



MARCADORES MOLECULARES Y DIVERSIDAD GENÉTICA EN CONEJOS: HERRAMIENTAS PARA LA MEJORA Y CONSERVACIÓN

MOLECULAR MARKERS AND GENETIC DIVERSITY IN RABBITS: TOOLS FOR IMPROVEMENT AND CONSERVATION

Karen Daniela Sandoval Chila ¹

Camila Andrea Lozada González ²

Martha Lucía Posada Buitrago ³

Citación: Sandoval Chila, K. D., Lozada González, C. A., Posada Buitrago, M. L. (2026). Marcadores moleculares y diversidad genética en conejos: herramientas para la mejora y conservación. *Revista de Investigación Agraria y Ambiental*, 17(1), 119 – 149. [https://doi.org/ 10.22490/21456453.9980](https://doi.org/10.22490/21456453.9980)

¹ Bacterióloga y laboratorista clínica. Grupo Ceparium, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá, Colombia kdsandoval@universidadmayor.edu.co

² Bacterióloga y laboratorista clínica. Grupo Ceparium, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá, Colombia clozada@universidadmayor.edu.co

³ Doctora en Ciencias Biológicas. Docente investigadora. Grupo Ceparium, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá, Colombia mlposada@universidadmayor.edu.co

RESUMEN

Contextualización: La diversidad genética en conejos es un componente fundamental para asegurar la salud poblacional y optimizar parámetros productivos. Esta variabilidad reduce el riesgo de enfermedades vinculadas a la homocigosidad de alelos recesivos y mejora la calidad de la canal. A nivel global, países como China, Italia, España y Francia lideran la producción cunícola, mientras que en América Latina su consumo y producción siguen siendo reducidos. Por sus características nutricionales, alto contenido proteico, bajo nivel de colesterol y aporte de vitaminas y minerales, la carne de conejo representa una opción saludable frente a otras proteínas animales.

Vacío de conocimiento: Pese al creciente cuerpo de literatura, persisten vacíos importantes relacionados con la cobertura geográfica y la representación de razas. La mayoría de los estudios se han realizado en Europa, Asia y África del Norte, con escasa información procedente de América, África Subsahariana y Oceanía. Asimismo, existe una tendencia hacia el estudio de razas comerciales, en detrimento de las locales o criollas, cuya diversidad genética y adaptabilidad siguen siendo poco exploradas. Esta situación limita la comprensión integral del patrimonio genético del conejo.

Propósito: Realizar una revisión sistemática de las técnicas moleculares más utilizadas en el análisis de diversidad genética en conejos, con el fin de identificar las metodologías más efectivas para fortalecer la producción cunícola sostenible.

Metodología: Se llevó a cabo una revisión sistemática de artículos disponibles en bases de datos especializadas como PubMed, Scopus, Web of Science y Google Scholar. Se aplicaron criterios de inclusión definidos previamente, y los datos extraídos fueron organizados y analizados de forma descriptiva. Para la presentación gráfica se emplearon herramientas como Excel y Canva.

Resultados y conclusiones: Los resultados muestran una predominancia en el uso de microsatélites, seguidos de ADN mitocondrial, SNP, WGS y, en menor medida, marcadores dominantes como ISSR, SCoT y AFLP. Se concluye que, aunque surgen nuevas técnicas, los microsatélites continúan siendo los más aplicados en estudios de genética poblacional en conejos.

Palabras clave: Diagnóstico molecular, diversidad biológica, microsatélites, *Oryctolagus cuniculus*, recursos genéticos.

ABSTRACT

Contextualization: Genetic diversity in rabbits is a fundamental component for ensuring population health and optimizing productive traits. This variability reduces the risk of diseases associated with the homozygosity of harmful recessive alleles and improves carcass quality. Globally, countries such as China, Italy, Spain, and France lead rabbit production, while in America, both consumption and production remain limited. Due to its nutritional properties high protein content, low cholesterol levels, and significant contributions of vitamins and minerals rabbit meat represents a healthy alternative to other animal protein sources.

Knowledge gap: Despite the growing body of literature, important gaps remain in terms of geographic coverage and breed representation. Most studies have been conducted in Europe, Asia, and North Africa, with limited information from the Americas, Sub-Saharan Africa, and Oceania. Furthermore, there is a tendency to focus on commercial breeds, to the detriment of local or breeds, whose genetic diversity and adaptability are still poorly explored. This situation limits a comprehensive understanding of the genetic heritage of rabbits.

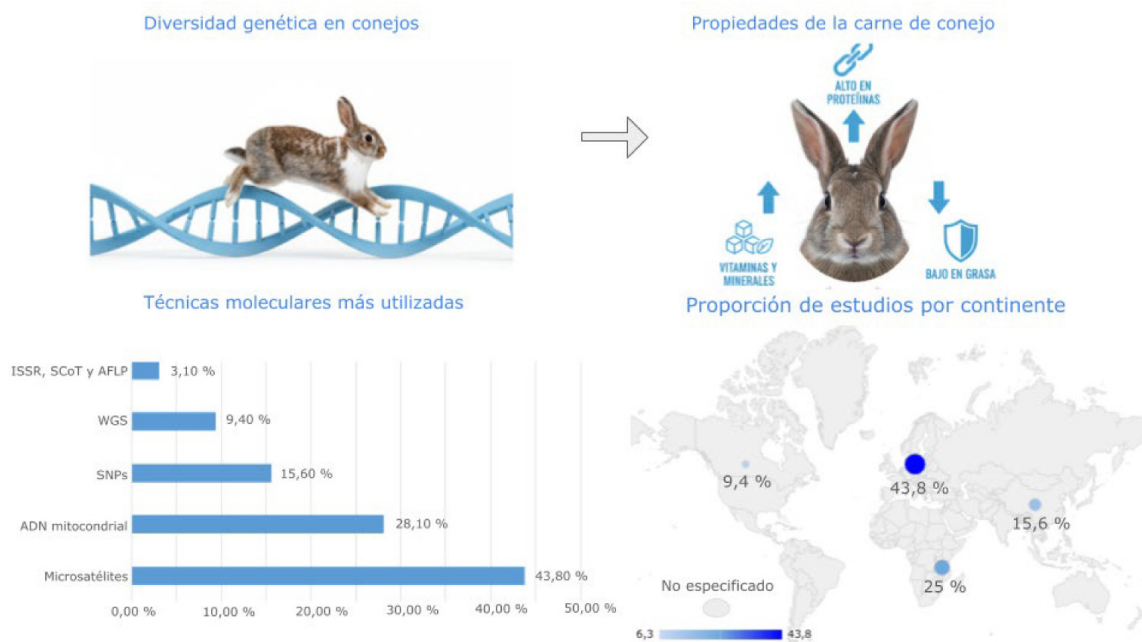
Purpose: Conduct a systematic review of the most widely used molecular techniques for analyzing genetic diversity in rabbits, in order to identify the most effective methodologies for strengthening sustainable rabbit production.

Methodology: A systematic review of articles available in specialized databases such as PubMed, Scopus, Web of Science, and Google Scholar was carried out. Predefined inclusion criteria were applied, and the extracted data were organized and analyzed descriptively. Excel and Canva were used for the graphical presentation of results.

Results and conclusions: The results show a predominance in the use of microsatellites, followed by mitochondrial DNA, SNPs, WGS, and, to a lesser extent, dominant markers such as ISSR, SCoT, and AFLP. It is concluded that, although new techniques are emerging, microsatellites continue to be the most widely applied markers in population genetics studies in rabbits.

Keywords: Molecular diagnostics; biological diversity; microsatellites; *Oryctolagus cuniculus*; genetic resources

RESUMEN GRÁFICO



Fuente: elaboración propia

1 INTRODUCCIÓN

La producción y la conservación de conejos han cobrado relevancia a nivel mundial (Cullere et al., 2018). En la base de datos estadística de la FAO (FAOSTAT) sobre alimentación y agricultura que gestiona la Organización de las Naciones Unidas (ONU), para el 2023 se estimó que alrededor de 482 millones de conejos, incluyendo liebres, fueron sacrificados globalmente, produciendo alrededor de 681 995 toneladas de carne. Por continentes, la mayor producción mundial de carne de conejo y liebre se concentró en Asia, con un 61 % (416 014 toneladas), liderada ampliamente por China, que representó el 38,5 % del total global. En segundo lugar se ubicó Europa, con el 20,6 % (140 373

toneladas), donde Portugal destacó como principal exportador, seguido por los Países Bajos, mientras que Bélgica fue el mayor importador. En tercer lugar, se situó África, con un 16,2 % (110 761 toneladas) y, finalmente, América con apenas un 2,2 % (14 847 toneladas) (FAO, 2025). Estos datos muestran que en América la carne de conejo no forma parte del consumo habitual, en contraste con el nivel de consumo en Asia y Europa.

