

Regiones del genoma de gallinas venezolanas (F₂) IPA x FAGRO, asociadas al peso del huevo

José Luis Arcia¹, Rafael Galíndez^{2*}, Oscar De La Rosa³, Alexis Marques³, Luis Ángulo⁴

¹Universidad Nacional Experimental Rómulo Gallegos, Apdo. 2301. San Juan de Los Morros, Guárico, Venezuela

²Instituto de Producción Animal, Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela, Apdo. 4563. Maracay, 2101-A. Venezuela

³Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA)

⁴Instituto de Genética, Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela, Apdo. 4563. Maracay, 2101-A. Venezuela

RESUMEN

Con el objetivo de verificar la asociación de las regiones del genoma de gallinas criollas venezolanas con el peso del huevo, se llevó a cabo un experimento en la Universidad Central de Venezuela. Se midió el peso de huevos acumulado en la primera (PPS), 40 (PH40), entre 41 y 60 (PH4160) y 60 (PTH) semanas de edad, en gallinas F₂ producto del cruce entre las razas IPA y FAGRO. Se realizaron análisis de varianza para probar el efecto de las regiones delimitadas por los marcadores microsatélites LEI0122, MCW0241 y ADL0201 sobre el peso del huevo. Asimismo, se estimaron los parámetros genéticos a través de la metodología de máxima verosimilitud restringida, incluyendo en el modelo estadístico los efectos de lote de nacimiento y grupo racial. Los promedios resultaron en 39,96; 47,88; 55,1 y 54,38 g, para PPS, PH40, PH4160 y PTH, respectivamente. Para ADL0201, el alelo B (172,42 g) superó ($P < 0,05$) al alelo A (157,40 g) en PPS; mientras que, en PH40, el alelo A (962,69 g) superó ($P < 0,05$) al alelo B (814,39 g). Para los otros marcadores no se encontró efecto. La heredabilidad osciló entre 0,11 y 0,32; la repetibilidad entre 0,17 y 0,41. La correlación genética entre el peso del primer huevo y el peso final del mismo fue de 0,57; siendo la regresión de $b = 0,36$. Se concluye que, a medida que aumenta la edad de la gallina, se incrementa el peso del huevo; asimismo y a pesar de que ADL0201 afecta el peso del huevo, probablemente no justifique su inclusión en los programas de selección.

Palabras clave: aves de corral, heredabilidad, microsatélites, repetibilidad.

Genome regions of Venezuelan hens (F₂) IPA x FAGRO, associated with egg weight

ABSTRACT

With the aim to verify the association of the genome regions of Venezuelan creole hens with egg weight, it was an experiment in the Universidad Central de Venezuela. It was measured the accumulated egg weight at first week (PPS), 40 (PH40), between 41 and 60 (PH4160), and 60 (PTH) weeks of age, in F₂ crossed hens IPA and FAGRO. They were variance analyses to test the delimited microsatelites regions effects LEI0122, MCW0241, and ADL0201 on egg weight. Likewise, they were estimated the

*Autor de correspondencia: Rafael Galíndez

E-mail: galindez70@yahoo.com

genetic parameters using the restricted maximum likelihood approach, including in the statistic model, born lot, and breed group effects. The means result in 39.96, 47.88, 55.1, and 54.38 g, for PPS, PH40, PH4160 and PTH, respectively. For ADL0201, the allele B (172.42 g) exceeded ($P < 0.05$) to allele A (157.40 g) in PPS; while, in PH40, the allele A (962.69 g) exceeded ($P < 0.05$) to allele B (814.39 g). For other markers it was effect. The heritability range between 0.11 and 0.32; repeatability between 0.17 and 0.41. The genetic correlation between first egg weight, and final weight it was 0.57; being the regression $b = 0.36$. It is concluded that, as increases hen age, increases egg weight; in addition, and even though ADL0201 affect egg weight, probably is no justified inclusion in the improvement program.

Key words: poultry, heritability, microsatellites, repeatability.

INTRODUCCIÓN

El peso del huevo es uno de los rasgos productivos más importantes en la industria de las gallinas ponedoras. De manera general, los consumidores son muy exigentes a la hora de adquirir este producto, puesto que eligen aquellos de mayor tamaño y, por ende, de mayor peso. Este carácter es controlado en gran proporción por genes de efectos aditivos (Pourtahmasebian, 2015); sin embargo, la influencia del manejo, sobre todo alimenticio (ambiente), juega un rol importante en la expresión fenotípica. La selección para este rasgo productivo conduce a un aumento del mismo (Galíndez, 2012; 2014); sin embargo, es común que los genetistas intenten equilibrar dicha manifestación con factores económicos, debido a que el tamaño exacerbado de este puede conducir a pérdidas económicas.

