

El objetivo de esta tesis ha sido examinar las oportunidades de mejorar genéticamente la grasa intramuscular (IMF) por selección y sus consecuencias en otros caracteres económicamente relevantes. Para ello, se ha llevado a cabo un experimento de selección divergente por el contenido de IMF en conejos. Se ha utilizado la espectroscopía de reflectancia en el infrarrojo cercano (NIRS) para medir el contenido de IMF, proteína y la composición de ácidos grasos durante el proceso de selección.

Se han obtenido ecuaciones de calibración precisas para medir el contenido de IMF ( $R^2_{CV}=0.98$  and  $SECV=0.07$  g/100g músculo). Las ecuaciones de predicción para el contenido de ácidos grasos saturados (SFA), monoinsaturados (MUFA), los ácidos grasos mayoritarios en la carne de conejo (C16:0, C18:1 n-9 y C18:2 n-6) y otros minoritarios (C14:0, C15:0, C16:1, C17:0, C18:0 y C18:3 n-3) han sido también precisas. Ecuaciones con menor precisión han sido obtenidas para el contenido de ácidos grasos poliinsaturados (PUFA), n-6, n-3, ratios y para proteína.

Se ha estudiado la aplicación de NIRS en programas de selección basados en IMF. NIRS es una técnica adecuada para la comparación de medias o de tratamientos ya que no se han encontrado diferencias al comparar el contenido de IMF medido por el método químico y el contenido predicho por NIRS. Sin embargo, los estadísticos de regresión muestran que NIRS no es suficientemente preciso para predecir valores genéticos individuales con los que establecer órdenes de animales, donde se necesita una precisión mayor. No obstante, NIRS podría ser utilizado en selección truncada. Se han comparado los valores de IMF de los padres que se hubieran seleccionado aplicando NIRS con los valores de IMF de los padres que se hubieran seleccionado aplicando el método químico y no se han encontrado diferencias ni para los padres ni para las madres. Por tanto, la respuesta obtenida utilizando NIRS sería similar a la respuesta obtenida utilizando el método químico.

Se ha llevado a cabo un experimento de selección divergente por IMF. La selección se ha basado en el valor fenotípico de IMF medido en 2 hermanos completos del primer parto. Se ha utilizado metodología Bayesiana para analizar los datos. La diferencia estimada entre las líneas alta y baja tras 3 generaciones de selección ha sido de 0.09 g/100g músculo. Esta diferencia representa una respuesta directa a la selección del 9% de la media del carácter. La heredabilidad estimada ha sido 0.37 con una probabilidad

del 97% de ser superior a 0.2. La respuesta ha sido simétrica, con valores de 0.054 g/100g músculo en la línea alta y -0.051 g/100g músculo en la línea baja en la tercera generación. El modelo animal utilizado ha sido validado, y los resultados confirman que este carácter puede ser modificado por selección en conejo.

Se ha observado una respuesta correlacionada a la selección por IMF en el contenido de grasa perirrenal. Esto indica que la selección podría afectar a la calidad de la canal. Sin embargo, la respuesta estimada no ha sido precisa. La calidad de la carne también se ha visto modificada por la selección. Se ha observado una respuesta correlacionada positiva en el pH, el porcentaje de SFA y de MUFA, así como el ratio n-6/n-3, y una respuesta correlacionada negativa en el porcentaje de n-6 y de n-3, y en el ratio PUFA/SFA.