Esto representa una oportunidad de mercado emergente en América, teniendo en cuenta que la carne de conejo es una opción saludable por su alto contenido de proteínas, bajo nivel de grasa y colesterol, y su riqueza en vitaminas del complejo B y minerales

como fósforo, hierro y selenio. Además, su producción también es más sostenible que la de otros tipos de carne, lo que la convierte en una alternativa responsable y nutritiva (Etukudo et al. 2024; Goswami et al., 2025).

La creciente demanda de carne de conejo representa tanto oportunidades como desafíos para la cunicultura sostenible. Entre los principales retos están la adaptación a distintos entornos, la viabilidad económica y la pérdida de diversidad genética por la selección intensiva. En este contexto, la consanguinidad afecta de forma directa e indirecta la producción, al reducir la variabilidad genética y aumentar la expresión de alelos recesivos dañinos, lo que provoca depresión endogámica, con efectos negativos sobre la salud, la reproducción y, en consecuencia, sobre la productividad y sostenibilidad del sistema (Alves et al., 2019; Hardy et al., 1994; Monnerot et al., 1996; Nagy & Nguyen, 2023; Ziege et al., 2020). Estos factores, combinados con la presión ambiental y las enfermedades emergentes, requieren de un enfoque innovador que integre avances en genética, adaptabilidad ecológica y sostenibilidad económica para garantizar una producción eficiente y duradera. Existen diferentes técnicas para la determinación de la diversidad genética en conejos, las cuales ayudan a determinar la consanguinidad, el crecimiento del conejo, la calidad de la canal, entre otros, lo que orienta hacia una producción cunícola sostenible y de calidad, sin recurrir a prácticas de selección intensiva que reduzcan la diversidad genética y productiva (Chantry-Darmon et al., 2005; Queney et al., 2001; Vicente et al., 2001).

Los estudios de genética de poblaciones en conejos han avanzado notablemente con la incorporación de técnicas moleculares (Surridge et al., 1997), sin embargo, no existe hasta el momento una revisión que analice la efectividad y comparación de estas metodologías aplicadas a conejos; por otro lado, estas técnicas permiten investigar la diversidad genética, la cual no solo representa un insumo técnico para la caracterización poblacional, sino que también constituye una herramienta estratégica para optimizar la selección, prevenir enfermedades asociadas a la consanguinidad y orientar esquemas de conservación (Ziege et al., 2020). En conejos, cuya domesticación ha sido documentada como un proceso reciente y con patrones filogeográficos aún conservados en poblaciones actuales (Branco et al., 2000; Branco et al., 2002), el conocimiento de la estructura genética permite definir estrategias reproductivas ajustadas a cada contexto, favorecer la preservación de líneas locales y sustentar decisiones sanitarias o productivas con base en evidencia genética.

En el conejo, se han utilizado diversos marcadores genéticos como microsatélites, polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), ADN mitocondrial y secuenciación de genoma completo (WGS), además de marcadores dominantes como repeticiones intersecuenciales simples (ISSR), amplificación de fragmentos polimórficos al azar (AFLP), entre otros; estas herramientas son esenciales para la gestión de la diversidad genética, un factor determinante para garantizar el desarrollo a largo plazo de la cunicultura. La importancia de los marcadores moleculares incrementa al aplicarse en poblaciones loca-

les y criollas, donde contribuyen a su conservación, valorización y aprovechamiento productivo, ya que, a diferencia de las razas comerciales, las razas locales y criollas tienen una variabilidad genética única que les permite adaptarse a ambientes específicos y a sistemas de producción de bajos insumos. Esta adaptación, o arraigo, confiere a estas poblaciones una mayor capacidad de respuesta frente a desafíos como la aparición de nuevas enfermedades o las presiones del cambio climático (Ayyat et al., 2024; Ballan et al., 2022a; Ren et al., 2019). El análisis de la diversidad genética, en este contexto, permite identificar la variabilidad genética dentro y entre las poblaciones, detectar la presencia de genes o variantes genéticas únicas de una raza y estimar el nivel de diferenciación genética; en este sentido, existe una relación entre el uso de marcadores moleculares y la sostenibilidad en la producción cunícola que radica en que conocer y gestionar la va-

riabilidad genética permite seleccionar animales más resistentes a enfermedades, con mejor adaptación a condiciones ambientales cambiantes y con un aprovechamiento más eficiente de los recursos. Esto reduce la dependencia de insumos externos, disminuye pérdidas productivas y favorece sistemas de cría más rentables, consolidando así la sostenibilidad a largo plazo de la cunicultura (Badr et al., 2019; Li et al., 2020).

El presente artículo de revisión tiene como objetivo realizar una descripción general del uso de marcadores moleculares para evaluar la diversidad genética en conejos, asimismo, se plantea identificar cuál podría resultar más adecuado para una producción sostenible, eficiente y responsable. Este artículo busca sintetizar el conocimiento disponible, comparando metodologías, resultados, limitaciones y aplicaciones.

2 MATERIALES Y MÉTODOS

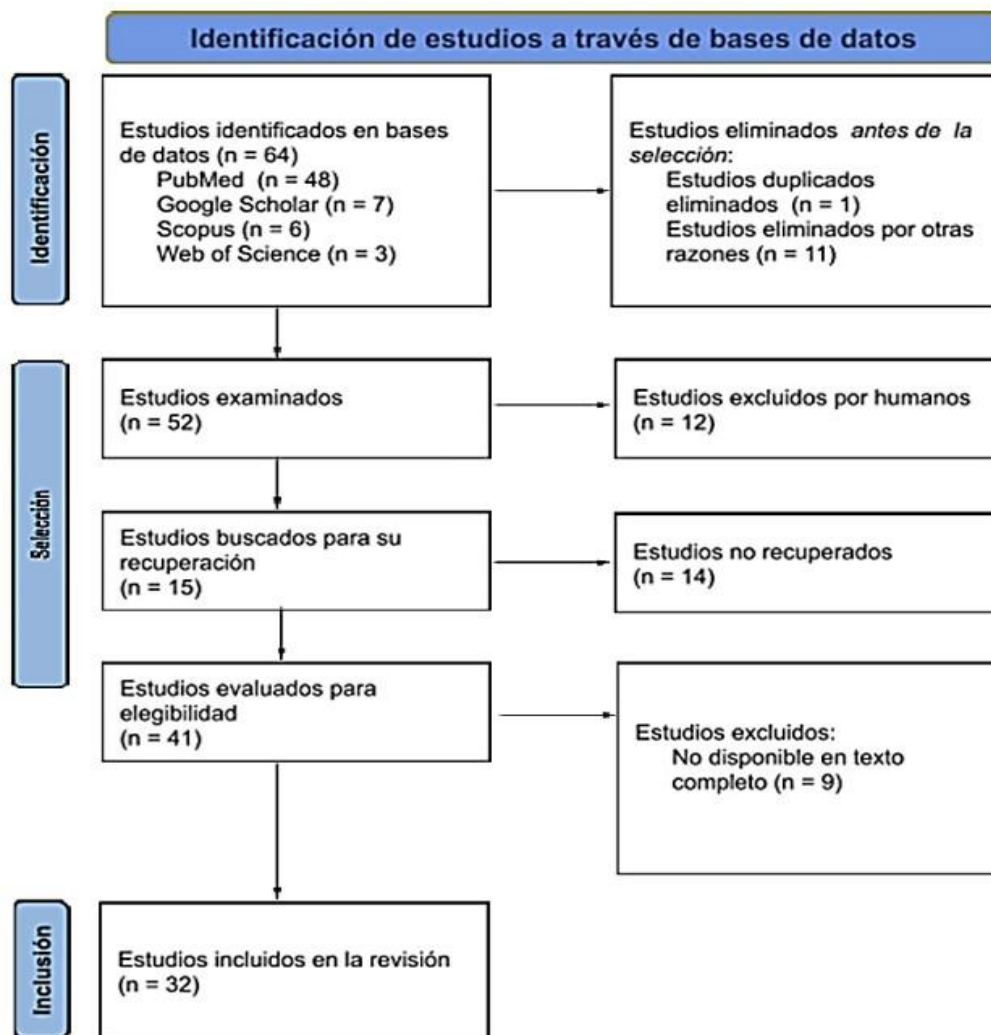
La presente investigación consistió en una revisión sistemática centrada en la recopilación, evaluación comparativa y síntesis de información científica sobre los marcadores moleculares aplicados al análisis de diversidad genética en el conejo europeo (*Oryctolagus cuniculus*). La revisión se desarrolló en la ciudad de Bogotá y abarcó literatura entre 1986 y 2025. Para la búsqueda, se priorizó la selección de artículos publicados en revistas académicas visibles en bases como Scopus, PubMed, Web of Science o Google Scholar, considerando además investigaciones per-

tinentes por su aporte técnico o relevancia contextual en el estudio de la diversidad genética en conejos, se incluyeron reportes de análisis genéticos o de poblaciones que emplean marcadores moleculares como microsatélites, ADN mitocondrial, SNP, análisis WGS, ISSR, AFLP o marcadores dirigidos a codones de inicio (SCoT), no hubo restricción de idioma, con el fin de identificar las regiones con mayor o menor información científica sobre el tema. Se excluyeron todos aquellos estudios que, si bien hacían uso de técnicas moleculares, estaban centrados en

otras especies diferentes al conejo. La revisión incluyó un total de 32 artículos donde se empleó un enfoque descriptivo para sistematizar la frecuencia de uso de cada técnica molecular, la distribución geográfica y las herramientas informáticas más utilizadas.