La eficiencia de la producción de huevos pasa porque las gallinas tengan continuidad en la postura, persistencia de la misma y un peso adecuado del producto. Por ello, debe controlarse el mismo al inicio del ciclo de las ponedoras, para lo cual se hace indispensable considerar el peso de la gallina, edad y el peso inicial del huevo (Galíndez y Duarte, 2020; Galíndez y Hernández, 2020); para de esta manera obtener resultados satisfactorios. En el afán de mejorar la producción de huevos se han planteado programas de mejora genética que se basan en la selección (tradicional y asistida por marcadores moleculares) y cruzamiento; en este sentido, para contribuir con esta meta, se estableció como objetivo, verificar regiones del genoma de gallinas ponedoras venezolanas asociadas al peso del huevo.

MATERIALES Y MÉTODOS

La investigación se ejecutó en el Laboratorio de la sección de Aves del Instituto de Producción Animal de la Facultad de Agronomía de la Universidad Central de Venezuela, municipio Girardot, estado Aragua, ubicada geográficamente entre las coordenadas $10^{\circ}16'50''$ latitud N y $67^{\circ}35'58''$ longitud O.

El área donde está ubicada la unidad de producción está enmarcada en el bosque seco tropical, a una altitud de 455 m.s.n.m, con una temperatura media de $25,9^{\circ}\text{C}$, precipitación promedio anual de 1006,4 mm y humedad relativa promedio anual de 81,7% (USICLIMA, 2023).

Las aves utilizadas en el estudio forman parte de las razas de gallinas reproductoras venezolanas IPA y FAGRO. A través de los años se continuó con el proceso de selección y mejoramiento que dio origen a la formación de dos poblaciones divergentes, perfectamente diferenciadas desde el punto de vista morfológico y productivo. La raza IPA produce mayor cantidad de huevos, pero estos son de menor peso. La raza FAGRO genera menor cantidad de huevos, pero de mayor peso (Galíndez *et al.*, 2012).

Para producir la población F1, se aparearon 30 hembras de la raza IPA con tres machos de la raza FAGRO; asimismo se produjeron animales F1 del cruce recíproco, apareando 30 hembras FAGRO

con tres machos IPA. De los animales resultantes (F1), se seleccionaron nueve machos y 86 hembras para generar la población F2, de la cual se obtuvieron 300 individuos. Dicho esquema se basó en las recomendaciones de Camp y Cox (2002).

Las aves se sometieron a iluminación natural. Se vacunaron contra Newcastle y Bronquitis infecciosa en la primera semana de vida, revacunándose a los 21 días y 4ta semana de edad. Los animales se desparasitaron en la semana 15 con fenbendazol al 10% y se aplicó una segunda dosis a los 21 días.

Las aves fueron alimentadas con una fórmula comercial (110g/día), siguiendo las indicaciones de HG (2020).

Se extrajo ADN de 20% de la población F2, a partir de muestras de sangre FAO (2011), siguiendo el procedimiento sugerido por De La Rosa *et al.* (2013). Luego, se determinó la concentración y la pureza del ADN extraído mediante espectrofotometría, utilizando un NanoDrop modelo MD 2000 (Thermo Scientific). Asimismo, se verificó la integridad del mismo, a través de electroforesis en gel de agarosa al 0,8% agregando 2 μ L SYBR SAFE por cada 100 mL de gel.

Se consideró el peso del huevo acumulado durante la primera semana (PPS), peso del huevo acumulado hasta la semana 40 (PH40), peso del huevo entre la semana 41 y 60 (PH4160) y peso del huevo acumulado hasta la semana 60 (PTH).

Los huevos se pesaron los fines de semana (viernes, sábados y domingos) utilizando una balanza digital marca KERN modelo FCB de 0,5 g de apreciación, con esa información se calculó el promedio para la respectiva semana. El peso del huevo acumulado durante las distintas fases, se estimó mediante la sumatoria de cada semana.

Se utilizó el programa S.A.S. (2002) versión 9,0 para obtener la caracterización de la población (F₂) en función de los parámetros estadísticos relacionados con la producción (media, desviación estándar, coeficientes de variación, valores máximos y mínimos).

Se utilizaron los marcadores genéticos moleculares (QTL) señalados en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Marcadores genéticos moleculares estandarizados para el estudio.

Nombre	Secuencia 5' 3'	TA ¹	Pb ²	Cro ³	Referencia
LEI0122	F: CCCTATAGAACTTTGTGC R: GATCTTACTGGATTACCATTC	56,7 56,7	300 306	4	Gibbs <i>et al.</i> (1997)
MCW0241	F: AACCAGTTTGTAAACATCAGC R: ATTGGAGTTGGTACCATACTC	56,7 58,7	274 278	Z	Crooijmans <i>et al.</i> (1996)
ADL0201	F: GCTGAGGATTCAGATAAGAC R: AATGGCTGACGTTTCACAGC	58,4 60,4	140 144	Z	Cheng y Crittenden (1994)

1: temperatura de alineación, 2: pares de bases, 3: cromosoma

Se realizaron estudios de asociación entre los genotipos de los marcadores genéticos moleculares y los valores fenotípicos para los diferentes rasgos de peso del huevo, mediante un análisis de varianza utilizando un modelo lineal de efectos fijos y la comparación de medias se efectuó mediante la prueba de rangos múltiples de DUNCAN, con un nivel de significancia de 0,05 (Alfa). El modelo general utilizado es el que se describe a continuación:

$$Y_{ij} = \mu + \text{Gen}_i + e_{ij}$$

Donde;

Y_{ij} = es la variable medida en los individuos.

