

### **Comparación de modelos unicarácter y bicarácter en la evaluación genética de dos variables reproductivas en conejos para carne**

Eduardo Néstor Fernández<sup>1-3\*</sup>, Cintia Pamela González<sup>1</sup>, María Soledad Rovegno<sup>2</sup>, Nidia Nora Abbiati<sup>2-3</sup>, Enrique Rubén Genero<sup>1-3</sup>, Rubén Darío Martínez<sup>1-3</sup>

<sup>1</sup> Cátedra de Mejora y Conservación de Recursos Genéticos FCA-UNLZ, <sup>2</sup>de Biometría FCA-UNLZ, <sup>3</sup> IIPAAS. \* E-mail: ednfer@yahoo.com

#### **Resumen**

Los modelos mixtos constituyen la herramienta estadística más empleada para la predicción de los valores genéticos de los animales. En estas evaluaciones pueden emplearse modelos que analizan un carácter por vez o varios simultáneamente. En este trabajo se evaluaron las consecuencias, en términos de exactitud y estabilidad de las predicciones derivadas de la evaluación simultánea de los caracteres Nacidos Totales y Número de Destetados en una línea de conejos, respecto a la evaluación individual. Con el análisis conjunto se obtuvo mayor exactitud para el carácter Número de Destetados. La correlación de Spearman entre los ordenamientos de las predicciones de ambos modelos fue alta en ambos caracteres, aunque mayor para Nacidos Totales.

**Palabras Claves:** modelos mixtos, modelo unicarácter, modelo bicarácter, conejos.

#### **Abstract**

The mixed models constitute the most used statistical tool for predicting the genetic values of animals. In these evaluations you can use models that analyze one character at a time or several simultaneously. In this work, the consequences in terms of accuracy and stability of the predictions of simultaneously assessing the Total Born and Number of Weaned Number characters in a line of rabbits were evaluated, with respect to doing it individually. With the joint analysis, greater accuracy was obtained for the Number of Weaned Character. The Spearman correlation between the orderings of the predictions of both models was high in both characters, although higher for Total Born.

**Key words:** mixed models, single-trait model, bi-trait model, rabbits

#### **Introducción**

## INVESTIGACIÓN

Fernández *et al.*

Comparación de modelos [...]

El conejo es una especie animal con alta eficiencia reproductiva (Rosell, 2000) que provee una carne con alto contenido proteico, adecuada proporción de ácidos grasos insaturados y bajos porcentajes de grasa y colesterol. El aumento del conocimiento de los consumidores sobre el vínculo entre dieta y salud, sumado a las excelentes propiedades nutricionales y dietéticas de la carne de conejo (Dalle Zotte y Szendrő, 2011) y la relativa baja inversión que implica iniciar su producción, proporcionan un marco interesante para el desarrollo de la cunicultura.

Con el objeto de producir material genético y difundirlo a los productores, se crearon numerosos programas de mejora a nivel mundial. Los primeros comenzaron en el INRA de Francia en los años 70 y le siguieron en España los de la Universidad Politécnica de Valencia (UPV) y los del IRTA de Cataluña (Blasco, 2002). Tradicionalmente, el esquema de mejora se basa en el cruzamiento de dos líneas maternas, seleccionadas por caracteres reproductivos, para luego aparear estas hembras cruza con machos provenientes de líneas paternas, seleccionadas por caracteres de crecimiento (Matheron y Rouvier, 1977; Rochambeau, 1988; Blasco, 1996; Baselga, 2004; Antonini y Cordiviola, 2010; Lavara *et al.*, 2011). En cada una de estas etapas, un aspecto crítico es la elección de los animales que forman parte de las líneas y que serán empleados como reproductores, para lo cual es necesario predecir el valor genético de cada uno de los animales candidatos.