Para este análisis se emplearon elementos gráficos realizados en Microsoft Corporation, Excel 2016 y Canva. Al ser una revisión bibliográfica no se utilizaron animales ni se requirió aprobación por parte del comité de ética en experimentación animal.

Figura 1. Diagrama de flujo PRISMA 2020 de la revisión



3 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Esta revisión sistematizó un total de 32 estudios científicos sobre diversidad genética en conejos (*Oryctolagus cuniculus*),

publicados entre 1986 y 2025. Las investigaciones incluyeron tanto razas domésticas como poblaciones silvestres, y abarcaron re-

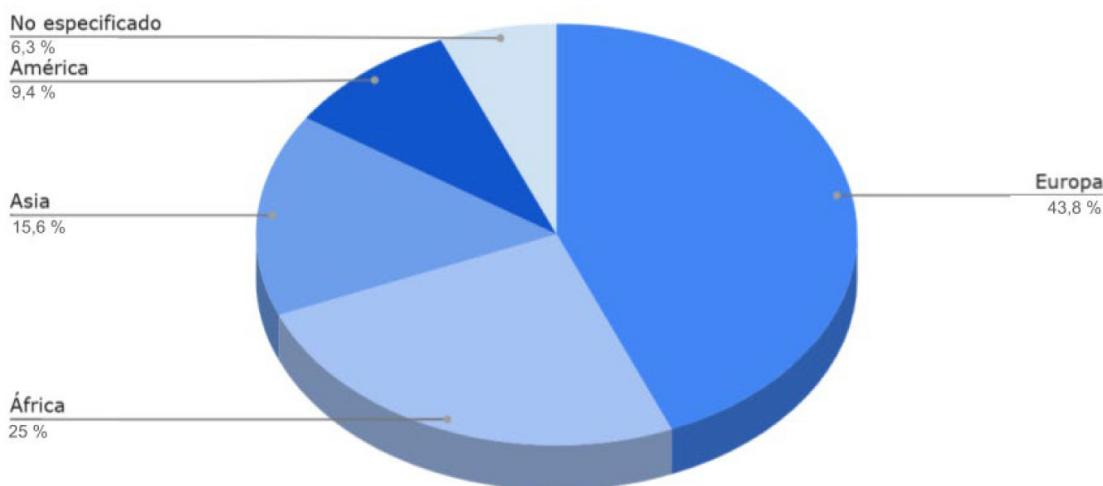
giones de Europa, África, Asia y América, en la **figura 2** se muestra la proporción exacta de estudios por continente.

En términos técnicos, se identificaron cinco enfoques principales: microsatélites, ADN mitocondrial, SNP, WGS y marcadores de tipo dominante como ISSR, SCoT, AFLP. La **figura 3** muestra la frecuencia en porcentaje de uso de las técnicas moleculares en los 32 estudios incluidos. Si bien los microsatélites y el ADN mitocondrial se han empleado ampliamente en las investigaciones de la diversidad genética en conejos, estas se han incrementado mediante la integración de metodologías moleculares alternativas que proporcionan nuevos conocimientos sobre la caracterización genómica. Estas técni-

cas abarcan marcadores dominantes como AFLP, ISSR y el ADN polimórfico amplificado aleatorio (RAPD), junto con tecnologías emergentes como el genotipado de SNP, la amplificación de regiones conservadas, por ejemplo, SCoT y WGS. Estas metodologías han demostrado una eficacia particular en escenarios que requieren una resolución genética mejorada o una comprensión más completa del genoma. Por otro lado, existen diversos programas informáticos que permiten analizar estos marcadores genéticos, entre los más destacados se encuentran: EX, MEGA, STRUCTURE, POPGENE, ARLEQUIN y R. En la **tabla 1**, **tabla 2** y **tabla 3** se evidencia el uso de estos programas en relación con cada técnica molecular.

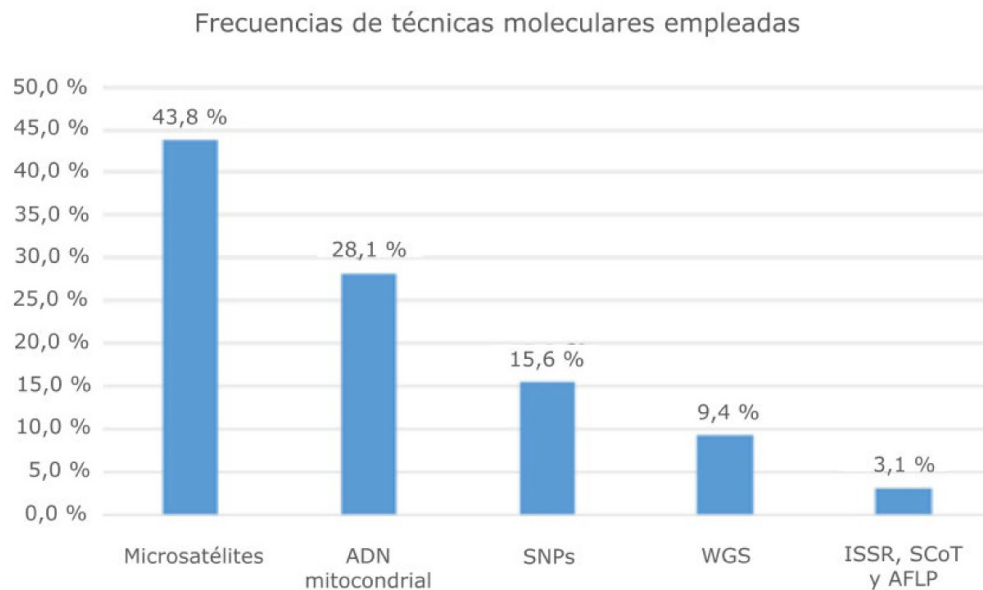
Figura 2. Distribución geográfica de estudios

Distribución geográfica de los estudios en porcentaje



Fuente: elaboración propia.

Figura 3. Frecuencia de técnicas moleculares empleadas en estudios de diversidad genética en conejos



Fuente: elaboración propia.

El estudio de la diversidad genética ha evolucionado significativamente, gracias a la incorporación de marcadores moleculares y herramientas bioinformáticas, que permiten caracterizar con precisión la variabilidad intra e interpoblacional. Esta revisión integró evidencia de 32 estudios científicos para analizar comparativamente las metodologías moleculares aplicadas en conejos. La discusión se estructura a partir de las técnicas identificadas, resaltando su frecuencia de uso, los resultados más representativos, las herramientas analíticas asociadas y sus implicaciones para la conservación y producción cunícola.

Microsatélites

Los polimorfismos genéticos denotan alteraciones hereditarias dentro de la secuen-

cia del ADN que contribuyen a la heterogeneidad fenotípica y, en ciertos casos, pueden afectar la susceptibilidad a una variedad de enfermedades, atribuibles a sus implicaciones en la expresión y funcionalidad de los genes. Un método destacado empleado para su identificación es el análisis con microsatélites, que implica el examen de segmentos cortos de ADN, que suelen oscilar entre uno y seis pares de bases, que están dispuestos de forma repetitiva en determinados lugares del genoma. Predominantemente, estas secuencias de ADN se clasifican como no codificantes (Carneiro Vieira et al., 2016). Estos marcadores permiten investigar los patrones de herencia dentro de las unidades familiares y ayudan a desarrollar una huella genética (Krüger & Schleinitz, 2017), que es crucial para evaluar la diversidad genética en distintas poblaciones, incluidos conejos.

A continuación, se presenta una tabla con los estudios que utilizaron esta técnica y los principales elementos analizados.

Tabla 1.