μ = media teórica de la población.

Gen_i = efecto fijo de genotipo

e_{ij} = error aleatorio con media cero y varianza s^2 , normal e independientemente distribuido.

Posteriormente, se utilizó un modelo lineal mixto bivariado, mediante la metodología propuesta por Boldman *et al.* (1995).

Para todos los caracteres se estimaron los índices de herencia, las correlaciones genéticas entre los efectos directos y los coeficientes de repetición para cada carácter, usando el procedimiento de Máxima Verosimilitud Restringida (REML), con un modelo lineal mixto bivariado. Se incluyeron los efectos fijos de lote de nacimiento y grupo racial; asimismo, la covariable peso del primer huevo (PPH).

El modelo general que se empleó en esta jornada, fue el siguiente:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_1 & 0 \\ 0 & x_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} z_{11} & 0 \\ 0 & z_{21} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Donde:

y_1, y_2 = Vectores de observaciones de las variables respuesta.

b_1, b_2 = Vectores de efectos fijos:

Lote de nacimiento (Lo) = 1 – 10.

Efecto fijo de grupo racial (Gr) = 1 – 4

a_1, a_2 = vectores de efectos genéticos aditivos directos (aleatorio).

e = vector de efectos residuales (aleatorio).

X = matriz de incidencia para los efectos fijos.

Z = matriz de incidencia relacionadas a los efectos aleatorios.

El criterio para la finalización de una corrida del programa fue el de cambios en la varianza de la función simplex inferior a 10^{-9} . Después de cada convergencia, el programa fue reiniciado usando los estimados obtenidos anteriormente como valores iniciales. Los análisis se detuvieron cuando no hubo cambios en los estimados de los parámetros con respecto a las últimas dos corridas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La información fenotípica que permitió caracterizar el peso del huevo de la población F_2 durante las distintas fases de producción, se encuentra reflejada en el Cuadro 2. En este caso, se aprecia que el peso del primer huevo presentó un promedio de 38,9 g, el cual fue inferior a los valores reportados por Galíndez *et al.* (2014) y Galíndez y Hernández (2020), para los grupos raciales puros que dieron origen a la población F_2 utilizada en este estudio. En otras investigaciones se reportaron pesos del primer huevo para grupos raciales puros que oscilaron entre 30,6 g y 48,2 g con una media no ponderada de 43,5 g (Das, 2018; Galíndez y Duarte, 2020; WingChing - Jones, 2023). De manera general, se observó que el peso promedio del primer huevo para la población F_2 objeto de este estudio fue inferior al encontrado para otros grupos raciales. Las divergencias observadas entre los valores reportados por otros autores y los obtenidos en este trabajo, pueden tener su explicación en factores nutricionales y de manejo que pudieran estar involucrados.

Otro factor que debe considerarse, es el hecho de que los individuos usados en este análisis pertenecen a la segunda generación (F_2) y los reportados en otros estudios son datos provenientes de razas puras.

Cuadro 2. Estadística descriptiva para el peso del huevo en distintas fases de producción en Individuos F_2 .

Fuente de información	PPH	PH40	PH4160	PTH
Número de individuos	270	270	243	243
Promedio ponderado (g)	38,96	47,88	55,1	54,38
Desviación estándar (g)	6,86	4,67	4,22	7,78
Coefficiente de variación (%)	17,60	9,76	7,66	7,78
Valor mínimo (g)	27	38,76	44,08	43,83
Valor máximo (g)	58	61,19	63,87	63,43

PPH, peso del primer huevo; PH40, peso promedio del huevo a las 40 semanas; PH4160, peso promedio del huevo entre las semanas 41 y 60; PTH, peso promedio total del huevo.

Lo que se aprecia en el Cuadro 2, es que el peso del huevo se incrementa a medida que los animales avanzan en el ciclo de producción ($PH40 = 47,88 \text{ g} < PH4160 = 55,1 \text{ g}$), lo cual es consistente con el criterio general establecido y con las observaciones de otros investigadores (Galíndez, 2014; WingChing - Jones, 2023). Otros autores compararon el peso de los huevos de gallinas bajo distintos esquemas de manejo y, observaron pesos promedios entre 40,0 y 52,4 g durante la primera fase de producción (Galíndez y Duarte, 2020; Galíndez y Mejías, 2023).