El valor genético de un animal puede dividirse en dos componentes: la componente aditiva o valor genético aditivo (valor de cría) y la no aditiva, representada por la dominancia y la epistasis (Falconer y Mackay, 1996). El valor promedio de la descendencia de un animal, como desvío de la media poblacional, depende del valor de cría y, por lo tanto, sobre esta componente se ha centrado el interés de predicción en las evaluaciones genéticas. Las componentes genéticas aditivas de dos caracteres pueden estar correlacionadas debido a acciones pleiotrópicas o al ligamiento entre genes (Falconer y Mackay, 1996). La correlación genética entre caracteres tiene implicancias en los procesos de selección (posibilitando una respuesta indirecta) y en las evaluaciones genéticas (incrementando la información en cada uno de los caracteres correlacionados). Un objetivo común en el desarrollo de líneas maternas de conejos es el relacionado con el tamaño de camada, siendo los criterios de selección más importantes el tamaño de camada al nacimiento (NT: nacidos totales) y al destete (ND: número de destetados) (Argente *et al.*, 1997; Baselga *et al.*, 2003). La determinación del valor genético de los animales para estas características constituye un aspecto crucial para el desarrollo de programas de mejora de conejos para carne (Ragab y Baselga, 2011). Actualmente, la metodología más difundida para la predicción de valores genéticos es la de modelos mixtos (MM) (Henderson, 1975), que permite estimar de manera simultánea efectos fijos (efectos ambientales sistemáticos que afectan al carácter) y aleatorios (como el valor genético aditivo y el efecto permanente de un animal en sucesivas mediciones, entre otros). Esta metodología es conocida también como BLUP, aludiendo a las propiedades estadísticas de los predictores (siglas en inglés de Predicción Lineal Insesgada de Mínima Varianza). La predicción de los valores genéticos aditivos mediante MM, puede ser unicarácter (MM-U), cuando la evaluación se realiza solo para un carácter, o multicarácter (MM-M), cuando se predice para varios simultáneamente. En principio, la segunda alternativa tiene la ventaja de aumentar la cantidad de información cuando los caracteres presentan correlación genética, lo que permitiría aumentar la exactitud de las predicciones (Mrode, 2014). La exactitud, que depende de la varianza del error de predicción (VEP), se

calcula de manera exacta o aproximada a partir de las ecuaciones del MM empleado en la evaluación genética (Gorjanc *et al.*, 2015).

El objetivo de este trabajo fue comparar modelos MM-U y MM-M en la evaluación genética de dos caracteres reproductivos de conejos (NT y ND), en términos de exactitud y ordenamiento de las predicciones.

## Materiales y Métodos

### Material Animal

Los datos analizados provienen de la línea materna A, fundada a partir de 1976 en el departamento de Ciencia Animal de la UPV, España. Esta línea fue seleccionada por ND, sin superposición de generaciones. Dado que se ha mantenido cerrada desde su origen, se evitaron apareamientos entre animales con abuelos comunes y se utilizó una proporción de machos elevada, a los efectos de minimizar el incremento de la consanguinidad. Los datos analizados abarcaron el período comprendido entre los años 1980 y 2009. Se dispuso de una base de datos con 15671 registros para los caracteres NTy ND,provenientes de 4853 conejas y de una genealogía de 5668 animales que abarcaron 38 generaciones.

### Modelos

Los caracteres NT y ND fueron analizados por modelos MM-U y MM-M (modelos unicarácter y bicarácter, respectivamente). En todos los casos se emplearon MM que incluyeron como efectos fijos el estado fisiológico de la hembra al momento del apareamiento (EF) con 5 niveles (nulípara, primípara lactante, primípara no lactante, múltipara lactante y múltipara no lactante) y el coeficiente de consanguinidad de las conejas (F) como co-variable. Como efectos aleatorios, se consideraron el año-estación (ae) con 114 niveles, el valor genético aditivo de los animales (a), el efecto permanente de la hembra (p) y el error del modelo (e). Para los efectos aleatorios se consideraron distribuciones normales. En los modelos MM-U se consideró la siguiente matriz de covarianzas:

$$Var \begin{bmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{p} \\ \mathbf{ae} \\ \mathbf{e} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathbf{A}\sigma_{a_i}^2 & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{I}\sigma_{p_i}^2 & \mathbf{0} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{I}\sigma_{ae_i}^2 & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbf{I}\sigma_{e_i}^2 \end{bmatrix}$$

