

LONGEVIDAD FUNCIONAL EN UN CRUCE DIALÉLICO ENTRE CUATRO LÍNEAS MATERNALES DE CONEJO

Ragab^{1,2,*}, M., Sánchez¹, J. P., Mínguez¹, C., El Nagar^{1,3}, A. G., y Baselga¹, M.

¹Instituto de Ciencia y Tecnología Animal, U. Politécnica de Valencia, España.

²Poultry Pro. Depart., Fac. of Agric., Kafr El-Sheikh University, Kafr El-Sheikh, Egypt.

³Animal Pro. Depart., Fac. of Agri. Moshtohor, Banha Univ., Egypt.

moramo@upvnet.upv.es

INTRODUCCIÓN

La longevidad funcional en conejos se ha definido como el tiempo en días entre la primera palpación positiva y la muerte o sacrificio por razones no productivas del animal (Sánchez et al., 2004). Éste es un carácter importante debido a la alta tasa anual de reposición que se da en cunicultura de carne (120%: Ramón y Rafel, 2002). Son numerosos los problemas asociados a una muy elevada tasa de reposición, señalamos los más relevantes: no amortización de parte de las hembras, la producción se sustenta en animales inmaduros y en general, los animales antes de morir o eliminarse pasan por periodos de enfermedad.

Esta carácter tiene una heredabilidad de baja a moderada (Piles et al., 2006b; Sánchez et al., 2008) e igualmente se han observado variaciones genéticas entre líneas (Piles et al., 2006b).

El objetivo de este estudio es determinar las diferencias en cuanto a longevidad funcional entre los distintos tipos genéticos de un cruce dialélico completo entre 4 líneas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Los datos de este estudio proceden de animales de cuatro líneas maternas (A, V, H y LP) y sus cruces recíprocos que son los que forman la población experimental de un estudio dialélico completo que empezó en Septiembre 2008 y aún continúa. Después de su fundación todas las líneas han sido seleccionadas para el tamaño de camada al destete y en el momento del inicio de la experiencia los procesos de selección se encontraban en las generaciones 41, 37, 18 y 5 para las líneas A, V, H y LP (se utiliza en el texto como L), respectivamente. Este experimento se está desarrollando en cuatro granjas, y el total de animales considerados en este estudio (4141) se distribuye entre ellas de la siguiente manera: 802 en Rioseco de Tapia (León) (**LE**), 924 en Altura (Castellón) (**CA**), 1229 en Sant Carles de la Rápita (Tarragona) (**TA**) y 1198 en UPV (Valencia) (**UPV**). Los manejos son diferentes entre las granjas; CA y LE organizan lotes de inseminación cada 42 días, mientras que UPV y TA hacen lotes de cubrición cada semana. A pesar de esto en todos los casos las hembras se inseminan/montan aproximadamente 12 días después del parto y en todas las granjas, igualmente, se realiza un test de gestación a los 12 días de la cubrición/inseminación, mediante palpación abdominal. El destete tiene lugar a los 28 días de edad de los gazapos. En todas las explotaciones los animales se alimentaron con pienso comercial estándar.

Para analizar los datos se utilizó el programa Survival kit 6.0 (Ducrocq et al., 2010) y en particular el módulo que implementa el modelo de Cox de riesgos proporcionales. Este fue el modelo que se utilizó:

$$h_i(t|\mathbf{x}_i(t)) = h_0(t) \cdot \exp\{NV_i(t) + L_j + GAE_k(t) + OPP_l(t) + EF_m(t)\}$$

Donde, $h_i(t|\mathbf{x}_i(t))$ es el riesgo de muerte asociado al animal i , afectado por las covariables indicadas en el vector $\mathbf{x}_i(t)$, en tiempo t ; $h_0(t)$ es la función del riesgo base; NV_i es el efecto de número de nacidos vivos en cada parto; L_j es el efecto de los distintos tipos genéticos considerados; $GAE_k(t)$ es el efecto de la combinación Granja-Año-Estación; OPP_l es el efecto de las sucesivas palpación positivas que la hembra tiene y EF_m es el efecto de los distintos estados fisiológicos por los que la hembra pasa (gestante/lactante/vacía/gestante & lactante).

Para alcanzar el objetivo de este trabajo, a partir de las estimas de los efectos de los distintos grupos genéticos, se realizaron una serie de contrastes lineales para determinar distintos aspectos de las diferencias observadas entre los tipos genéticos considerados. I) Las diferencias entre cada dos líneas que se utilizaron para producir los animales cruzados. II) Las diferencias entre los cruces recíprocos para determinar si una línea es preferible

utilizarla como madre o padre de las cruzadas. II) La diferencia entre el promedio de los cruzados y de los puros, para determinar si se aprecia una mayor longevidad en los primeros, como sería de esperar como consecuencia de la heterosis.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Del total de animales analizados, 1289 (31.04%) fueron censurados: continuaban vivos o se eliminaron por cuestiones de manejo, y para ellos su vida media fue de 344 días. El grupo de animales no censurados tuvo una vida media de 180 días.

En la tabla 1 se muestran las diferencias entre las estimas de riesgo para los 6 contrastes entre las líneas involucradas en el experimento. En estos contrastes de riesgo las diferencias representan la vulnerabilidad o resistencia de los animales a los distintos factores que pueden determinar su muerte o eliminación, por lo tanto son inversamente proporcionales a las diferencias en longevidad.