Marcadores genéticos moleculares asociados al peso del huevo acumulado durante la primera semana (PPS)

El tamaño y peso del huevo son dos rasgos complejos que están estrechamente relacionados entre sí, estos caracteres están determinados en gran parte por las características genéticas del ave y, son controlados por múltiples genes ubicados en distintas regiones del genoma, que en muchas ocasiones suelen mostrar efectos pleiotrópicos y epistáticos (Boruszewska *et al.*, 2009). En este caso, los análisis de varianza solo detectaron efecto estadístico significativo para el marcador genético molecular ADL0201 (Cuadro 3), con respecto al peso acumulado durante la primera semana (PPS) y el peso acumulado hasta las 40 semanas de edad (PH40), resultados que coinciden con el reporte de Goraga (2019).

Cuadro 3. Análisis de Varianza para el peso acumulado del huevo en la primera semana de postura (PPS) en la población F_2 .

Marcador	F	Probabilidad	R ²
ADL0201	6,54	0,0130 *	0,0968
MCW0241	0,28	0,5962 ^{ns}	-----
LEI0122	1,14	0,3275 ^{ns}	-----

*: significativo, ns: no significativo.

Para los marcadores MCW0241 y LEI0122 (Cuadro 3), el estudio de asociación no detectó diferencias estadísticas significativas entre los distintos genotipos, lo cual es inconsistente con otros estudios donde se ha evidenciado efecto significativo sobre el número y peso del huevo (Tuiskula-Haavisto, 2002; Sasaki, 2004; Boruszewska, 2009; Honkatukia, 2010; Goraga, 2011 y Xu, 2011a, 2011b).

Es necesario resaltar que, probablemente, las diferencias en cuanto a la significancia de un marcador y su efecto sobre la característica relacionada, sean consecuencia de divergencias en la estructura genética de las poblaciones, discrepancia en el tamaño muestral y efectos ambientales importantes (Solé, 2009).

Para el primer caso (PPS), el estudio de comparación de medias (Cuadro 4) detectó diferencia estadística significativa a favor del alelo "B" (A = 157,4 g Vs B = 172,4 g). El estudio mostró que este QTL explica el 9% de la variación fenotípica total para el carácter, lo cual es consistente con el resultado de otros estudios que evidenciaron que los marcadores genéticos moleculares que usaron son responsables del 4,6 y 17 % de la varianza fenotípica para este rasgo (Tuiskula-Haavisto, *et al.*, 2002; Sasaki *et al.*, 2004; Boruszewska *et al.*, 2009; Uemoto *et al.*, 2009; Honkatukia, 2010; Goraga *et al.*, 2011 y Xu *et al.*, 2011a, 2011b).

Cuadro 4. Información genotípica, valores fenotípicos y porcentaje de la varianza fenotípica, asociada a los distintos marcadores genéticos moleculares para el peso acumulado del huevo durante la primera semana (PPS), en la población F_2 .

Marcador	Genotipo	Fenotipo	N	% Var
ADL0201	A	157,40 ^b	25	9,6
	B	172,42 ^a	38	

Letras diferentes dentro de la misma columna indican diferencias estadísticas significativas

Marcadores genéticos moleculares asociados al peso acumulado del huevo hasta las 40 semanas de edad (PH40)

El análisis estadístico de los datos fenotípicos recopilados para la variable peso acumulado del huevo a las cuarentas semanas de edad (PH40), mostró diferencia estadística significativa solo para el caso del marcador ADL0201 (Cuadro 5). El porcentaje de la varianza fenotípica explicada por este marcador para el peso acumulado del huevo fue de 14 %, lo cual es consistente con el resultado de otros estudios (Tuiskula-Haavisto, 2002; Sasaki, 2004; Boruszewska, 2009; Honkatukia, 2010; Goraga, 2011 y Xu, 2011a, 2011b).

Cuadro 5. Análisis de Varianza y estudios de asociación para el peso acumulado del huevo hasta las 40 semanas (PH40) en la población F_2 .

Marcador	F	Probabilidad	R ²
ADL0201	10,31	0,0002 *	0,1445
MCW0241	0,50	0,4801 ^{ns}	-----
LEI0122	2,37	0,1022 ^{ns}	-----

*: significativo, ns: no significativo.

Al igual que para los caracteres mencionados anteriormente, en este análisis tampoco se detectó efecto estadístico significativo de los marcadores genéticos MCW0241 y LEI0122 sobre el peso del huevo acumulado hasta las cuarenta semanas de edad. En este sentido, es probable que diferencias en las razas o composición genética de las aves usadas en los diferentes estudios, pueda ser la causa de las diferencias en expresión de los QTL (Khalil, 2016). Precisamente, en una revisión realizada por Goraga (2019), se reportan diferentes QTL que afectan el peso del huevo en distintas razas (Leghorn Blanco, Rode Island Red, Gallo Rojo de la Selva y Cornish).