Donde **A** es la matriz de relaciones genéticas aditivas de Wright (Faux y Gengler, 2014), **I** la matriz identidad y  $\sigma_{a_i}^2, \sigma_{p_i}^2, \sigma_{ae_i}^2$  y  $\sigma_{e_i}^2$ , las varianzas: genética aditiva, permanente, del año-estación y del error para el i-ésimo carácter (NT o ND), respectivamente. El modelo MM-M incluye, además, las covarianzas genéticas aditivas de año-estación, de efectos permanentes y de errores, entre los caracteres NT y ND. Los componentes de varianza fueron estimados mediante Máxima Verosimilitud Restringida (REML) con el algoritmo Average Information (AI).

**Criterios de comparación entre modelos**

Para los animales de las dos últimas generaciones, los modelos MM-U y MM-M fueron comparados en base a dos criterios. Por un lado, se compararon los ordenamientos de los valores genéticos aditivos estimados y por otro, los modelos se contrastaron en relación con la exactitud de las predicciones. Para el primer criterio se empleó la correlación de Spearman sobre las predictores lineales o EBLUPS de ambos modelos, según carácter. En el caso del segundo criterio, en cada modelo se calculó la exactitud de predicciones teniendo en cuenta la VEP y la estimación de la varianza aditiva, ajustada por consanguinidad (Gorjanc *et al.*, 2015).

Para la estimación de los EBLUP y las varianzas empleando MM-U y MM-M se utilizó el programa BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2018) y para el resto de los análisis, el software SAS (SAS, 2016).

**Resultados**

A efectos descriptivos, en la Tabla 1 se presentan los estadísticos básicos para las variables NT y ND considerando todas las generaciones.

**Tabla 1.** Estadísticos descriptivos para las variables Nacidos Totales y Número de destetados en la línea A.

Carácter	Número de registros	Media	Moda	EE	CV
Nacidos Totales	15861	8,72	9	0,022	32,17
Número de destetados	15861	7,13	8	0,023	41,28

EE: Error Estándar; CV: Coeficiente de variación

En la Tabla 2 se muestran las estimaciones para el efecto fijo Estado Fisiológico cuando se emplean los MM-U y MM-M de los caracteres NT y ND. Puede observarse que las estimaciones, en general, sólo se diferencian a partir del segundo decimal en ambos modelos.

**Tabla 2.** Estimaciones y errores estándares para los estados fisiológicos en ambos modelos y caracteres

Modelo	Unicarácter				Bicarácter			
	NT		ND		NT		ND	
	Estimación	EE	Estimación	EE	Estimación	EE	Estimación	EE
Estado Fisiológico								
Nulípara	6,405	0,175	4,776	0,170	6,393	0,175	4,749	0,169
Primípara lactante	7,322	0,178	5,576	0,173	7,314	0,178	5,556	0,173
Múltipara lactante	7,143	0,176	5,266	0,171	7,135	0,176	5,259	0,170
Primípara no lactante	7,525	0,189	5,503	0,186	7,516	0,189	5,484	0,186
Múltipara no lactante	7,413	0,182	5,493	0,178	7,404	0,182	5,497	0,178

NT: Nacidos totales; ND: Número de destetados; EE: Error Estándar

## INVESTIGACIÓN

Fernández *et al.*

Comparación de modelos [...]

Considerando intervalos de confianza para las medias con una confianza del 95%, en NT y para ambos modelos, solo se diferencia el estado nulípara del resto. En el caso de ND, en ambos modelos, los estados nulípara y múltipara lactante no se diferencian entre sí, pero sí lo hacen las nulíparas de las múltiparas no lactantes, primíparas no lactantes y primíparas lactantes. En cuanto a la depresión endogámica, las estimaciones puntuales fueron siempre negativas, aunque bajas y con errores estándares altos en relación con su magnitud. Para los modelos MM-U y MM-M, las depresiones fueron: -1,81 ( $\pm 1,61$ ) y -1,54 ( $\pm 1,61$ ) para NT y de -1,85 ( $\pm 1,46$ ) y -1,97 ( $\pm 1,46$ ) para ND. En el caso de ND, en el modelo MM-M arrojó una estimación más negativa, contrariamente a lo sucedido con NT.