Estudios que utilizaron microsatélites

Artículo	Geografía	Población	Parámetros genéticos	Análisis estadístico	Software utilizado
(Vicente et al., 2001)	España	Conejos domésticos	Na, frecuencia alélica	No especifica	Cundinamarca
(Queney et al., 2001)	Francia, España y Portugal	Conejos silvestres	Na, Ho, He, FIS, FST	HWE, LD, FST, NJ, Wilcoxon	GENETIX, GENEPOP, FSTAT, PHYLIP, STATVIEW
(Cuevas et al., 2011)	Argentina	Conejos de granjas (raza no especificada)	Ho, He, Na	UPGMA	POPGENE, MEGA
(Ziege et al., 2020)	Alemania	Conejos silvestres	Ho, He, FIS, FST, Ar	GLMM, AMOVA, DAPC, BayesAss	GENALEX, STRUCTURE, BOTTLENECK, BayesAss, R
(Chantry-Darmon et al., 2005)	Francia	Conejos de líneas experimentales del INRA	Mapeo genético por microsatélites	Mapa físico y genético	CRIMAP
(ASEMUCE, 2015)	España	Conejo antiguo pardo español	Na, Ho, He, FIS, HWE	AMOVA, distancia genética de Nei, UPGMA	GENEALX, POPGENE, PHYLIP
(Van Haeringen et al., 2003)	Países Bajos	Conejos de laboratorio	Evaluación de ligamiento	Evaluación comparativa de perfiles	JoinMap, Genotyper, Genescan
(Bouhali et al., 2023)	Argelia	Conejos nativos de 7 regiones rurales de Argelia	Estructura genética, análisis de varianza entre poblaciones	AMOVA	GENALEX, CERVUS, adegenet
(Rabie, 2020)	Egipto	<i>New Zealand White, California, Chinchilla, Flander, Babion</i>	FST, Nei	AMOVA	No especifica
(Emam et al., 2024)	Egipto	Conejos nativos del Alto Egipto	Na, PIC, Ho, He, FIS	DAPC, AMOVA	GENALEX, CERVUS, R

Artículo	Geografía	Población	Parámetros genéticos	Análisis estadístico	Software utilizado
(Adeolu et al., 2021)	Nigeria	<i>Dutch, Chinchilla, New Zealand White</i>	Na, Ne, Ho, He, uHe, F	AMOVA, DAPC	GENALEX, R
(Jochová et al., 2017)	República Checa	7 razas checas	Ho, He, PIC, Pa, FIS	STRUCTURE, UPGMA	PowerMarker, GeneMapper
(Surridge et al., 1997)	Reino Unido	<i>Oryctolagus cuniculus</i>	Na, ASR	No especifica	Fragment Manager versión 1.2

Nota. Número de alelos: Na; Alelos privados: Pa; Heterocigosidad observada: Ho; Heterocigosidad esperada: He; Índice de consanguinidad dentro de poblaciones: FIS; Diferenciación genética entre poblaciones: FST; Riqueza alélica: Ar; Contenido informativo del polimorfismo: PIC; Equilibrio de Hardy-Weinberg: HWE; Desequilibrio de ligamiento: LD; Agrupamiento jerárquico no ponderado con media aritmética: UPGMA; Análisis filogenético por método Neighbor Joining: NJ; Modelo lineal mixto generalizado: GLMM; Análisis de varianza molecular: AMOVA; Análisis discriminante de componentes principales: DAPC; Instituto Nacional de la Investigación Agronómica (Francia): INRA; Distancia genética de Nei: Nei; Rango de tamaño alélico por locus: ASR

Fuente: elaboración propia.

Los microsatélites continúan siendo uno de los marcadores más utilizados en la caracterización genética de conejos, dada su alta variabilidad, codominancia y accesibilidad para laboratorios con infraestructura intermedia (Jochová et al., 2017). Su aplicación es empleada en estudios de razas domésticas (Bouhali et al., 2023), líneas experimentales (Chantry-Darmon et al., 2005) y poblaciones silvestres (Queney et al., 2001; Ziege et al., 2020). No obstante, el análisis comparado de los estudios revisados evidencia diferencias importantes en la profundidad estadística aplicada y en los criterios de reporte. Por ejemplo, investigaciones recientes, como las de Emam et al. (2024) y

Bouhali et al. (2023) reportan múltiples estimadores de diversidad genética (Na, Ho, He, PIC, FIS, AMOVA), además de incorporar análisis multivariantes y de estructura genética. Estos enfoques reflejan una integración más completa de herramientas estadísticas y bioinformáticas posibles, gracias al acceso a plataformas como GenAlEx, CERVUS o R (adegenet). En contraste, estudios anteriores, como los de Cuevas et al. (2011); Vicente et al. (2001) y ASEMUCE (2015) se limitan a parámetros básicos como el número de alelos o la heterocigosidad observada y esperada, sin explorar la estructura poblacional, ni utilizar software especializado. Estas diferencias reflejan el contexto en el que se

realizó cada estudio, incluidos sus objetivos, los recursos técnicos disponibles y las herramientas metodológicas disponibles en ese momento.

Algo similar se observa entre estudios poblacionales y aquellos orientados a cartografía genética. Trabajos como los de Chantry-Darmon et al. (2005) y Van Haeringen et al. (2003) aplicaron microsatélites con fines de mapeo físico y validación técnica y, por tanto, no incluyeron estimadores de diversidad ni estructura. Esto subraya la necesidad de leer cada aplicación en su contexto específico.

Un aspecto aún pendiente es la estandarización metodológica. Pese a la amplia adopción de microsatélites, no existe consenso sobre qué loci emplear, cuántos deben analizarse ni cómo deben presentarse los resultados. Además, persiste un sesgo geográfico y racial: muchas investigaciones se concentran en razas comerciales ampliamente distribuidas (NZW, Californiano), mientras que las poblaciones criollas o de doble propósito están escasamente representadas, con pocas excepciones como el trabajo sobre el conejo antiguo pardo español (ASEMUCE, 2015).

Las distintas maneras en que se abordan y evalúan los microsatélites, a pesar de su utilidad actual, limitan la posibilidad de comparar los resultados de diferentes investigaciones. Para tener un panorama más completo de la variedad genética en conejos,

es necesario establecer métodos estandarizados que investigadores puedan usar y replicar fácilmente.

ADN mitocondrial

El ADN mitocondrial (ADNmt) corresponde a un pequeño cromosoma de forma circular que se localiza en las mitocondrias. A diferencia del ADN nuclear, el ADNmt se hereda exclusivamente por vía materna (Ladoukakis & Zouros, 2017), lo cual lo convierte en una herramienta poderosa para rastrear linajes genéticos a lo largo de generaciones. Esta característica ha sido ampliamente aprovechada en estudios de genética de poblaciones, ya que permite reconstruir con alta resolución la historia evolutiva y las relaciones entre grupos animales. En conejos ha sido valioso para evaluar la diversidad genética, ya que permite estudiar las relaciones evolutivas y establecer análisis filogenéticos, con el fin de inferir patrones históricos de dispersión geográfica y estructura poblacional (Branco et al., 2002; Priyono et al., 2025).

Con el fin de sintetizar los aspectos más relevantes revisados en el presente estudio, la tabla 2 presenta una recopilación de investigaciones que utilizaron ADN mitocondrial, especificando el autor, el año de publicación, el país donde se realizó el estudio, la población analizada, los parámetros genéticos, los tipos de análisis y los softwares utilizados en cada caso.

Tabla 2.

Estudios que utilizaron ADN mitocondrial

Artículo	Geografía	Población	Parámetros genéticos	Análisis genético	Software utilizado
(Ahmed et al., 2022)	Egipto	Gabali, V-line, <i>New Zealand White</i>	Haplotipos, distancias genéticas	Árbol filogenético	MEGA7, DnaSP, Network
(Darwish & Emam, 2024)	Egipto	Conejos nativos	SNP mitocondriales, haplotipos	Red de haplotipos	MEGA X, DnaSP
(Casane et al., 1994)	No especifica	Conejos comerciales	Heteroplasmia, secuencias variantes, proporción de clones	Comparación de clones, análisis de mutaciones intraindividuales	No especifica
(Setiaji et al., 2023)	Indonesia	Conejo local de Indonesia	Longitud total, composición de bases, genes codificantes	Comparación genómica	MEGA X
(Branco et al., 2000)	España y Portugal	Poblaciones silvestres de la Península Ibérica	Haplotipos, linajes mitocondriales	Árbol filogenético, análisis de estructura	PAUP, TREECON
(Ennafaa et al., 1987)	Túnez y Francia	<i>O. c. algirus</i> (Zembra, Túnez) y <i>O. c. cuniculus</i> (Francia)	Longitud del genoma, heteroplasmia, sitios de corte, homología con sondas	Comparación estructural y de mapas de restricción	No especifica
(Wang et al., 2021)	China	<i>Chuanbai rex</i>	Contenido de bases, longitud del D-loop, genes codificantes, repetición de secuencias	Árbol filogenético, K2P	MEGA7, SnapGene
(Yao et al., 2019)	China	<i>Yimeng wool</i>	Genoma mitocondrial completo	Árbol filogenético	MEGA7, ARWEN

Nota. Polimorfismos de un solo nucleótido: SNP; Región control no codificante del ADN mitocondrial: D-loop; Método de agrupamiento filogenético por vecino más cercano: NJ; Modelo Kimura de dos parámetros: K2P.

Fuente: elaboración propia.

