

RESULTADOS DE LAS CUATRO PRIMERAS GENERACIONES DE SELECCIÓN DIVERGENTE POR VARIABILIDAD AMBIENTAL DEL TAMAÑO DE CAMADA EN CONEJO.

Argente, M.J.¹, García, M.L.¹, Muelas, R.¹, Santacreu, M.A.² y Blasco, A.²

¹Departamento de Tecnología Agroalimentaria. Universidad Miguel Hernández de Elche, Ctra de Beniel Km 3.2, 03312 Orihuela, Spain.

²Instituto de Ciencia y Tecnología Animal. Universidad Politécnica de Valencia, P.O. Box 22012. 46071 Valencia, Spain.
mj.argente@umh.es

INTRODUCCIÓN

La varianza ambiental del tamaño de camada podría estar bajo control genético (Sorensen y Waagepetersen, 2003, en cerdo; Gutiérrez et al., 2006, en ratón). La variabilidad del tamaño de camada puede depender del estado de salud de la hembra y de su susceptibilidad a enfermedades, que son caracteres que están controlados en parte por genes. La selección para reducir la variabilidad ambiental podría, por tanto, mejorar el bienestar animal (Argente et al., 2011), además de reducir el número de adopciones y de la mortalidad perinatal. Por otro lado, aumentaría la heredabilidad del tamaño de camada, y como consecuencia su respuesta a la selección. La selección por varianza del tamaño de camada supone una selección directa sobre la varianza ambiental de este carácter, puesto que los efectos genéticos y permanentes son comunes a todas las camadas; esto puede representar una ventaja notable sobre los programas que evalúan el valor genético de la varianza ambiental, dado la escasa robustez de estos modelos (Sorensen, 2010). El objetivo de este trabajo es estimar la respuesta a la selección en un experimento de selección divergente por varianza fenotípica del tamaño de camada en conejo.

MATERIAL Y MÉTODOS

Animales

Los animales de la generación base de este experimento proceden de una línea originalmente seleccionada por tamaño de camada. Todos los animales fueron alojados en la granja de la Universidad Miguel Hernández de Elche, con ambiente controlado con un fotoperiodo constante de 16 h de luz: 8 h de oscuridad. Las hembras fueron montadas a los 12 días post-parto, produciendo una media de cuatro partos. Se realizó una selección divergente sobre la variabilidad del tamaño de camada durante cuatro generaciones. El criterio de selección fue la varianza fenotípica del tamaño de camada dentro de hembra después de corregir el tamaño de camada por los efectos de año-estación y el estado de lactación (Ve). Cada línea tuvo 125 hembras y 25 machos por generación, aproximadamente. La presión de selección sobre hembras fue de un 30% en cada línea. Los machos fueron elegidos dentro de familias de padre para evitar el incremento de la consanguinidad.

Caracteres

Los caracteres analizados fueron el número total de gazapos nacidos (TC), la varianza ambiental (Ve), la varianza fenotípica del tamaño de camada dentro de hembra sin corregir por efectos de año-estación y estado de lactación (Vp), el intervalo entre partos (IP) y la varianza del intervalo entre partos dentro de hembra (V_{IP}). Todas las varianzas (Ve, Vp, V_{IP}) fueron calculadas usando el estimador de mínimo riesgo cuadrático (el número de partos n varía de 2 a 8).

$$V = \frac{1}{n+1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2$$

Análisis estadísticos

Todos los análisis se realizaron utilizando metodología bayesiana. Las variables Ve, Vp, IP y V_{IP} fueron analizadas con un modelo que sólo tenía como efecto la línea-generación (con 9 niveles: generación base, y línea de alta (H) y de baja variabilidad (L) de cada generación). El modelo usado para analizar el TC incluyó los efectos de línea-generación, año-estación, estado de lactación y el efecto aleatorio de hembra. Se utilizaron priors planos acotados

para todos los efectos sistemáticos, y el efecto de hembra se distribuyó de forma normal con media 0 y varianza $1\sigma_d^2$. Los residuos se distribuyeron normalmente con media 0 y varianza $1\sigma_e^2$. Los priors de las varianzas fueron también planos acotados. Las distribuciones marginales posteriores de las diferencias entre líneas se estimaron por muestreo de Gibbs. La convergencia fue testada usando el criterio Z de Geweke y los errores de Monte Carlo fueron obtenidos por series temporales (Sorensen y Gianola, 2002).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 se muestran las medias en la población base y los parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las diferencias entre las líneas alta (H) y baja (L), en la cuatro primeras generaciones de selección. El test de Geweke no detectó falta de convergencia y el error de Monte Carlo fue pequeño en todas las variables.

Ha habido una respuesta a la selección en la primera generación, puesto que las líneas H y L mostraron un diferencia de 0.70, con una probabilidad de ser positiva del 97% (a pesar de que el cero esté siempre incluido en el HPD95%, lo que es irrelevante para detectar si hay diferencias). En las siguientes generaciones no hubo respuesta aparentemente, pero la diferencia obtenida en la primera generación se mantuvo. El fenómeno es inesperado, pero no inusual, se pueden poner varios ejemplos de selección por caracteres reproductivos en los que sucede lo mismo. Las explicaciones posibles son muchas, desde existencia de genes mayores, interacciones, efecto Bulmer, asimetrías en la respuesta, al simple error de muestreo. Es pronto aún para interpretaciones, cuando se obtengan más generaciones de selección y se descongele una población control vitrificada al inicio del experimento, se podrán avanzar hipótesis de manera más concluyente.