Asimismo, señalan los mismos autores, que diferentes edades de medición de las características y diferentes estados fisiológicos, también influyen en la expresión fenotípica.

El peso del huevo acumulado hasta la semana 40 es superior para el alelo A (962,6 g) comparado con alelo B (814,96 g) (Cuadro 6).

Cuadro 6. Información genotípica, valores fenotípicos y porcentaje de la varianza fenotípica, asociada a los distintos marcadores genéticos moleculares para el peso acumulado del huevo hasta las 40 semanas (PH40) en la población F_2 .

Marcador	Genotipo	Fenotipo	N	% Var
ADL0201	A	962,69 ^a	25	14,4
	B	814,39 ^b	38	

Letras diferentes dentro de la misma columna indican diferencias estadísticas significativas

Marcadores genéticos moleculares asociados al peso acumulado del huevo entre las 41 y 60 semanas de edad (PH4160) y peso acumulado total del huevo (PTH)

Los estudios de asociación realizados entre los marcadores genéticos moleculares (ADL0201, MCW0241 y LEI0122) y el peso del huevo acumulado entre la semana cuarenta y uno y sesenta (PH4160), así como el peso acumulado total del huevo (PTH), no detectaron asociación entre los respectivos genotipos para cada marcador y los caracteres fenotípicos relacionados con la producción de huevos (Cuadros 7 y 8). El resultado es coincidente con la investigación de Bulut *et al.* (2013), quienes no encontraron asociación de los marcadores moleculares utilizados y el peso del huevo a distintas edades en la F_2 producto del cruce de las razas Denizli (raza local turca) y Leghorn Blanco. Este resultado es contrario a las observaciones de otros investigadores quienes sí detectaron diferencias estadísticas significativas entre los genotipos de los respectivos marcadores y el peso del huevo durante estas fases y, concluyeron que los marcadores considerados, explicaban una variación fenotípica del carácter que osciló entre el 4,9 % y 7,1 % durante las distintas etapas de producción (Tuiskula-Haavisto, 2002; Sasaki, 2004; Boruszewska, 2009; Honkatukia, 2010; Goraga, 2011 y Xu, 2011a, 2011b).

Cuadro 7. Análisis de Varianza y estudios de asociación para el peso acumulado del huevo entre las 41 y 60 semanas (PH4160) en la población F_2 .

Marcador	F	Probabilidad
ADL0201	0,00	0,9508 ^{ns}
MCW0241	2,96	0,0925 ^{ns}
LEI0122	1,75	0,1862 ^{ns}

ns: no significativo.

Cuadro 8. Análisis de Varianza y estudios de asociación para el peso acumulado total del huevo (PTH) en la población F_2 .

Marcador	F	Probabilidad
ADL0201	1,43	0,2385 ^{ns}
MCW0241	0,03	0,8617 ^{ns}
LEI0122	1,73	0,1896 ^{ns}

ns: no significativo.

El rendimiento uniforme de los distintos genotipos de los marcadores genéticos respecto al peso del huevo, es un indicador de que las regiones cromosómicas consideradas en este estudio, no poseen para esta población, una combinación particular de genes que pueda conferir una ventaja productiva a un genotipo durante esta etapa de producción.

Por otra parte, es probable que, para esta población las regiones cromosómicas que causan la expresión fenotípica estén desactivadas. Esta teoría se puede sustentar en los resultados de Rowland *et al.* (2019) quienes detectaron una expresión diferencial de los QTL, según influencia de la temperatura ambiental (tratamiento térmico) y la edad de la gallina.

Para el peso del huevo en las distintas fases de producción se estimaron índices de herencia de baja y mediana magnitud (Cuadro 9); los coeficientes de repetibilidad también arrojaron valores bajos y moderados los cuales son consistentes con los índices de herencia observados.

Cuadro 9. Índices de herencia (h^2) y coeficientes de repetición (r) para peso del primer huevo (PPH), peso promedio del huevo a las 40 semanas (PH40) y peso final promedio del huevo (PTH).

Carácter	Parámetros genéticos	
	h^2 (ee)+	r
PPH	0,11 (0,1)	0,17
PH40	0,13 (0,01)	0,16
PTH	0,32 (0,00)	0,41

*ee: error estándar

Los valores de h^2 encontrados hasta la semana 40 de edad, son inferiores a los reportados por la literatura (Pourtahmasebian, 2015; Ni, 2023). Sin embargo, para el peso al final del periodo, la heredabilidad es similar al reporte de Mohmmmed y Hani (2019). Por tal motivo, es necesario aclarar que los parámetros genéticos son característicos de cada población, y dependen de la composición genética de cada agrupación; además, que la estructura de los datos y los modelos matemáticos utilizados suelen ser diferentes; por tal motivo, es de esperar que algunas divergencias se observen entre las distintas investigaciones.