La técnica de ADN mitocondrial ha sido utilizada en el estudio de la diversidad genética de conejos, principalmente a través de

la secuenciación del genoma mitocondrial completo, del gen CYTB (citocromo B) o de la región D-loop (región de control no codi-

ficante que regula la replicación y transcripción del ADNmt (Ahmed et al., 2022; Branco et al., 2000; Darwish & Emam, 2024). Sin embargo, en los artículos revisados, se evidencia que su uso es menos frecuente que el de marcadores nucleares como los microsatélites.

Estudios como los de Ahmed et al. (2022) y Darwish & Emam (2024) han utilizado regiones específicas del ADNmt para caracterizar la diversidad haplotípica de razas locales egipcias, aplicando análisis de redes de haplotipos y distancias genéticas, e incorporando software como DnaSP, MEGA y Network. Estos trabajos aportan datos valiosos sobre la variabilidad intra e interpoblacional desde la perspectiva materna, y contribuyen a la identificación de linajes distintivos entre poblaciones.

Por otra parte, investigaciones como la de Casane et al. (1994) documentaron la presencia de heteroplasma sistemática en conejos domésticos, una condición en la que coexisten diferentes secuencias mitocondriales dentro de un mismo individuo. Este hallazgo representa una fuente adicional de variación genética y plantea desafíos para la interpretación de árboles filogenéticos, ya que puede alterar las expectativas de herencia estrictamente materna. Aunque el estudio fue realizado con tecnologías previas a la secuenciación masiva, su contribución conceptual sigue siendo vigente.

Otros trabajos, como el de Branco et al. (2000), centrados en conejos silvestres de la Península Ibérica, integran árboles filogenéticos y análisis de linajes mitocondriales, lo que ha permitido detectar patrones históricos. Por su parte, enfoques más recién-

tes como el de Wang et al. (2021), quienes secuenciaron el genoma mitocondrial completo de la raza Chuanbai Rex, demuestran cómo el avance tecnológico ha ampliado las posibilidades de análisis estructural, incluyendo codificación génica y evaluación de regiones repetitivas como el D-loop.

Pese a estas aplicaciones, la revisión muestra que la mayoría de estudios con ADNmt no emplean herramientas estadísticas complejas ni reportan estimadores de variabilidad genética como F_{ST} o AMOVA. En su lugar, el análisis suele limitarse a relaciones filogenéticas o comparaciones de secuencias. Esta limitación responde tanto al tipo de marcador como a la finalidad de los estudios, que frecuentemente buscan explorar relaciones evolutivas más que estructura genética detallada, siendo una herramienta más útil para el rastreo de linajes, la identificación de eventos históricos de domesticación y la detección de estructuras filogeográficas. Sin embargo, su uso sigue siendo menos frecuente que el de microsatélites, probablemente por requerir secuenciación y análisis más especializados. Se recomienda fomentar su aplicación en razas locales y combinar su análisis con marcadores nucleares para una interpretación genética integral.

Técnicas alternativas para el estudio genético del conejo

Además de los microsatélites y el ADN mitocondrial, algunos estudios han integrado marcadores como AFLP, ISSR, SCoT o SNP, así como estrategias de secuenciación del genoma completo. Estas herramientas se

han aplicado en investigaciones destinadas a caracterizar diferencias genéticas específicas o explorar regiones funcionales del ADN con más profundidad. A continuación, se

presenta una recopilación de investigaciones que han empleado diversas técnicas para el análisis genético del conejo.

Tabla 3.

Técnicas alternativas para el estudio genético del conejo

Artículo	Geografía	Población	Técnica utilizada	Parámetros genéticos	Análisis estadístico	Software utilizado
(Sternstein et al., 2014)	Alemania	GG × NZW (F2)	SNP MC4R	Frecuencia alélica, genotipos	ANOVA, Bonferroni, haplotipos	GEVALT, PASW (SPSS), KASP
(Van Haeringen et al., 2002)	Países Bajos	Raza experimental	AFLP	Frecuencia alélica, loci polimórficos	χ^2 , LOD, MapQTL	Genescan, Genotyper, JoinMap, MapQTL
(El-Sabrou, 2017)	Irak	V-line	SNP MC4R	Genotipos	χ^2 , GLM (peso como covariable)	SPSS v20, CodonCode Aligner
(Elsayed et al., 2024)	Egipto	Gabali, Papillon, Rex, NZW, Californiano	ISSR / SCoT	Polimorfismo, bandas, IDG	Binarios, similitud, UPGMA	SPSS v14, GelAnalyzer
(Bertolini et al., 2014)	Italia	Razas comerciales	WGS (lectura corta)	SNP, heterocigosidad, Ti/Tv	Filtros de calidad, validación Sanger	Ion Torrent Suite, SAMtools, IGV, VEP
(Bai et al., 2021)	China	NZW	WGS (lectura larga)	N50, contigs	BUSCO, FRC, filogenia	HGAP4, LR_Gapcloser, Pilon, BUSCO, QUAST
(Ping et al., 2025)	China	117 conejos (11 razas)	WGS (lectura corta)	62M SNP, ROH, FROH, FST	PCA, AMOVA	GATK, BWA, PLINK, SAMtools, GONE
(Nerkowski et al., 2024)	EE.UU.	Brachylagus idahoensis	RADseq	SNP, π , Ho, He, FST	PCA, ADMIXTURE, snmf, loci adaptativos	STACKS, PCADAPT, ADMIXTURE, LEA, VCFtools

Artículo	Geografía	Población	Técnica utilizada	Parámetros genéticos	Análisis estadístico	Software utilizado
(Ballan et al., 2022a)	Italia	Razas ornamentales y cárnicas	SNP-array	Na, Ne, Ho, He, FIS, PIC, Ar	AMOVA, PCA	GENEALX, STRUCTURE, R (adegenet)
(Fekete et al., 2025)	Hungría	Silvestres y domésticos	WGS	FST, π , CLR, ROH, PCA	Árbol ML	PLINK, SNPhylo, ADMIXTURE,
(Casto et al., 2020)	España	Conejos domésticos	SNP, WGS, GWAS	GC, SNVs, INDELs	GWAS (Bayes B), LD	PLINK, GCTA, R, GeneCards

Nota. Polimorfismos de un solo nucleótido: SNP; Receptor de melanocortina 4: MC4R; Amplificación de fragmentos polimórficos al azar: AFLP; Repeticiones intersecuenciales simples: ISSR; Marcadores dirigidos a codones de inicio: SCoT; Secuenciación del genoma completo: WGS; Secuenciación por sitios de restricción: RADseq; Microarreglos de SNP: SNP-array; Estudio de asociación a nivel genómico: GWAS; Número de alelos: Na; Número efectivo de alelos: Ne; Heterocigosidad observada: Ho; Heterocigosidad esperada: He; Índice de consanguinidad dentro de poblaciones: FIS; Diferenciación genética entre poblaciones: FST; Riqueza alélica: Ar; Contenido informativo del polimorfismo: PIC; Diversidad nucleotídica: π ; Regiones homocigotas continuas: ROH; Proporción del genoma en ROH: FROH; Relación transiciones/transversiones: Ti/Tv; Genes candidatos: GC; Variantes de nucleótido único: SNV; Inserciones y deleciones: INDELs; Análisis de varianza: ANOVA; Corrección de Bonferroni: Bonferroni; Prueba chi-cuadrado: χ^2 ; Modelo lineal generalizado: GLM; Límite de razón de verosimilitud: LOD; Análisis de componentes principales: PCA; Análisis de varianza molecular: AMOVA; Factorización de matrices dispersas no negativas: snmf; Desequilibrio de ligamiento: LD; Modelo bayesiano tipo B: Bayes B; Árbol filogenético de máxima verosimilitud: Árbol ML; Índice de diversidad genética: IDG.

Fuente: elaboración propia.

SNP específicos y técnicas de marcadores dominantes: utilidad localizada y limitaciones estructurales

El análisis de SNP dirigidos ha sido empleado en estudios enfocados en la asociación de variantes genéticas con caracte-

rísticas productivas o comportamentales específicas en conejos. A diferencia de los abordajes genómicos de amplio espectro, esta estrategia se concentra en mutaciones previamente identificadas en genes candidatos. Tal es el estudio de Sternstein et al. (2014), quienes evaluaron un SNP intrónico en el gen MSTN en una población experimental F2 derivada del cruce GG \times NZW,

y reportaron asociaciones significativas con rasgos de canal y peso de carne. De forma similar, El-Sabroun (2017) y Rabie (2020) exploraron variantes en el gen MC4R en conejos egipcios, enfocándose en la relación entre estas mutaciones y el comportamiento sexual o la composición de canal.

Estos estudios suelen incorporar análisis estadísticos clásicos como ANOVA y GLM, pruebas de chi-cuadrado y, en algunos casos, reconstrucción de haplotipos. El *software* utilizado varía entre versiones de SPSS, CodonCode Aligner y plataformas de genotipado como KASP. No obstante, la mayoría de estos trabajos se centran en una o dos variantes puntuales, lo que limita su capacidad para captar la diversidad genómica total. Además, al no incluir estimaciones como FST, Ho o AMOVA, sus aportes son más útiles para aplicaciones funcionales específicas que para caracterizaciones poblacionales amplias.