La Tabla 3 presenta las estimaciones de las varianzas de los efectos aleatorios del modelo y de la heredabilidad, para NT y ND tanto en MM-U como en MM-M.

**Tabla 3.** Estimación de componentes de varianza y de la heredabilidad en ambos modelos para Nacidos totales y Número de destetados

Modelo	Unicarácter				Bicarácter			
	NT		ND		NT		ND	
	Estimación	EE	Estimación	EE	Estimación	EE	Estimación	EE
Efecto Aleatorio y heredabilidad								
Año -Estación	0,086	0,020	0,123	0,026	0,086	0,020	0,123	0,026
Permanente	0,763	0,085	0,675	0,084	0,758	0,085	0,619	0,083
Aditivo	0,678	0,097	0,460	0,082	0,686	0,097	0,481	0,082
Error	5,575	0,073	6,573	0,087	5,575	0,073	6,603	0,087
Heredabilidad	0,096	0,013	0,059	0,010	0,097	0,013	0,061	0,010

NT: Nacidos totales; ND: Número de destetados; EE: Error Estándar

Las estimaciones de las varianzas y heredabilidades resultaron similares para ambos tipos de modelos. La heredabilidad de ND fue menor a la de NT, hecho básicamente atribuido a que presentó una menor varianza aditiva y una mayor varianza del error. El coeficiente de repetibilidad para NT y ND resultó similar en ambos tipos de modelos con valores de 0,20 y 0,14, respectivamente. Para el modelo MM-M, las correlaciones genéticas y de errores, entre NT y ND fueron 0,82 y 0,66, respectivamente.

En la Tabla 4 se presentan los estadísticos básicos para la exactitud promedio de las generaciones 36 y 37 en ambos modelos. Puede observarse que la exactitud aumentó en el análisis bicarácter para ND, manteniéndose constante en NT. La variabilidad en torno a la media es mayor en ND y disminuye levemente con el modelo bicarácter en ambos caracteres.

**Tabla 4.** Exactitud según modelo y carácter como promedio de las últimas 2 generaciones

Modelo	Carácter	Número de registros	Media	Moda	EE	CV
MM-U	NT	225	0,51	0,47	0,003	8,88
	ND	225	0,39	0,35	0,003	13,27
MM-M	NT	225	0,51	0,47	0,003	8,80
	ND	225	0,43	0,39	0,003	11,12

MM-U: modelo mixto unicarácter; MM-M: modelo mixto bicarácter; NT: Nacidos totales; ND: Número de destetados; EE: Error Estándar; CV: coeficiente de variación.

## INVESTIGACIÓN

Fernández *et al.*

Comparación de modelos [...]

El coeficiente de correlación de Spearman de los EBLUPS entre ambos modelos en cada uno de los caracteres, como promedio de las últimas dos generaciones, difirió entre ellos. Si bien las correlaciones son altas, fue mayor en NT (0,99) que en ND (0,96). Esta diferencia evidencia que los ordenamientos al comparar ambos modelos son más estables en NT que en ND.

