

¿EXISTE INTERACCIÓN GENOTIPO-MODO DE ALIMENTACIÓN EN TRES LÍNEAS DE CONEJO SELECCIONADAS POR EFICIENCIA ALIMENTARIA?

Sánchez^{1,2*}, J.P., Cifuentes¹, L., Piles¹, M. y Pascual¹, M.

¹IRTA, Torre Marimon, 08140, Caldes de Montbui; ²Facultad de Ciencias, Universidad de Córdoba, Edif. C5, Campus de Rabanales, 14014 Córdoba

*juanpablo.sanchez@uco.es

INTRODUCCIÓN

En IRTA, desde hace unos 8 años, se desarrolla un experimento de selección por eficiencia alimentaria que implica a 3 poblaciones: RFI, seleccionada para reducir la desviación individual respecto al consumo esperado; ADGR, seleccionada para aumentar el crecimiento, pero medido sobre animales bajo restricción alimentaria; y GRP seleccionada para reducir la desviación promedio de jaula respecto al consumo esperado (Sánchez *et al.*, 2019). Desde 2023 se está desarrollando una comparación coetánea de estas tres líneas con una línea control (X) generada a partir de embriones que procedían de la población de origen común. El objetivo de esta comunicación es estimar parámetros genéticos de caracteres de crecimiento y consumo en las tres poblaciones seleccionadas, registrados por un lado usando comederos electrónicos (Sánchez *et al.*, 2024a) para medir el consumo individual, y por otro con comederos convencionales midiendo el consumo como promedio de la jaula. Estas estimas se usarán para interpretar las respuestas observadas (Sánchez *et al.*, 2024b).

MATERIAL Y MÉTODOS

Los datos de cada una de las tres poblaciones seleccionas (aprox. 900 animales por línea) y de la línea X (524) se analizaron por separado en análisis bivariados de los cinco caracteres registrados individualmente durante el período experimental de comparación coetánea: Peso a los 38 días (P38); Ganancia Media Diaria Individual de animales alimentados con comedero electrónico (GMDe) o con comedero convencional (GMDc) y Consumo Medio Diario Individual registrado con comedero electrónico (CMDe). Además del efecto sistemático de lote, los modelos incluyeron el efecto genético aditivo, el efecto de camada y el efecto de jaula, estableciéndose entre ellos la estructura de covarianzas que el diseño experimental permite identificar. Los modelos se resolvieron utilizando el programa gibbsf90+.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las medias (s.d.) de la distribución marginal posterior (MP) de las heredabilidades para P38 fueron 0,26(0,12), 0,27(0,12), 0,26(0,09) y 0,20(0,13) para las líneas ADGR, GRP, RFI y X respectivamente. Las correspondientes para CMDe fueron: 0,24(0,14), 0,28(0,11), 0,18(0,12) y 0,20(0,12). Las MP de heredabilidad para crecimiento diario variaron considerablemente entre los dos modos de alimentación, siendo las estimas para GMDe y GMDc en las diferentes líneas: 0,28(0,20) y 0,18(0,09) para ADGR, 0,48(0,16) y 0,26(0,11) para GRP, 0,16(0,14) y 0,34(0,13) para RFI y 0,43(0,20) y 0,20(0,11) para la población control. Como se puede ver, a pesar de las importantes diferencias entre las MP, las elevadas desviaciones típicas posteriores (DTP) nos impiden declarar como estadísticamente diferentes las estimas en las dos condiciones. Las estimas de correlación genética entre GMDe y GMDc presentaron DTP muy elevados, para todas las poblaciones, excepto para la línea GRP, y no se puede definir el signo de la correlación. Las estimas fueron 0,31(0,62), 0,66(0,32), 0,23(0,63) y 0,26(0,65), para las líneas ADGR, GRP, RFI y X, respectivamente. Estas DTP, para las líneas ADGR, RFI y X suponen una incertidumbre que abarca todo el espacio paramétrico y para la línea GRP todo el rango de los valores positivos.

CONCLUSIÓN

La elevada incertidumbre en las estimas de los parámetros genéticos en las 4 líneas estudiadas no nos permite aceptar la hipótesis de que la interacción entre el genotipo y las condiciones de alimentación sea un factor relevante en la determinación genética de los caracteres estudiados; aunque tampoco podemos descartar que no lo sea.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Sánchez, J.P. *et al.* 2019. XLIV Symposium de Cunicultura de ASESCU, pp. 93-98
- Sánchez, J.P. *et al.* 2024a. Animal Open Space 3: 100074
- Sánchez, J.P. *et al.* 2024b. World Rabbit Congress., pp. 93-98.

Agradecimientos: Financiado por el proyecto PID2021-128173OR-C21.