En cuanto a los marcadores dominantes, técnicas como ISSR, SCoT y AFLP han sido empleadas para estimar la variabilidad genética entre razas cuando no se cuenta con un genoma de referencia o cuando se busca una metodología de bajo costo. En el estudio de Elsayed et al. (2024), que combinó SCoT e ISSR para analizar cinco razas locales en Egipto, se reportaron altos niveles de polimorfismo (hasta 89,5 %) y se aplicaron análisis de similitud y dendrogramas UPGMA. Por su parte, Van Haeringen et al. (2002) implementaron AFLP en una retrocruza experimental para construir mapas de ligamiento y detectar loci asociados a rasgos cuantitativos (QTL).

A pesar de su utilidad, estas técnicas presentan limitaciones metodológicas importantes. Los marcadores dominantes no permiten distinguir entre homocigotos y heterocigotos, lo que restringe el cálculo de algunos indicadores poblacionales clave y su análisis se limita a cálculos de similitud o polimorfismo porcentual. Además, su reproducibilidad puede verse afectada por variaciones en condiciones experimentales, y la estandarización interlaboratorios es limitada. En los artículos revisados, aunque se utilizaron herramientas como GelAnalyzer, SPSS y MapQTL, no se reportaron parámetros como He, FIS o AMOVA, lo cual impide realizar comparaciones cuantitativas consistentes con estudios que emplean marcadores codominantes.

Secuenciación del genoma completo (WGS) y SNP masivos

El uso de tecnologías de secuenciación masiva ha permitido una transición en los estudios genéticos de conejos, pasando de enfoques basados en unos pocos loci a análisis genómicos integrales. En este contexto, la WGS y la detección de millones de SNP distribuidos en todo el genoma representan un avance significativo en términos de resolución, cobertura y potencial interpretativo.

Estudios como el de Bai et al. (2021) muestran cómo la aplicación de la tecnología de lectura larga PacBio permitió ensamblar el genoma completo de un individuo raza NZW con una continuidad estructural superior, corrigiendo gaps y mejorando la anotación de genes clave como los del complejo MHC. Por su parte, Ping et al. (2025) utili-

zaron secuenciación WGS de lectura corta para analizar 117 conejos de distintas razas, identificando regiones ROH, zonas bajo selección positiva y variación estructural mediante herramientas como PLINK y GATK. Ambos estudios reflejan cómo el acceso a plataformas bioinformáticas avanzadas permite no solo estimar diversidad genética, sino también explorar procesos evolutivos como la domesticación, la adaptación local o la consanguinidad histórica.

En comparación, trabajos como el de Bertolini et al. (2014), centrado en el descubrimiento de SNP funcionales, muestran una aplicación más puntual que el enfoque genómico, ya que el uso del WGS se limitó a la identificación de SNP sin extenderse a un análisis poblacional. En este caso, la estrategia empleada fue la secuenciación de bibliotecas de representación reducida (RRL) y la posterior anotación de variantes mediante VEP y SAMtools. Pese a que no se aplicaron estimadores poblacionales como F_{ST} o AMOVA, el estudio logró mapear SNP en regiones funcionales relevantes del genoma, incluyendo genes asociados a rasgos productivos.

Un enfoque complementario al WGS tradicional es el uso de técnicas de secuenciación asociadas a sitios de restricción, como RADseq, aplicado por Nerkowski et al. (2024). Este estudio permitió identificar 9794 SNP a lo largo del genoma, caracterizar la estructura genética de poblaciones en peligro y detectar loci potencialmente asociados a adaptación. La aplicación de herramientas como STACKS, PCADAPT y ADMIXTURE permitió no solo inferir estructura genética, sino también evaluar señales de selección local.

Si bien estos enfoques genómicos ofrecen una resolución sin precedentes, también implican exigencias metodológicas, logísticas y analíticas considerables. El acceso a plataformas de secuenciación, capacidad de almacenamiento, procesamiento bioinformático y personal altamente capacitado sigue siendo una limitación en muchos contextos, particularmente en regiones con baja inversión en infraestructura científica. Además, la comparación entre estudios aún es difícil, debido a la ausencia de paneles estandarizados de SNP en conejos, lo que limita la replicabilidad.

Genes asociados a rasgos productivos

Los avances en genética aplicados al conejo muestran que los marcadores moleculares no solo son útiles para describir diversidad, sino también para detectar variantes asociadas con rasgos productivos de alto impacto económico. La identificación de polimorfismos en genes que influyen en el desarrollo muscular, la eficiencia reproductiva o la composición de la carne, permiten la optimización de la selección a través de perfiles genéticos. Para la producción de carne es importante considerar algunos genes, como los codificantes de la proteína dedo de Zinc 423 (Zfp423), el receptor activado por proliferadores de peroxisomas Gama (PPAR γ), la proteína de unión a ácidos grasos 4 (FABP4) y la esteroil-CoA desaturasa (SCD), ya que desempeñan un papel clave en el porcentaje de grasa intramuscular de los conejos, reflejándose en aspectos organolépticos percibidos por el consumidor final (Ahamba

et al., 2024). Otros genes como el factor de crecimiento similar a la insulina II (IGF-II), la hormona de crecimiento (GH), el sustrato del receptor de insulina 1 (IRS-1), el gen de masa magra (LM) y el de obesidad asociada (OB), en conjunto ayudan a determinar la calidad de la canal y la carcasa en el conejo (Safaa et al., 2023; Ahmed et al., 2023).

A nivel económico, es relevante tener en cuenta la mayor cantidad de genes heredables que se puedan transmitir a los gazapos, lo que se traduce en conejos de mayor tamaño y peso. Cabe resaltar que algunas características propias de las razas y los cruces que se realicen pueden mejorar el olor y sabor de la carne al momento del consumo, como es el caso del conejo californiano (Ayyat et al., 2024).

En la selección genética de madres y crías se consideran factores como el tamaño de la camada, la producción de leche, el crecimiento y la producción de carne. Para la determinación de estos aspectos, los genes más relevantes analizados incluyen los genes del receptor de la progesterona (PGR), de la subunidad beta de la hormona folículo estimulante (FSHB), de la glicoproteína oviductal 1 (OVGP1), del inhibidor tisular de metaloproteínasa 1 (TIMP1), del receptor de prolactina (PRLR), de la κ -caseína (CSN3), del sustrato 1 del receptor de insulina (IRS-1) y de los receptores de estrógeno 1 y 2 (ESR1 y ESR2). Estos genes codifican proteínas que influyen en la reproducción, la producción de leche y el crecimiento, aportando características favorables a los gazapos (Helal et al., 2024), es importante señalar que en este caso se mencionan principalmente los genes

como marcadores moleculares; sin embargo, las proteínas que estos codifican también pueden utilizarse como marcadores, aunque su estudio requiere técnicas moleculares distintas como proteómica, que incluye métodos como electroforesis (1D y 2D) y espectrometría de masas (Chakraborty et al., 2022).

Para la identificación de los genes mencionados se emplearon marcadores moleculares tipo SNP, debido a su facilidad de análisis a nivel molecular. La combinación de diferentes técnicas moleculares ha cobrado relevancia en la identificación de genes de interés. La integración de microsatélites y SNP ha permitido caracterizar polimorfismos en el receptor de prolactina (PRLR), evidenciándose una asociación entre el genotipo homocigoto y una mayor producción de leche en conejas (Benedek et al., 2023). Asimismo, el análisis de microsatélites en ADN mitocondrial no ha reportado mutaciones en razas como el baladi local de Oriente Medio y el conejo blanco neozelandés comercial (Safaa et al., 2024). Estos hallazgos resaltan el potencial de los marcadores genéticos en el estudio de las diferentes razas de conejos, contribuyendo a optimizar su cría, producción y comercialización.

Control de la consanguinidad a partir de marcadores moleculares como estrategia de conservación genética en conejos

Los marcadores moleculares constituyen una herramienta clave no solo para la ca-

racterización genética, sino también para el manejo de poblaciones. En el caso de los conejos, la consanguinidad puede generar un riesgo significativo para la productividad y la salud, al propiciar la depresión endogámica. La endogamia hace referencia al cruce entre parientes cercanos, provocando un aumento en la consanguinidad, lo cual sugiere un problema para los productores y para las razas, tanto silvestres como locales, pues un alto grado de consanguinidad incrementa la probabilidad de heredar genes no deseados, bien sea de susceptibilidad a enfermedades o de factores fenotípicos que afecten la producción de carne (Ballan et al., 2022b). El empleo de marcadores moleculares, desde microsatélites hasta paneles SNP y secuenciación de genomas completos, permite cuantificar de manera precisa los niveles de endogamia, mediante estimadores como HO, FIS o a través de medidas ROH y el índice FROH. Esta información es fundamental para organizar los esquemas de reproducción en granjas y poblaciones locales, evitando cruces entre animales emparentados y preservando la vitalidad de la producción.

