



Crecimiento corporal total, temprano y tardío en un cruzamiento terminal de pollos camperos utilizado como población fundacional de una sintética doble propósito

Fernández R¹, Di Masso RJ¹, Canet ZE^{1,2}.

¹Cátedra de Genética. Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad Nacional de Rosario. ²EEA INTA Pergamino.

ramirofernandez@fcv.unr.edu.ar

El crecimiento animal, definido como un aumento en la biomasa, es un fenotipo complejo regulado por numerosas rutas fisiológicas diferentes según la etapa de la vida de un individuo. El término crecimiento como tal es ambiguo en tanto puede hacer referencia a aspectos dimensionales (modificación del peso corporal o de alguna medida lineal), composicionales (modificaciones en las tasas de deposición de tejido óseo, muscular y adiposo) o del desarrollo (madurez sexual). Esta particularidad determina que, aun cuando se le asigne el mismo nombre al carácter, como ocurre en el caso del peso corporal, no se trataría en realidad del mismo carácter si se lo mide a diferentes edades (peso al nacimiento, peso a la madurez sexual, peso maduro). Por lo tanto, cada una de tales determinaciones debería ser considerada como la expresión de caracteres en mayor o menor medida diferentes. El indicador más utilizado para definir operacionalmente al crecimiento como variable productiva es el peso corporal. Se trata de un carácter arquetípico en el marco de la genética cuantitativa clásica en el sentido que desde el ratón de laboratorio a especies de interés productivo se dispone de evidencia que presenta distribución normal y, si bien se conocen genes mayores que lo afectan, su comportamiento se ajusta al modelo infinitesimal propio de la variación continua¹. También presenta buena heredabilidad, aun cuando este parámetro genético es una propiedad de la población en la que se lo estima más que del carácter en sí mismo, por lo que responde a la presión de la selección artificial razón por la cual se acepta que posee una base poligénica representada por una multiplicidad de genes con efectos individuales aditivos y de similar magnitud sobre el fenotipo. Además de los genes que muestran similar direccionalidad en su expresión durante todo el ciclo de crecimiento asociados a individuos de mayor o menor tamaño, se ha postulado también que existen genes con efectos sobre el crecimiento temprano y otros con efectos sobre el crecimiento tardío³. El objetivo de este trabajo de naturaleza exploratoria fue poner a prueba la hipótesis de la presencia en pollos camperos de estas tres categorías de genes para crecimiento a partir del análisis multivariado de los datos longitudinales peso corporal–edad cronológica. Se utilizó el registro de las pesadas individuales realizadas a intervalos semanales entre el nacimiento y los 90 días de edad en una muestra aleatoria de 42 machos de pollos camperos pertenecientes al cruzamiento terminal de tres vías Campero Casilda (CC) utilizado como población fundacional de la sintética doble propósito Campero Bonaerense INTA. La matriz de datos (42 individuos x 13 registros de peso corporal) se analizó con la técnica multivariada de componentes principales. Las dos primeras componentes principales explicaron el 81,2 % de la variancia total observada. La primera componente (CP1) explicó el 59,5 % de la variancia y presentó todos los coeficientes con signo negativo por lo que puede ser considerada como una componente de crecimiento armónico a lo largo de todo el ciclo evaluado. Los mayores valores de la componente corresponden a animales de bajo peso y los menores valores de la componente a animales de alto peso. La segunda componente (CP2) explicó el 21,8 % de la variancia y presentó un contraste entre los pesos tempranos (coeficientes positivos entre el nacimiento y la semana 5^a) y tardíos (coeficientes negativos a partir de la semana 6^a) describiendo un patrón según el cual los pollos más livianos que el promedio en edades tempranas son más pesados que el promedio en edades tardías y viceversa. Los valores de CP1 y CP2 se consideraron como nuevas variables aleatorias, se dispusieron en un arreglo ordenado y se eligieron las aves con los valores máximos (n= 10) y mínimos (n=10) de cada una de ellas. Los datos peso corporal-edad cronológica correspondientes a los dos subgrupos de aves resultantes para cada componente se ajustaron con el modelo sigmoideo de Gompertz y se estimaron los parámetros con valor biológico que definen la forma de la curva de crecimiento [A: peso corporal asintótico (g) y k: tasa de maduración o velocidad de aproximación a la asíntota (semana-1)].