Se corrigió la varianza fenotípica para formar el criterio de selección (V_e), debido a que ciertas conejas podrían tener mayores camadas en una estación o estado de lactación y menores en otras, lo que incrementaría su varianza sólo por motivos ambientales. Parece ser sin embargo que la respuesta correlacionada sin corregir (V_p) es muy similar.

Parece haber respuesta correlacionada en tamaño de camada, de forma que la línea de mayor variabilidad tiene menor tamaño de camada, algo que parece contraintuitivo pero que está de acuerdo con la correlación negativa entre ambos caracteres encontrada en porcino por Sorensen y Waagepetersen (2003), aunque estas correlaciones están siendo discutidas recientemente como artefactos del modelo (Yang et al., 2011). Parece que el modelo es poco robusto (por ejemplo, un gen mayor o un efecto fijo no considerado alterarían las estimaciones genéticas de V_e), lo que hace más interesante el seleccionar directamente por V_e , sin tener que estimar los valores genéticos mediante el modelo. Da la impresión de que la varianza deba aumentar con la media por una razón de escala. En realidad V_p aumenta con la media de TC de la hembra cuando las camadas son pequeñas, pero las conejas con alto TC medio tienen todos sus partos numerosos, por lo que la correlación es negativa.

Suponemos que las conejas de tamaños de camada muy variable tienen peor salud y están más estresadas, lo que examinamos en otra comunicación. Aquí podemos ver que parece que el intervalo entre partos aumenta, así como su varianza, con la variabilidad del tamaño de camada, lo que sería un indicio de esta falta de bienestar.

CONCLUSIÓN

Ha habido respuesta a la selección por varianza ambiental en tamaño de camada, con una respuesta correlacionada negativa en tamaño de camada medio. El intervalo entre partos y su variabilidad aumentan con la variabilidad del tamaño de camada.

Agradecimientos: Este estudio ha sido financiado con el proyecto AGL2008-05514-C02-02.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

● Argente, M.J., Garcia, M.L., Muelas, R., Birlanga, V. & Blasco, A. 2011. XIV Jornadas sobre Producción Animal. ● Gutiérrez, J.P., Nieto, B., Piqueras, P., Ibáñez, N. & Salgado, C. 2006. Genet. Sel. Evol. 38:445-462. ● Sorensen, D. & Gianola, D. 2002. Springer, New York. USA.

• Sorensen, D. & Waagepetersen, R. 2003. Genetical Research 82: 202-222. • Yang, Y., Christensen, O.F. & Sorensen, D. 2001. Genet. Res. (En prensa).

Tabla 1. Parámetros de las distribuciones marginales posteriores de las diferencias entre las líneas de alta (H) y de baja (L) variabilidad del tamaño de camada para la varianza fenotípica del tamaño de camada dentro de hembra después de corregir el tamaño de camada por año-estación y el estado de lactación (Ve), varianza fenotípica del tamaño de camada sin corregir (Vp), el tamaño de camada (TC), intervalo entre partos (IP) y la varianza del intervalo entre partos dentro de hembra (V_{IP}).

Base	Generación 1			Generación 2			Generación 3			Generación 4		
	D	HPD _{95%}	P(%)	D	HPD _{95%}	P(%)	D	HPD _{95%}	P(%)	D	HPD _{95%}	P(%)
Ve	3.71	-0.04, 1.47	97	0.55	-0.16, 1.39	91	0.65	-0.19, 1.45	94	0.64	-0.19, 1.44	93
Vp	3.95	-0.17, 1.39	93	0.42	-0.35, 1.25	84	0.75	-0.10, 1.60	96	0.81	-0.06, 1.63	97
TC	8.71	-0.82, 0.06	94	-0.31	-0.82, 0.14	90	-0.92	-1.41, -0.45	100	-0.65	-1.17, -0.24	100
IP, días	50.85	-3.61, 1.17	85	1.04	-1.48, 3.61	78	1.18	-1.68, 3.58	81	2.07	-0.52, 4.57	94
V _{IP}	103.87	-52.35, 51.09	51	40.88	-13.80, 96.44	92	64.99	3.04, 117.02	99	64.08	7.88, 118.26	99

D: mediana posterior de la diferencia entre las líneas H y L. HPD_{95%}: región de alta densidad posterior al 95%. P: P(D>0) cuando D>0 y P(D<0) cuando D<0.

RESULTS OF THE FIRST FOUR GENERATIONS OF DIVERGENT SELECTION FOR ENVIRONMENTAL VARIABILITY IN THE LITTER SIZE IN RABBIT

ABSTRACT: A divergent selection experiment on phenotypic variance of litter size was carried out in rabbits. Selection was based on phenotypic variance of litter size for each doe after correcting litter size for the effects of year-season and lactation status (Ve). Selection pressure on does was approximately 30% in each line. Males were chosen within sire families in order to avoid the increase of inbreeding. Results of the first four generations of selection were analyzed using Bayesian methods. The High line (H) showed a higher Ve than the Low line (L) in the first generation of selection (0.70, P(D>0) = 97%). This difference is conserved in the following generations. Selection for Ve shows a negative correlated response with litter size and interval between parities. Parity interval increases has a positive correlated response with variability.

Keywords: Canalisation, environmental variance, litter size, rabbits