Paralelamente, los marcadores moleculares en conejos ofrecen una base práctica para la conservación de su diversidad genética. En poblaciones que aún se crían en comunidades rurales, estas herramientas permiten medir la variabilidad real y reconocer variantes únicas (Ballan et al., 2022a; Ping et al., 2025). Un ejemplo es el estudio en conejos del Alto Egipto, donde cerca del 43 % de los alelos detectados eran exclusivos de ciertas poblaciones, lo que evidencia la necesidad de preservarlas en sus propios sistemas de crianza (Emam et al., 2024); de

manera complementaria, los marcadores moleculares también orientan la conformación de bancos de germoplasma, que funcionan como un respaldo frente a la pérdida de diversidad. La recuperación de poblaciones completas a partir de embriones vitrificados durante más de una década confirma que este tipo de reservas permiten conservar linajes minoritarios y recuperar variantes que podrían desaparecer en campo (Marco et al., 2018; Vicente et al., 2023); por otro lado, la FAO respalda que la conservación ex situ (incluyendo almacenamiento criogénico de semen, óvulos o embriones) es una estrategia clave para preservar la variabilidad genética dentro de razas autóctonas, especialmente aquellas en peligro o con pequeña población efectiva. Estos bancos permiten capturar la diversidad genética completa y actuar como reserva frente a eventos desfavorables o pérdida irreversible de población (FAO, 2012). Así, la información genética no solo ayuda a evitar los efectos de la consanguinidad, sino que también guía estrategias de conservación que combinan la preservación en los sistemas productivos locales con la protección en bancos de largo plazo.

Vacíos de conocimiento

El análisis sistemático de los estudios encontrados muestra varios vacíos que limitan la comprensión integral de la diversidad genética en conejos. En los estudios revisados, las razas criollas o locales aparecen con menor frecuencia, lo que reduce el conocimiento disponible sobre su variabilidad genética. Esta situación sugiere la necesidad de ampliar su estudio, considerando no solo su capacidad de adaptación a condiciones es-

pecíficas, sino también su aporte potencial a sistemas de producción más sostenibles. La mayoría de investigaciones se concentran en razas comerciales (NZW, californiano, Chinchilla, Flandes) y en países con infraestructura científica consolidada, como China, Egipto o algunas naciones europeas. Esta brecha geográfica y racial en los estudios compromete la construcción de políticas de conservación que reflejen la diversidad real de los sistemas productivos de conejos.

Desde el enfoque geográfico, se evidencia una fuerte concentración de investigaciones en regiones de Europa Occidental, Egipto y, en menor medida, Asia Oriental, mientras que América, África Subsahariana y Oceanía permanecen ampliamente inexplorados. Esta asimetría geográfica impide una visión global de la diversidad genética de los conejos y limita la comparación entre linajes continentales o ecotipos adaptados a distintas presiones ambientales.

Otro aspecto crítico es la variedad de microsatélites utilizados en los estudios, cada investigación selecciona un conjunto diferente de loci, lo que complica la comparación de resultados y limita la posibilidad de construir bases de datos consolidadas o de realizar análisis comparativos más amplios. En el caso de los conejos, no existe actualmente una lista estandarizada de microsatélites recomendados, lo que sugiere la necesidad de realizar más investigaciones para establecer un panel de referencia común. Por ejemplo, la FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura) ha propuesto paneles estandarizados de microsatélites para especies como bovinos,

búfalos, ovinos, caprinos, caballos, cerdos y aves de corral (FAO, 2011). Sin embargo, el conejo no está incluido en dicha recomendación internacional, lo que denota la necesidad de realizar investigaciones que unifiquen y recomienden los marcadores microsatélites que puedan ser utilizados en estudios para la mejora y conservación de características genéticas que aporten a la producción cunícola.

En varios países, la cría de conejos se ha establecido como una actividad pecuaria organizada, marcada por el uso de técnicas avanzadas, la creación de modelos productivos con diferentes grados de bienestar animal y la participación activa en mercados, tanto de exportación como de importación. En Europa, por ejemplo, se presentan diferentes métodos de manejo que abarcan desde jaulas tradicionales hasta sistemas mejorados y en espacios abiertos; países como España y Hungría destacan como exportadores, y Alemania y Bélgica son los principales destinos comerciales (Compassion in World Farming, 2024). Este panorama global permite comparar la situación actual de Colombia, donde la crianza de conejos tiene un potencial considerable para el desarrollo rural. Según el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural (2018, Mayo 24), hay alrededor de 37 800 unidades de producción que crían aproximadamente 735 000 conejos cada año, sin embargo, a pesar de estas cifras, la cadena de producción de conejos en Colombia enfrenta problemas estructurales, incluyendo la falta de modernización y la urgencia de potenciar la investigación y el desarrollo. El Ministerio de Agricultura ha expresado su compromiso de ayudar a los productores mediante la creación de una

cadena productiva formal, lo que podría mejorar la competitividad y sostenibilidad del sector. En este marco, la revisión de metodologías moleculares aplicadas al análisis de la diversidad genética en conejos se vuelve importante. La adopción de estas herramientas podría facilitar el mejoramiento genético de las poblaciones de conejos en Colombia, al mejorar la producción y la adaptabilidad de las diferentes razas. Además, fortalecería la base científica necesaria para desarrollar políticas públicas y programas de apoyo que fomenten la cadena de producción de conejos en el país.

Adicionalmente, existe una escasa integración entre datos genéticos y fenotípicos, lo cual representa una limitación significativa para los programas de mejoramiento genético y conservación funcional. Son pocos los estudios que correlacionan los perfiles moleculares con características pro-

ductivas, morfológicas o adaptativas. Entre las excepciones, destacan Abdel-Kafy et al. (2018), quienes vinculan datos genéticos con fenotipos observables, lo que permite identificar genotipos favorables para la selección asistida por marcadores; por otro lado, para la producción cunícola, el aprovechamiento de la diversidad genética dentro del paradigma “Una Salud” (One Health) puede impulsar significativamente las prácticas sostenibles, el bienestar animal y la seguridad alimentaria.

En conjunto, las brechas metodológicas, las diferencias geográficas y la diversidad en el uso de marcadores moleculares resaltan la necesidad de fortalecer el estudio de la diversidad genética en conejos con bases más completas y comparables, lo cual permitirá progresar en la formulación de conclusiones sólidas y útiles para la conservación, la mejora de productos y el diseño de políticas basadas en evidencia genética.

4 CONCLUSIONES

Esta revisión sistemática muestra que, si bien existe una variedad de enfoques moleculares aplicados al estudio de la diversidad genética en conejos, su uso ha sido diferente en cuanto a profundidad analítica, cobertura poblacional y disponibilidad tecnológica.

Técnicas que implementan el uso de microsatélites y ADN mitocondrial han sido las más empleadas. En particular, los microsatélites siguen destacándose por su capacidad para estimar variabilidad genética en conejos y han demostrado su utilidad en investigaciones sobre razas comerciales, locales y líneas experimentales, consolidándose como

una herramienta adaptable a distintos objetivos genéticos, especialmente en contextos donde el acceso a tecnologías más avanzadas es limitado. Sin embargo, la falta de un panel unificado de loci ha restringido su comparabilidad entre investigaciones. Avanzar hacia un conjunto común de marcadores contribuiría a fortalecer su aplicabilidad y a generar datos acumulables a nivel regional, nacional y global. En contraste, metodologías más recientes, como los SNP de alto rendimiento o la WGS, ofrecen una resolución mayor y permiten estudiar aspectos funcionales del genoma, pero su adopción puede limitarse a

contextos con mayor disponibilidad tecnológica, debido a los altos costos por sus requerimientos en términos de procesamiento en plataformas especializadas y personal altamente capacitado.

Los marcadores moleculares son herramientas fundamentales para evaluar la consanguinidad en conejos y prevenir sus efectos negativos en la producción. Su aplicación facilita el diseño de esquemas reproductivos más seguros y contribuye a conservar la diversidad genética, especialmente en poblaciones locales. De manera complementaria, el análisis de genes asociados a rasgos productivos, en combinación con diferentes tipos de marcadores, constituye una estrategia eficaz para optimizar la producción cunícola. La identificación de variantes ligadas a características de interés económico y la mayor precisión en las estimaciones genéticas permiten proyectar programas de mejora más eficientes, orientados tanto a la productividad como a la sostenibilidad de los sistemas de cría.

Aunque algunos estudios han comenzado a incluir poblaciones locales, la baja presencia de razas criollas en la literatura revisada sugiere la necesidad de fortalecer su estudio,

especialmente en regiones donde la cunicultura tiene relevancia económica, pero aún carece de representación genética suficiente. Asimismo, avanzar hacia metodologías comparables y criterios compartidos facilitará la construcción de análisis genéticos más robustos y aplicables a distintas realidades productivas.