Tabla 1. *Contrastes entre las líneas para el riesgo.*

Grupo	Contraste±SE	X ²	P value
AA vs VV	0.28±0.08	11.81	0.001
AA vs HH	-0.11±0.12	0.76	0.385
AA vs LL	0.18±0.08	5.51	0.019
VV vs HH	-0.38±0.10	15.74	0.000
VV vs LL	-0.09±0.08	1.29	0.257
HH vs LL	0.30±0.12	5.95	0.015

X²: Chi-Square

Claramente la línea A tiene una menor capacidad para superar los distintos factores de riesgo a que se pueda exponer, ya que las diferencias entre las estimas de esta línea con las de la V y la LP son significativas. Lo mismo ocurre para la línea H, mientras que entre la línea V y LP no se aprecian diferencias en el riesgo. Piles et al. (2006a) observaron una diferencia entre los efectos genéticos directos de las líneas A y V de una magnitud muy similar a la obtenida en este estudio (0.29), que en su caso no fue significativa. Respecto a las diferencias entre la línea V y L, Sánchez et al. (2008) encontraron un ligero menor riesgo asociado a la línea L, y estas diferencias se establecían fundamentalmente al final de la vida de los animales.

La tabla 2 muestra las diferencias entre las estimas del riesgo asociados a los cruces recíprocos. Únicamente son significativos los contrastes entre los cruces AL y LA a favor de LA y entre VH y HV a favor de HV.

Tabla 2. *Contrastes entre cruces recíprocos para el riesgo.*

Grupo	Contraste±SE	X ²	P value
AV vs VA	0.09±0.15	0.33	0.564
AH vs HA	-0.24±0.14	2.66	0.103
AL vs LA	0.33±0.15	4.89	0.027
VH vs HV	0.29±0.14	4.48	0.034
VL vs LV	0.08±0.16	0.24	0.623
HL vs LH	0.14±0.15	0.84	0.360

X²: Chi-Square

Los contrastes entre el promedio de los cruzados y el de las líneas de las que éstos proceden se muestran en la tabla 3. Se aprecia que en general, como cabría esperar, los cruces tienen asociado un menor riesgo y por tanto una mayor longevidad funcional que las líneas de las que éstos proceden. Estas diferencias fueron significativas para todos los cruces salvo entre los de las líneas A y H y entre los de las líneas A y LP.

Tabla 3. Contrastes entre cruzados frente a las líneas para el riesgo.

Grupo	Contraste±SE	X ²	P value
AV+VA vs AA+VV	-0.26±0.11	5.39	0.015
AH+HA vs AA+HH	-0.22±0.12	3.45	0.063
AL+LA vs AA+LL	-0.17±0.12	2.16	0.142
VH+HV vs VV+HH	-0.22±0.11	4.29	0.038
VL+LV vs VV+LL	-0.31±0.11	8.48	0.004
HL+LH vs HH+LL	-0.39±0.12	10.82	0.001

X²: Chi-Square

Estos resultados reflejan la gran variabilidad en tolerancia a factores de riesgo que se observan entre los distintos grupos genéticos considerados en este experimento y son de interés para el sector cunícola pues permiten identificar los tipos genéticos más apropiados para tratar de reducir la elevada tasa de reposición que a día de hoy se da en cunicultura. En este sentido los animales cruzados procedentes de las líneas V y LP serían los más recomendables.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Ducrocq, V., Sölkner, J. & Mészáros, G. 2010. <http://www.nas.boku.ac.at/1897.html>. • Piles, M., Sánchez, J. P., Orengo, J., Rafel, O., Ramon, J. & Baselga, M. 2006a. J. Anim. Sci. 84:58-62. • Piles, M., Garreau, H., Rafel, O., Larzul, C., Ramon, J. & Ducrocq, V. 2006b. J. Anim. Sci. 84:1658-1665. • Ramón, J. & Rafel, O. 2002. 1991–2000. Expoaviga 2002, X jornada cunícola, Barcelona, pp. 113–117. • Sánchez, J.P., Baselga, M., Peiró, R. & Silvestre, M.A. 2004. Livest. Prod. Sci. 90:227–234. • Sánchez, J.P., Theilgaard, P., Mínguez, C., Baselga, M. 2008. J. Anim. Sci. 86, 515–525.

FUNCTIONAL LONGEVITY IN DIALLEL CROSS BETWEEN MATERNAL LINES OF RABBIT

ABSTRACT: A diallel cross was carried out involving four maternal lines of rabbit (A, V, H and LP (L) lines). The lines considered have been selected for litter size at weaning. The objective was to determine differences in functional longevity between the genetic types involved in the experiment, trying to get indications of variation between the sixteen genetic groups. This trait was defined as the number of days between the first positive palpation and the death or culling of the doe; it represents the ability to delay involuntary culling. A total of 4141 longevity records were obtained from September 2008 to January 2011 and were analysed with the Survival kite 6.0 using a fixed effects Cox proportional hazard model. The model incorporated time-dependent factors, such as Farm-year-season, number born alive, order of positive palpation and physiological status of the female; as well as the time-independent factor of the genetic type of the doe. Lines A and H have a similar ability to avoid risk factors and they both are more sensitive to these factors than lines V and LP. The differences between crosses and its reciprocal were generally not significant. The estimated heterotic effects, average of crossbreds minus average of purebreds, showed the importance of using crossbreds between specialized lines to produce the does for intensive meat rabbit production, as the risk associated to purebreds is higher than that to crossbreds.

Keywords: maternal lines, diallel cross, Longevity, Survival analysis