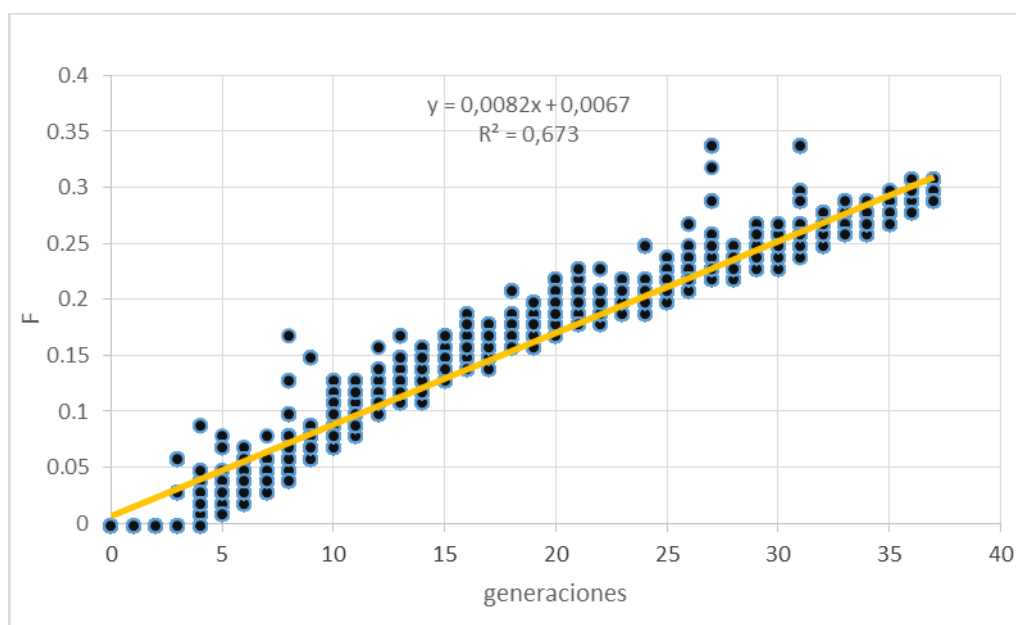
Fernández *et al.*

Análisis descriptivo y estimación[...]



**Gráfico 1:** Evolución del promedio fenotípico del número de gazapos nacidos totales y destetados a través de las generaciones.

El coeficiente de consanguinidad (F) promedio aumentó de 0,03 a 0,27 desde el primer grupo generacional al último, estimándose un incremento de 0,0082 por generación. El Gráfico 2 muestra la evolución de la consanguinidad a lo largo del proceso selectivo.



**Gráfico 2:** Evolución del coeficiente de consanguinidad a través de las generaciones

Las estimaciones de la heredabilidad para NT y ND fueron de 0,128 y 0,095, mientras que para la repetibilidad se obtuvieron los valores 0,225 y 0,166, respectivamente. La respuesta a la selección estimada como el coeficiente de regresión de los valores de cría predichos promedio por generación sobre las generaciones, fue de 0,13 y 0,15

## INVESTIGACIÓN

Fernández *et al.* Análisis descriptivo y estimación[...] gazapos por generación, para NT y ND. En cuanto al estado fisiológico de las hembras al momento de la monta, las estimaciones BLUE (mejor estimador lineal insesgado) muestran que el nivel con efecto más negativo sobre ambos caracteres fue el correspondiente al de nulíparas, contraponiéndose al de primíparas (no lactantes en NT y lactantes en ND). Respecto a las soluciones para AE, en ambos caracteres se observó una tendencia lineal negativa luego de las primeras generaciones de selección. Estas tendencias, pueden estar asociadas a un efecto confundido con los coeficientes de consanguinidad.

### Discusión

Si bien los caracteres reproductivos en conejos son en general de baja heredabilidad, la ejecución de programas de selección a largo plazo posibilitan obtener una mejora de los mismos. Tal como se esperaba, la selección por ND produjo una respuesta en NT debido a la correlación genética entre ambos caracteres, que se encuentra cercana a 0,8 (García y Baselga, 2002; Piles y col., 2006). Las tendencias fenotípicas luego de 37 generaciones de selección fueron de 0,079 NT y 0,088 ND por generación. Los valores estimados de heredabilidad y repetibilidad en este trabajo están dentro de los límites encontrados en la bibliografía para estos caracteres (Ragab y Baselga, 2011). Sin embargo, la respuesta a la selección estimada para ND (0,15 gazapos por generación) fue aproximadamente el doble de la observada y por lo tanto, es posible que la estimación de la heredabilidad de este carácter se encuentre sobreestimada en esta línea. García y Baselga (2002) encontraron diferencias en la estimación de la respuesta a la selección al comparar dos metodologías: población control (0,085 gazapos destetados por generación) y modelos mixtos con efectos aleatorios aditivos y permanentes (0,175 gazapos destetados por generación). La metodología de la población control es coherente con la tendencia fenotípica del carácter, sin embargo y al igual que en este trabajo, el empleo de modelos mixtos sobreestimó la respuesta. Este problema de sobreestimación de la respuesta requiere de futuras investigaciones y podría deberse, entre otras razones, a la presencia de efectos dominantes (no considerados en el modelo) o bien a la mala estimación de algunos efectos fijos debido a características intrínsecas de la base de datos.

### Bibliografía

- Baselga M., Blasco A., Estany J. (1984). Índice de selección de caracteres reproductivos con información variable. Proc. 3rd World Rabbit Congress. Roma. Vol.1: 62-65.
- Di Rienzo J.A., Casanoves F., Balzarini M.G., Gonzalez L., Tablada M., Robledo C.W. (2008). InfoStat, Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
- Falconer D.S., Mackay T.F.C. (1996). Introduction to Quantitative Genetics. Fourth Edition. Longman, England.
- García M.L., Baselga M. (2002). Genetic Response to selection for reproductive performance in a maternal line of rabbits. World Rabbit Sci., 10 (2): 71-76.
- Meyer K. (2007). WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). J. Zhejiang Univ. Sci. B, 8 (11): 815–821. [doi:10.1631/jzus.2007.B0815]

## INVESTIGACIÓN

Fernández *et al.*

Análisis descriptivo y estimación[...]

Patterson H.D.,Thompson R. (1971). Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika*, 58(3): 545-554.

Piles M., García M.L., Rafel O., Ramon J., Baselga M. (2006). Genetics of litter size in three maternal lines of rabbits: repeatability versus multiple-trait models. *J. Anim. Sci.*, 84(9): 2309-2315.

Ragab M.,Baselga M. (2011). A comparison of reproductive traits of four maternal lines of rabbits selected for litter size at weaning and founded on different criteria. *Livest. Sci.*, 136 (2-3): 201–206.

SAS Institute Inc. (2009). SAS OnlineDoc® 9.2. Cary, NC: SAS Institute Inc., USA.