Asimismo, es de resaltar que, se espera respuesta favorable a la selección sobre todo en las edades avanzadas de las gallinas, tal y como lo evidencian los índices de herencia directo (genes de efecto aditivo).

La repetibilidad en las edades menores es baja, como es de esperarse, para luego incrementar paulatinamente. Para el peso final, el valor de repetibilidad se asemeja al señalado por Mohmmmed y Hani (2019); señalando además que, en la medida que este índice se incremente, aumentará de la misma manera la precisión de la estimación del comportamiento futuro de los animales.

Por otra parte, la correlación genética estimada entre el peso del primer huevo (PPH) y el peso final del huevo (PFH) fue alta y positiva (0,57; $P < 0.05$); lo que coincide con los hallazgos de Pourtahmasebian (2015) y Ni *et al.* (2023). El comportamiento observado, indica que ambos caracteres son controlados en gran medida por el mismo grupo de genes o genes que se encuentran en el mismo grupo de ligamiento.

En todo caso, la selección para peso a una de las edades consideradas, ocasionará que se incremente el peso del huevo en las otras mediciones.

Por otra parte, el coeficiente de regresión lineal resultó en $b = 0,36$; indicando un incremento de 0,36 g en el peso del huevo al final del ciclo de producción, por cada gramo adicional que pese el primer huevo.

CONCLUSIONES

Los valores para peso del huevo encontrados en el presente trabajo para distintas edades de las gallinas, son similares a reseñados en la literatura para genotipos criollos y locales de América y de otras partes del mundo. Se observó, y como era de esperar, que a medida que las gallinas incrementan su edad, el peso del huevo es mayor. Por otra parte, de los QTL analizados para esta población, solo la región contigua al marcador ADL0201 mostró influencia sobre los caracteres analizados; sin embargo, la baja proporción de la variación explicada por el mismo, probablemente no justifique su inclusión en los programas de selección. En este sentido, los valores medios para los índices de herencia, sobre todo al final período de postura, pueden justificar el diseño y aplicación de un programa de selección para incrementar el peso del huevo.

AGRADECIMIENTOS

Al Instituto de Producción Animal de la Facultad de Agronomía (UCV), al Laboratorio de Genética Molecular (CIBA – UCV) y el Laboratorio de Biotecnología Agrícola (INIA – CENIAP).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Arcia, J.; R. Galíndez; O. De La Rosa; L. Angulo; A. Márquez. 2024. Loci de caracteres cuantitativos y su asociación con la producción de huevos en gallinas cruzadas IPA x FAGRO. *Revista de la Universidad del Zulia* 42: 337 – 352. Disponible en: <https://www.produccioncientificaluz.org/index.php/rluz/article/view/41362/47683>. [Consultado: 12/02/2023].
- Boldman, K.; L. Kriese; L. Van Vleck; C. Van Tassel; S. Kachman. 1995. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variance and covariances [Draft]. U.S. Department of Agriculture, Agriculture Research Service. 114 p.
- Boruszewska, K.; M. Łukaszewicz; G. Zięba; A. Witkowski; J. Horbańczuk; K. Jaszczak. 2009. Microsatellite markers may be ineffective in selection of laying hens for polygenic production traits. *Poult. Scien.* 88:932–937. Disponible en: <https://doi.org/10.3382/ps.2008-00445>. [Consultado: 20/01/2024].
- Bulut Z.; E. Kurar; Y. Ozsensoy; M. Nizamlioglu; M. Garip; A. Yilmaz; T. Caglayan; S. Dere; V. Kurtoglu; M. Dogan. 2013. Determination of chromosomal regions affecting body weight and egg production in Denizli X White Leghorn F2 populations. *Eurasian J. Vet. Sci.* 29(1): 30-38. Disponible en: https://eurasianjvetsci.org/pdf/pdf_EJVS_983.pdf. [Consultado: 20-01-2024].
- Camp, C.; A. Cox. 2002. *QTL Analysis in Livestock. Quantitative Trait Loci: Methods and Protocols.* Humana Press, Inc., Totowa, NJ. 376 p.
- Cheng, H.; L. Crittenden. 1994. Microsatellite markers for genetic mapping in the chicken. *Poult. Scien.* 73 (4): 539–546. Disponible en: [DOI: 10.3382/ps.0730539](https://doi.org/10.3382/ps.0730539). [Consultado: 08/08/2022].
- Crooijmans, R.; P. Van Oers; J. Strijk; J. Van der Poel; M. Groenen. 1996. Preliminary linkage map of the chicken (*Gallus domesticus*) genomic based on microsatellite markers: 77 news markers mapped. *Poult. Scien.* 75: 746 – 754. Disponible en: [DOI: 10.3382/ps.0750746](https://doi.org/10.3382/ps.0750746). [Consultado: 25/05/2022].