### Discusión

El incremento de la consanguinidad es mencionado en la literatura como causal de efectos negativos en varias especies de interés zootécnico. En gallinas White Leghorn el incremento de la consanguinidad redujo el número de huevos y retrasó la madurez reproductiva (Sewalem *et al.*, 1999); en las razas bovinas Holstein y Jersey de producción lechera, se determinó que un aumento del 1% en la consanguinidad, redujo la media de los litros de leche, contenido de grasa y proteína en un 0,4 a 0,6% (Pryce *et al.*, 2014); en cerdos, Rodrigáñez *et al.* (1998) informaron que un aumento del 10% de la consanguinidad, redujo en 0,27 y 0,39 la media para NT y nacidos vivos (NV). En conejos, el efecto de la depresión fue estudiado por varios autores. Ferraz *et al.* (1991) determinaron, para las razas Neozelandesa y Californiana, que el aumento de la consanguinidad de las madres afectó negativamente los caracteres relacionados al tamaño de camada y el peso de la camada al destete. En conejos de la raza Botucatu se observó una asociación lineal negativa del coeficiente de consanguinidad de las madres con los caracteres NV y ND, reduciéndose en 0,805 los gazapos nacidos y 0,589 los gazapos destetados por cada 10% de aumento de consanguinidad (Moura *et al.*, 2000). En el caso de la línea A, nuestros resultados muestran que, si bien las estimaciones fueron negativas siempre los errores estándares altos nos imposibilitan afirmar la presencia de un efecto negativo de la consanguinidad sobre NT y ND cuando se estiman para cada carácter por separado o simultáneamente. Ragab y Baselga (2010, 2011) en un estudio que contempló cuatro líneas (incluyendo la A) e incluyó los caracteres NT y ND, estimaron efectos menores de la depresión consanguínea que en nuestro trabajo. Una teoría que podría explicar esta falta de efecto negativo de los niveles de la consanguinidad sobre los caracteres es la de la purga genética (Leberg y Firmin, 2008). Esta teoría se basa en la reducción de la frecuencia de alelos desfavorables en estado homocigota, por efectos de la selección.

En cuanto a la estimación de componentes de varianza y parámetros genéticos (y sus errores estándares), en este trabajo no hemos encontrado diferencias sustanciales en ambos tipos de modelos en los caracteres NT y ND. En tal sentido, Mantovani *et al.* (2008), compararon las estimaciones de la heredabilidad para NT y NV en la línea sintética CPC-Italy empleando modelos unicarácter y multicarácter, obteniendo estimaciones similares, del orden de 0,08 y 0,05, para dichos caracteres, respectivamente. Un resultado similar fue obtenido por Nagy *et al.* (2014) en la línea sintética de conejos Pannon Ka. Como era de esperarse, la heredabilidad para NT fue mayor que para ND. Las estimaciones de la heredabilidad en caracteres de prolificidad son variables en la bibliografía y mucha de esta variación puede ser explicada por diferencias en las componentes de los modelos de evaluación. Estimaciones superiores a las encontradas aquí, fueron reportadas por otros autores (Baselga *et al.*, 2003; Ragab y Baselga, 2011). En estos trabajos, que incluyeron a la línea A, el año-estación fue considerado como un efecto fijo y se sobreestimaron las estimaciones (Fernández *et al.*, 2017). Blasco *et al.* (2005) obtuvieron estimaciones para NT, comparables con las

## INVESTIGACIÓN

Fernández *et al.*

Comparación de modelos [...]

obtenidas aquí, para las líneas A y V con modelos donde el efecto año- estación fue aleatorio. Algunas líneas de conejos han manifestado heredabilidades en caracteres reproductivos inferiores a las del presente trabajo. Un ejemplo fueron las líneas H, con estimaciones de 0,06 y 0,01 para NT y ND, respectivamente (Fernández, 2016).

La ventaja de emplear modelos multivariados se basa en el uso de la correlación genética entre caracteres, aumentándose así la exactitud de las predicciones EBLUP. La estimación de la correlación genética en el presente trabajo fue similar a la encontrada por García y Baselga (2002). La ganancia en exactitudes es mayor cuando la diferencia entre las correlaciones genéticas y residuales es grande y también cuando la diferencia entre heredabilidades es importante (Schaeffer, 1984; Thompson y Meyer, 1986). En nuestro caso, la diferencia entre correlaciones fue de 0,15, resultando en un aumento de la exactitud, promedio de las últimas dos generaciones, del 10% promedio para ND, a favor del modelo multicarácter. La estabilidad de los ordenamientos de los EBLUP entre los modelos unicarácter y bicarácter para NT, fue muy alta en términos del coeficiente de correlación de Spearman. En el caso de ND y bajo el mismo criterio, esta estabilidad fue menor, lo que indicaría algún potencial reordenamiento de los individuos *rankeados* por sus EBLUP. En la comparación de modelos, diferenciados por sus componentes, Nagy *et al.* (2014) notaron que la correlación entre los EBLUP de dichos modelos fue menor cuando los caracteres se analizaron de manera multicarácter, atribuyendo este hecho a la cantidad de registros analizados.