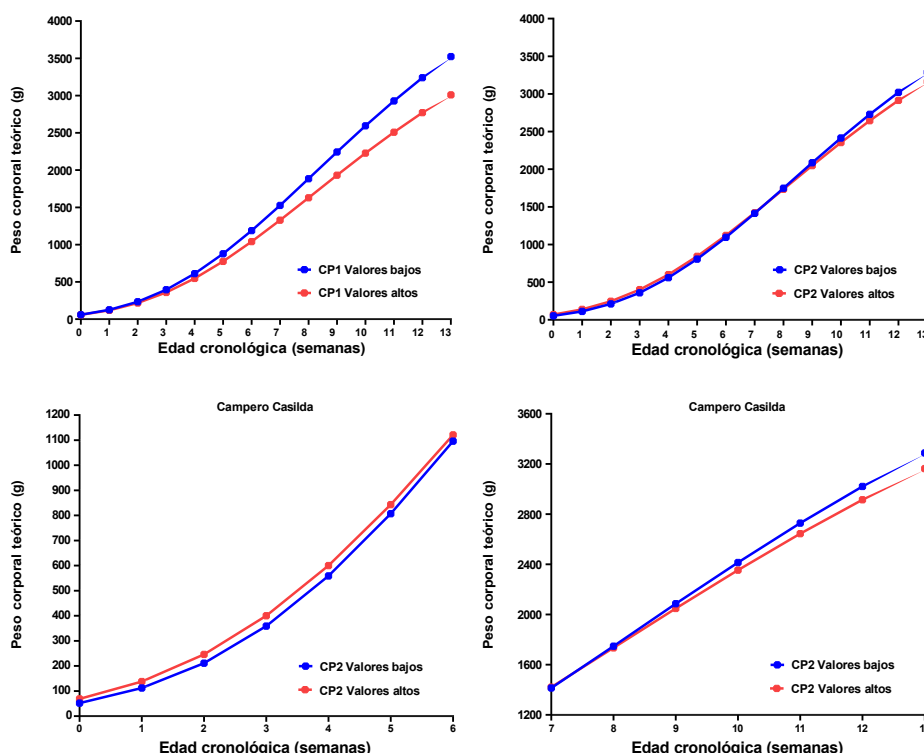


Figura 1 Curvas
teóricas de
crecimiento
(ajuste
Gompertz)
Parte superior
izquierda: aves
con valores
bajos y altos de
CP1.
Parte superior
derecha: aves

con valores
bajos y altos de
CP2. Abajo
detalle de aves
con valores
bajos y altos de
CP2. Izquierda:
crecimiento
temprano.
Derecha:
crecimiento
tardío

Las aves con bajos y altos valores de CP1 presentaron diferencias en el peso asintótico (A bajos: 5358 ± 165 ; A altos: 4578 ± 260 ; $p = 0,021$) sin diferenciarse en sus tasa de maduración (k bajos: $0,1828 \pm 0,00425$; A altos: $0,1804 \pm 0,00961$; $p = 0,820$), relación que se evidencia en el paralelismo de las curvas de crecimiento. Las aves con bajos y altos valores de CP2 no se diferenciaron en A (bajos: 5001 ± 229 ; altos: 4799 ± 173 ; $p = 0,493$) ni en k (bajos: $0,1837 \pm 0,00423$; altos: $0,1785 \pm 0,00744$; $p = 0,553$), razón por la cual sus curvas aparentan ser coincidentes. Sin embargo, en la primera parte del ciclo las aves con bajos valores de CP2 presentan menor peso corporal que aquellas con altos valores de la componente, situación que se invierte en la etapa posterior a la 6ª semana de vida. Se concluye que CP1 es una componente vinculada con genes que mantienen similar efecto sobre el peso corporal a lo largo de la vida del individuo y que discrimina por el peso asintótico independientemente de la tasa de maduración, mientras que la segunda componente identificada en este estudio (CP2), que como tal explica una fracción de la variancia independiente de la atribuible a la primera componente, estaría relacionada con la propuesta de la existencia de dos grupos de genes con efecto diferencial sobre el crecimiento: uno de ellos relacionado con el crecimiento temprano y el otro con el crecimiento tardío y, en tal sentido, podría ser tomada como evidencia experimental corroborativa de tal hipótesis, en coincidencia tanto con antecedentes en pollos³ como lo observado en trabajos previos en un modelo murino^{2,4}.

Bibliografía

- 1.- Cheverud, J.M., Routman, E.J., Duarte, F.A.M., van Swinderen, B., Cothran, K., Perel, C. (1996). Quantitative trait loci for murine growth. *Genetics*, 142(4):1305-1319.
- 2.- Di Masso, R.J., Silva, P.S., Font, M.T. (2005). Independencia entre el crecimiento corporal temprano y tardío en ratones. Análisis de componentes principales. VII Congreso de la Sociedad de Biología de Rosario.
- 3.- Gao, Y., Hu, X.X., Du, Z.Q., Deng, X.M., Huang, Y.H., Fei, J., Feng, J.D., Liu, Z.L., Da, Y., Li, N. (2006). A genome scan for quantitative trait loci associated with body weight at different developmental stages in chickens. *Animal Genetics*, 37(3):276-278.
- 4.- Silva, P.S., Font, M.T., Di Masso, R.J. (2006). Identificación de patrones de crecimiento por componentes principales en una población segregante de ratones. XXIV Congreso Argentino de Genética.