- Das, A.; M. Das; M. Islam; M. Moksedul; O. Faruk. 2018. Genetic and phenotypic parameter estimates for body weight and egg production at sexual maturity in Hilly×Fayoumi crossbred chickens. *Asian J. Med. Biol. Res.* 2018, 4 (2), 186-192. Disponible en: <https://www.ebupress.com/journal/ajmbr/wp-content/uploads/sites/2/2018/09/26.pdf>. [Consultado: 29/03/2024].
- De La Rosa, O.; Márques, A.; Vásquez, B.; Seijas, G.; Dickson, L. 2013. Optimización de un protocolo para aislamiento de ADN a partir de sangre periférica en bovinos. 2do Congreso Venezolano de Ciencia, Tecnología e Innovación. LOCTI - PEII, Caracas, Venezuela. Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/259292312_Optimizacion_de_un_protocolo_para_aislamiento_de_ADN_a_partir_de_sangre_periferica_en_bovinos. [Consultado: 14/10/2021].
- FAO. 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. No. 9. Rome. Disponible en: <http://www.fao.org/docrep/014/i2413e/i2413e00.htm>. [Consultado: 08/01/2021].
- Galíndez, R.; L. Duarte. 2020. Heterosis para el desempeño productivo en el cruce de gallinas FAGRO y Maracay en la fase inicial de postura. *ALPA* 28 (3 – 4): 181 – 188. Disponible en: https://ojs.alpa.uv/index.php/ojs_files/article/view/2797/1299. [Consultado: 10/02/2024].
- Galíndez, R.; J. Hernández. 2020. Caracterización del inicio de postura y asociación entre producción parcial y total en cuatro razas de gallinas criollas venezolanas. *Rev. Fac. Agron. (UCV)* 46: 12 – 22. Disponible en: http://saber.ucv.ve/ojs/index.php/rev_agro/article/view/25796/144814491804. [Consultado: 10/02/2024].
- Galíndez, R.; F. Mejías. 2023. Rasgos productivos de gallinas cruzadas GDB x Maracay y su recíproco en el estado Bolívar, Venezuela. *Revista de la Universidad del Zulia* 40: 146 – 160. Disponible en: <https://produccioncientificaluz.org/index.php/rluz/article/view/40060/45431>. [Consultado: 10/02/2024].
- Galíndez, R., I. Peña; A. Albarrán; J. Prospert. 2012. Producción de huevos y fertilidad en cuatro líneas de gallinas reproductoras venezolanas. *Rev. Fac. Agron. (UCV)* 38(3): 123-131. 2012. Disponible en: http://saber.ucv.ve/ojs/index.php/rev_agro/article/view/5904/5698. [Consultado: 22/08/2022].
- Galíndez, R.; I. Peña; A. Albarrán; J. Prospert, J. 2014. Peso e indicadores de calidad interna del huevo de cuatro razas de gallinas reproductoras venezolanas. *Zootecnia Tropical*. 32 (2): 207-215. Disponible en: <http://www.publicaciones.inia.gob.ve/index.php/zootecniatropical/article/view/450/349>. [Consultado: 01/05/2023].
- Gibbs, M.; D. Dawson; C. McCamley; A. Wardie; T. Burke; J. Armour; T. Burke. 1997. Chicken microsatellite marker isolate from libraries enriched for simple tandem repeats. *Anim. Genet.* 28:401 - 417. Disponible en: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1997.00184.x>. [Consultado: 25/11/2021].
- Goraga, Z. 2019. Quantitative trait loci (QTL) and genetic parameters for economically important traits in chicken – A review. *J. Sci. Agric.* 3: 51-59. Disponible en: <https://updatepublishing.com/journal/index.php/jsa/article/view/5455/5002>. [Consultado: 23/07/2020].
- Goraga, Z.; M. Nassar; G. Brockmann. 2011. Quantitative trait loci segregating in crosses between New Hampshire and White Leghorn chicken lines: I. egg production traits. *Anim. Genet.* 43: 183–189. Disponible en: <https://www.animalgenome.org/QTLdb/references/22404354.pdf>. [Consultado: 10/06/2018].