### Consideraciones finales

En este trabajo hemos mostrado que en la evaluación conjunta de los caracteres NT y ND en la línea A, las predicciones mejoran en su exactitud en el último carácter, ND, que claramente depende de NT pues nunca puede superarlo. Se recomienda entonces que, para la predicción de ND en la línea A, se emplee un modelo mixto bivariado que incluya el carácter NT.

### Agradecimientos

Al departamento de Ciencia Animal de la Universidad Politécnica de Valencia, por permitirnos utilizar la base de datos. Un reconocimiento especial para Agustín Blasco y Manuel Baselga.

### Bibliografía

Antonini, A.G., Cordiviola, C. 2010. Mejoramiento genético en conejos para carne (*Oryctolagus cuniculus*). J. Basic Appl. Genet., 21(2): 1-7.

Argente, M.J., Santacreu, M.A., Climent, A., Bolet, G., Blasco, A. 1997. Divergent selection for uterine capacity in rabbits. J. Anim. Sci., 75(9):2350-2354.

Blasco, A. 1996. Genetics of litter size and does fertility in the rabbit. En: Proc. 6th World Rabbit Congr., Toulouse, France. 2: 219-227.

## INVESTIGACIÓN

Fernández *et al.*

Comparación de modelos [...]

Blasco, A. 2002. La mejora genética del conejo en España en los últimos 25 años. En: XXVII Symposium de Cunicultura, Reus, España.

Blasco, A., Ortega, J.A., Climent, A., Santacreu, M.A. 2005. Divergent selection for uterine capacity in rabbits. I. Genetic parameters and response to selection. *J. Anim. Sci.*, 83(10):2297-2302.

Baselga, M., García, M.L., Sánchez, J.P., Vicente, J.S., Lavara, R. 2003. Analysis of reproductive traits in crosses among maternal lines of rabbits. *Anim.Res.*, 52(5): 473-479.

Baselga, M. 2004. Genetic improvement of meat rabbits. Programmes and diffusion. En: Proc. 8th World Rabbit Congr., Puebla, Mexico. 1-13.

DalleZotte, A., Szendrő, Z. 2011. The role of rabbit meat as functional food. *Meat Sci.*, 88(3): 319-331.

Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed. Longman Scientific & Technical, Burnt Mill, Harlow, England.

Faux, P., Gengler, N. 2014. A review of inversion techniques related to the use of relationship matrices in animal breeding. *Biotechnol. Agron. Soc. Environ.*, 18(3): 397-406.

Fernández, E.N. 2016. Estimación de efectos genéticos aditivos y no aditivos en líneas maternas de conejos. Tesis Doctoral. Departamento de Ciencia Animal Universidad Politécnica de Valencia. Enero. <https://riunet.upv.es/>

Fernández, E.N., Legarra, A., Martínez, R., Sánchez, J.P., Baselga, M. 2017. Role of inbreeding depression, non-inbred dominance deviations and random year-season effect in genetic trends for prolificacy in closed rabbit lines. *J. Anim. Breed. Genet.*, 134(6): 441-452. <https://doi.org/10.1111/jbg.12284>

Ferraz, J.B.S., Johanson, R.K., Eler, J.P. 1991. Effect of inbreeding on reproduction traits of Californian and New Zealand White rabbits. *J. Appl. Rabbit Res.*, 14:211-216.

García, M.L., Baselga, M. 2002. Estimation of genetic response to selection in litter size of rabbits using a cryopreserved control population. *Livest. Prod. Sci.*, 74(1):45-53.

