

## TENDENCIAS GENÉTICAS EN UN EXPERIMENTO DE SELECCIÓN POR EFICIENCIA ALIMENTARIA EN CONEJO

Sánchez\*, J.P., Pascual, M. y Piles, M.

IRTA, Torre Marimon, Caldes de Montbui, 08140, Barcelona

\*juanpablo.sanchez@irta.es

### INTRODUCCIÓN

Los costes de alimentación suponen hasta un 60-70 % (Cartuche *et al.*, 2014) del total de los costes de producción de las granjas cunícolas. Una reducción del consumo de pienso favorecerá la rentabilidad, y limitará la excreción al ambiente de moléculas contaminantes (Hegarty *et al.*, 2017). En el año 2018 iniciamos tres procesos de selección para incrementar la eficiencia alimentaria siguiendo distintas estrategias de selección directa. La particularidad de estos procesos es que los candidatos se crían en grupo, mientras que en experimentos previos la cría se ha hecho en jaulas individuales (Drouilhet *et al.*, 2013). Esto es importante porque a nivel comercial los animales se crían en grupo y los efectos de interacción social pueden ser importantes (Piles *et al.*, 2017). Nuestro objetivo es estimar las tendencias genéticas para los caracteres implicados en la eficiencia alimentaria de las tres líneas.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Las tres poblaciones bajo estudio son: ADGR, seleccionada por crecimiento diario bajo restricción; RFI, selecciona por consumo de pienso residual individual; y GRP, selecciona por el consumo de pienso residual del grupo, siendo la unidad de selección la jaula. La información para las evaluaciones son los registros individuales del peso del animal y de su consumo utilizando comederos electrónicos (Sánchez *et al.*, 2018) en las líneas ADGR y RFI o bien el consumo y peso del grupo en la línea GRP. Más detalles de los procesos de selección se pueden encontrar en Sánchez *et al.* (2019). La selección abarca 7 generaciones en 34 lotes. Los caracteres analizados en este estudio fueron la ganancia de peso media diaria (GMD), el consumo medio diario (CMD) y el índice de conversión (IC = CMD/GMD) utilizando las medias del grupo en la línea GRP o información individual en las otras dos. Las estimas de tendencias genéticas que se ofrecen son los coeficientes de regresión, sobre el año de nacimiento, de las medias de las predicciones de valor genético de los animales nacidos un mismo año. Las predicciones de valor genético se obtuvieron ajustando diferentes modelos (Piles y Sánchez, 2019) mediante REML.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las tendencias genéticas estimadas en las líneas RFI y ADGR fueron 0,03 ((g/d)/año) ( $P > 0,05$ ) y 1,20((g/d)/año) ( $P < 0,01$ ) para GMD; -1,79 ((g/d)/año) ( $P < 0,01$ ) y 0,34 ((g/d)/año) ( $P < 0,05$ ) para CMD; y -0,09 ((g/g)/año) ( $P < 0,01$ ) y -0,01 (((g/d)/(g/d))/año) ( $P < 0,05$ ) para IC. En la línea GRP las tendencias genéticas estimadas fueron: 0,04 ((g/d)/año) ( $P > 0,05$ ), -1,67 ((g/d)/año) ( $P < 0,01$ ) y -0,07 (((g/d)/(g/d))/año) ( $P < 0,01$ ), para GMD, CMD e IC, respectivamente. Estas tendencias se corresponden bien con las respectivas estimas de heredabilidad; que para la línea RFI fueron: 0,16(0,04), 0,07(0,03) y 0,16(0,04), para GMD, CMD e IC, respectivamente; para la línea ADGR: 0,21(0,05), 0,02(0,02) y 0,02(0,02); y para la línea GRP 0,08(0,11), 0,08(0,09) y 0,19(0,14). Las tendencias genéticas para GMD nunca se acompañaron de tendencias ambientales, pero para CMD e IC en la línea RFI sí se observaron tendencias ambientales de signo contrario a las genéticas, un indicio de sobreestimación de las segundas. Estas tendencias ambientales pueden explicarse por cambios a lo largo del proceso de selección en los parámetros de configuración de los comederos electrónicos.

### CONCLUSIÓN

La selección para la mejora de la eficiencia alimentaria parece estar siendo efectiva en las tres poblaciones. No obstante, estos resultados de respuesta basados en tendencias genéticas se están validando con experimentos que incluyen una población control no seleccionada.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Cartuche, L. *et al.* 2014. World Rabbit Sci. 22: 165-177. • Drouilhet, L. *et al.* 2013. J. Anim. Sci. 91: 3121-3128. • Hegarty, R.S. *et al.* 2007. J. Anim. Sci. 85: 1479-1486 • Piles, M. *et al.* 2017. Genet. Sel. Evol. 49(1): 58 • Piles, M. *et al.* 2019. J Anim Breed Genet. 136: 474-483. • Sánchez J.P. *et al.* 2018. XLIII Symposium de Cunicultura de ASESCU • Sánchez J.P. *et al.* 2019. XLIV Symposium de Cunicultura de ASESCU.

**Agradecimientos:** Financiado por los proyectos PID2021-128173OR-C21, RTI2018-097610-R-I00 y RTA2014-00015-C02-0. Agradecemos el trabajo e implicación del personal de la granja cunícola IRTA.