- HG (Hendrix Genetics). 2020. Guía de nutrición, versión L0209-03. Ponedoras. Villa 'de Körver' The Netherlands. Disponible en: https://layinghens.hendrixgenetics.com/documents/1130/Nutrition_Guide_Spanish_vs3.pdf. 52 p. [Consultado: 10/02/2024].
- Honkatukia, M. 2010. Molecular genetics of chicken egg quality. Doctoral dissertation. MTT Scien. 14. Disponible en: <https://orgprints.org/id/eprint/18183/1/Honkatukia.pdf>. [Consultado: 10/06/2018].
- Khalil, M.; M. Iraqi; G. El-Moghazy; M. Abdel. 2016. QTL and chromosomal mapping for growth and egg performance in chickens: Applications and emphasis of results in Egypt. 3rd International Conference on Biotechnology Applications in Agriculture (ICBAA), Benha University, Moshtohor and Sharm El-Sheikh, 5-9 April 2016, Egypt. Disponible en: <https://www.researchgate.net/publication/301764852>. [Consultado: 10/02/2024].
- Mohammed, S.; N. Hani. 2019. Genetic and non-genetic parameters for egg production traits of two Iraqi local chicks. *Plant Archives* 19(Supplement 2): 590-593. Disponible en: [https://www.plantarchives.org/SPL%20ISSUE%20SUPP%202,2019/103%20\(590-593\).pdf](https://www.plantarchives.org/SPL%20ISSUE%20SUPP%202,2019/103%20(590-593).pdf). [Consultado: 10/02/2024].
- Ni, A.; M. Calus; H. Bovenhuis; J. Yuan; Y. Wang; Y. Sun; J. Chen. 2023. Genetic parameters, reciprocal cross differences, and age related heterosis of egg-laying performance in chickens. *Genetic Selection Evolution* 55: 2-18. Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s12711-023-00862-7>. [Consultado: 15/01/2024].
- Pourtahmasebian, M. 2015. Heritabilities and genetic correlations for egg weight traits in Iranian fowl by multi trait and random regression models. *Int. J. Adv. Biol. Biom. Res.* 3(2): 108-111. Disponible en: https://www.ijabbr.com/article_12770_ab3411d6041e13781365288fa1bcd4e5.pdf. [Consultado: 10/02/2024].
- Rowland, K.; C. Ashwell; M. Persia; M. Rothschild; C. Schmidt; S. Lamont. 2019. Genetic analysis of production, physiological, and egg quality traits in heat-challenged commercial white egg-laying hens using 600k SNP array data. *Genet. Sel. Evol.* 51:31. Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s12711-019-0474-6>. [Consultado: 08/08/2022].
- Sasaki, O.; S. Odawara; H. Takahashi; K. Nirasawa; Y. Oyamada; R. Yamamoto; K. Ishii; Y. Nagamine; H. Takeda; E. Kobayashi; T. Furukawa. 2004. Genetic mapping of quantitative trait loci affecting body weight, egg character and egg production in F2 intercross chickens. *Anim. Genet.* 35: 188-194. Disponible en: <https://www.animalgenome.org/QTLdb/references/15147389.pdf>. [Consultado: 08/08/2022].
- Solé, M. 2009. Estudio de QTL y expresión génica para caracteres relacionados con la calidad de la carne en porcino. Máster en Mejora Genética Animal y Biotecnología de la Reproducción. Universidad Politécnica de Valencia. España. 69 p. Disponible en: <https://riunet.upv.es/bitstream/handle/10251/12748/TESINA%20COMPLETA%20FINAL.pdf?sequence=1&isAllowed=y>. [Consultado: 01/07/2024].
- Tuiskula-Haavisto, M.; M. Honkatukia; J. Vilkki; D. de Koning. 2002. Mapping of quantitative trait loci affecting quality and production traits in egg layers. *Poult. Scien.* 81: 919-927. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0032579119436717>. [Consultado: 08/08/2022].
- Uemoto, Y.; S. Suzuki; S. Sato; T. Sato; O. Ohtake; H. Sasaki; H. Takahashi; E. Kobayashi. 2009. Polymorphism of the ovocalyxin-32 gene and its association with egg production traits in the chicken. *Poult. Scien.* 88: 2512-2517. Disponible en: <https://doi.org/10.3382/ps.2009-00331>. [Consultado: 08/08/2022].

USICLIMA. 2023. Resumen de datos mensuales. Servicio de Climatología Agrícola. Facultad de Agronomía-UCV. Versión digital (CD).

WingChing -Jones, R.; R. Zamora; S. Chavarría. 2023. Calidad del huevo y comportamiento productivo de gallinas ponedoras ISA Brown con acceso a pastoreo. *Agron. Mesoam.* 34(2): artículo 51511. Disponible en: <https://revistas.ucr.ac.cr/index.php/agromeso/article/view/51511/54733>. [Consultado: 10/02/2024].

Xu, H.; Z. Hua; L. Chenglong; Z. Dexiang; W. Qian; S. Liang; Y. Lishan; Z. Min; N. Qinghua; Z. Xiquan. 2011a. Genetic effects of polymorphisms in candidate genes and the QTL region on chicken age at first egg. *BMC Genet.* 12:33. Disponible en: <http://www.biomedcentral.com/1471-2156/12/33>. [Consultado: 08/08/2022].

Xu, H.; H. Zeng; D. Zhang; X. Jia; C. Luo; M. Fang; Q. Nie; X. Zhang. 2011b. Polymorphisms associated with egg number at 300 days of age in chickens. *GMR Research* 10 (4): 2279-2289. Disponible en: <https://doi.org/10.4238/2011.october.3.5>. [Consultado: 08/08/2022].