Gorjanc, G., Bijma, P., Hickey, J.M. 2015. Reliability of pedigree-based and genomic evaluations in selected populations. *Gen. Select.Evol.*, 47(1): 65-78.

Henderson, C.R. 1975. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, 31(2): 423-447.

Lavara, R., Vicente, J.S., Baselga, M. 2011. Genetic parameter estimates for semen productive traits and growth rate of a paternal rabbit line. *J. Anim. Breed. Genet.*, 128(1): 44-51.

Leberg, P.L., Firmin, B.D. 2008. Role of inbreeding depression and purging in captive breeding and restoration programmers. *Mol. Ecol.*, 17(1): 334-343.



## INVESTIGACIÓN

Fernández *et al.*

Comparación de modelos [...]

Mantovani, R., Sartori, A., Mezzadri, M., Lenarduzzi, M. 2008. Genetics of maternal traits in a new synthetic rabbit line under selection. En: Proc. 9th World Rabbit Congr., Verona, Italy, 169-174.

Matheron, G., Rouvier, R. 1977. Optimisation du progrès génétique sur la prolificité chez le lapin. Ann. Génét. Sél. Anim., 9(3): 393-405.

Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Mayuda, Y., Aguilar, I., Legarra, A., Vitezica, Z. 2018. Manual for BLUPF90 family of programs.

Moura, A.S.A.M.T., Polastre, R., Wechsler, F.S. 2000. Dam and litter inbreeding and environmental effects on litter performance in Botucatu rabbits. World Rabbit Sci., 8(4):151-157.

Mrode, R. A. 2014. Linear models for the prediction of animal breeding values. 3<sup>rd</sup> Edition. Cabi. UK.

Nagy, I., Farkas, J., Curik, I., Gorjanc, G., Gyovai, P., Szendrő, Z. 2014. Estimation of additive and dominance variance for litter size components in rabbits. Czech J. Anim. Sci., 59(4): 182–189.

Pryce, J., Mekonnen, H.M., Goddard, M.E., Hayes, B.J. 2014. Identification of genomic regions associated with inbreeding depression in Holstein and Jersey dairy cattle. Genet. Sel. Evol., 46(1): 71-84.

Ragab, M., Baselga, M. 2010. Inbreeding effect on reproductive traits in four maternal lines of rabbits. En: Proc. 9th World Congr. on Genetics Applied to Livestock Production. Leipzig, Germany. CD Com. No. 0083.

Ragab, M., Baselga, M. 2011. A comparison of reproductive traits of four maternal lines of rabbits selected for litter size at weaning and founded on different criteria. Livest. Sci., 136(2): 201-206.

Rochambeau, H. 1988. Genetic of rabbit for wool and meat production. En: Proc. 4th World Rabbit Congr., Budapest, Hungary. 1-68.

Rodríguez, J., Toro, M.A., Rodríguez, M.C., Silió L. 1998. Effect of founder allele survival and inbreeding depression on litter size in a closed line of Large White pigs. Anim. Sci., 67(3): 573-582.

Rosell, J.M. 2000. Enfermedades del conejo Tomo I -Generalidades- Editorial Mundi Prensa Madrid.

SAS Institute Inc. 2016. SAS/STAT © 9.4. Cary, NC: SAS Institute Inc., USA.

Schaeffer, L.R. 1984. Sire and cow evaluation under multiple trait models. J. Dairy Sci., 67(7): 1567-1580.

## INVESTIGACIÓN

Fernández *et al.*

Comparación de modelos [...]

Sewalem, A., Johansson, K., Wilhelmson, M., Lillpers, K. 1999. Inbreeding and inbreeding depression on reproduction and production traits of White Leghorn lines selected for egg production traits. *Brit.Poultry Sci.*, 40(2):203-8.

Thompson, R., Meyer, K. 1986. A review of theoretical aspects in the estimation of breeding values for multi-trait selection. *LivestockProd. Sci.*, 15(4): 299-313.