En ese sentido, la preservación de la diversidad genética en producción cunícola se vincula directamente con los Objetivos de Desarrollo Sostenible, particularmente el ODS 2 (Hambre Cero) y el ODS 12 (Producción y Consumo Responsables) (Naciones Unidas, 2018), ya que mantener una base genética amplia permite fortalecer sistemas agroalimentarios fuertes, sostenibles y adaptables, lo cual cobra especial relevancia dentro del enfoque One Health, que reconoce la interdependencia entre la salud animal, humana y ambiental.

En el marco de este estudio, la identificación de técnicas moleculares apropiadas para evaluar la variabilidad genética en conejos permite fundamentar estrategias de conservación y mejoramiento que contribuyan a una producción más eficiente y sostenible.

CONTRIBUCIÓN DE LA AUTORÍA

Autor 1: se encargó del diseño metodológico, la investigación, la recopilación y análisis de la información, la redacción inicial del manuscrito y su revisión crítica.

Autor 2: realizó el diseño metodológico, colaboró en la revisión bibliográfica, la or-

ganización de la información, el análisis parcial de datos y la revisión del borrador.

Autor 3: brindó la orientación conceptual y metodológica, supervisó el proceso de revisión, apoyó la discusión crítica de los hallazgos y realizó la revisión y edición final del manuscrito.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a la Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, cuyo respaldo

institucional fue esencial para la ejecución del proyecto que dio origen a esta revisión.

FINANCIAMIENTO

La elaboración de este artículo se enmarca en el proyecto “Evaluación de la diversidad genética en conejos de sistemas productivos en dos regiones de Colombia”, en el

marco de la convocatoria interna Modalidad 1 – Acuerdo 055 de 2022 de la Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, aprobado por el Acuerdo 092 de 2023.

USO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Para el resumen gráfico, además de las gráficas creadas en Microsoft 365 - Excel, se generaron artificialmente imágenes de conejos con el modelo Gemini 2.5 Flash, utilizando

la siguiente instrucción: “Evolución genética de conejos”. La imagen se empleó para complementar el resumen gráfico y reforzar la representación visual del contenido.

CONFLITO DE INTERESES

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

LITERATURA CITADA

Abdel-Kafy, E. M., Ahmed, S. S., El-Keredy, A., Ali, N. I., Ramadan, S. & Farid, A. (2018). Genetic and phenotypic characterization of the native rabbits in Middle Egypt. *Veterinary World*, 11(8), 1120. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2018.1120-1126>

Adeolu, A. I., Wheto, M., Oleforuh-Okoleh, V. U., Nwose, R. N., Adenaike, A. S., Yakubu, A., Abiola, E. M. & Mohammed, B. G.

(2021). Genetic Diversity of Rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) Population in South Eastern Nigeria Using Microsatellite Markers. *Tropical Animal Science Journal*, 44(3), 280. <https://doi.org/10.5398/tasj.2021.44.3.280>

Ahamba, I. S., Mary-Cynthia Ikele, C., Kinkpe, L., Goswami, N., Wang, H., Li, Z., Ren, Z. & Dong, X. (2024). Unraveling the ge-

- netic and epigenetic landscape governing intramuscular fat deposition in rabbits: Insights and implications. *Food Chemistry: Molecular Sciences*, 9, 100222. <https://doi.org/10.1016/j.fochms.2024.100222>
- Ahmed, S., Ali, N. I., Darwish, H. R., Salem, L. M., Elsayad, R. I. & El-Keredy, A. (2023). Genetic Characterization of Myf5 and POU1F1 Genes in Different Egyptian Local Rabbit Breeds and Their Association with Growth Traits. *Biochemical Genetics*, 62(5), 3540. <https://doi.org/10.1007/s10528-023-10604-5>
- Ahmed, S. S. E., Ali, N. I., Abdelhafez, M. A., Darwish, H. R. & El-Keredy, A. (2022). Mitochondrial D-loop sequences and haplotypes diversity in Egyptian rabbit breeds. *World Rabbit Science*, 30(3), 201-207. <https://doi.org/10.4995/wrs.2022.17235>
- Alves, J. M., Carneiro, M., Cheng, J. Y., Lemos de Matos, A., Rahman, M. M., Loog, L., Campos, P. F., Wales, N., Eriksson, A., Manica, A., Strive, T., Graham, S. C., Afonso, S., Bell, D. J., Belmont, L., Day, J. P., Fuller, S. J., Marchandea, S., Palmer, W. J., ... Jiggins, F. M. (2019). Parallel adaptation of rabbit populations to myxoma virus. *Science*, 363(6433), 1319-1326. <https://doi.org/10.1126/science.aau7285>
- Am, E., Makhoulf, M. M., Kunci, K., Genetik, K., Lokal, K. & Hulu, M. (2024). Estimating the Genetic Situation of Native Upper Egypt Subpopulations of Rabbits Using Microsatellite Markers. *Indonesian Journal of Animal and Veterinary Sciences*, 29(2). <http://dx.doi.org/10.14334/jitv.v29i2.3428>
- ASEMUCE. (2015). *Historia, caracterización y situación actual del conejo Antiguo Pardo Español*. https://www.ucm.es/data/cont/docs/345-2016-12-07-Raza_Conejos_Antiguo_Pardo_Espa%C3%B1ol.pdf
- Ayyat, M. S., El-Monem, U. M. A., Moustafa, M. M. A., Al-Sagheer, A. A., Mahran, M. D. & El-Attrouny, M. M. (2024). Genetic assessment of litter size, body weight, carcass traits and gene expression profiles in exotic and indigenous rabbit breeds: a study on New Zealand White, Californian, and Gabalirabbits in Egypt. *Trop Anim Health Prod* 56, 244. <https://doi.org/10.1007/s11250-024-04082-z>
- Badr, O., El-Shawaf, I., Khalil, M., Refaat, M. & Ramadan, S. (2019). Molecular genetic diversity and conservation priorities of Egyptian rabbit breeds. *World Rabbit Science*, 27(3) 135-141. <https://doi.org/10.4995/wrs.2019.8923>
- Bai, Y., Lin, W., Xu, J., Song, J., Yang, D., Chen, Y. E., Li, L., Li, Y., Wang, Z. & Zhang, J. (2021). Improving the genome assembly of rabbits with long-read sequencing. *Genomics*, 113(5), 3216-3223. <https://doi.org/10.1016/j.ygeno.2021.05.031>
- Ballan, M., Bovo, S., Schiavo, G., Schiavitto, M., Negrini, R. & Fontanesi, L. (2022a). Genomic diversity and signatures of selection in meat and fancy rabbit breeds based on high-density marker data. *Genetics Selection Evolution*, 54(3). <https://doi.org/10.1186/s12711-022-00696-9>
- Ballan, M., Schiavo, G., Bovo, S., Schiavitto, M., Negrini, R., Frabetti, A., Fornasini, D. & Fontanesi, L. (2022b). Comparative

- analysis of genomic inbreeding parameters and runs of homozygosity islands in several fancy and meat rabbit breeds. *Animal Genetics*, 53(6), 849-862. <https://doi.org/10.1111/age.13264>
- Benedek, I., Altbäcker, V., Zsolnai, A., Nagy, I., Mezőszentgyörgyi, D. & Molnár, T. (2023). The Role of PRLR Gene Polymorphisms in Milk Production in European Wild Rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). *Animals: An Open Access Journal from MDPI*, 13(4), 671. doi: 10.3390/ani13040671. <https://doi.org/10.3390/ani13040671>
- Bertolini, F., Schiavo, G., Scotti, E., Ribani, A., Martelli, P. L., Casadio, R. & Fontanesi, L. (2014). High-throughput SNP discovery in the rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) genome by next-generation semiconductor-based sequencing. *Animal Genetics*, 45(2), 304-307. <https://doi.org/10.1111/age.12121>
- Bouhali, A., Homrani, A., Ferrand, N., Lopes, S. & Emam, A. M. (2023). Assessment of genetic diversity among native Algerian rabbit populations using microsatellite markers. *Archives Animal Breeding*, 66(3), 207-215. <https://doi.org/10.5194/aab-66-207-2023>
- Branco, M., Ferrand, N. & Monnerot, M. (2000). Phylogeography of the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) in the Iberian Peninsula inferred from RFLP analysis of the cytochrome *b* gene. *Heredity*, 85, 307-317. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2540.2000.00756.x>
- Branco, M., Monnerot, M., Ferrand, N. & Templeton, A. R. (2002). Postglacial dispersal of the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) on the Iberian peninsula reconstructed from nested clade and mismatch analyses of mitochondrial DNA genetic variation. *International Journal of Organic Evolution*, 56(4), 792-803. <https://doi.org/10.1111/j.0014-3820.2002.tb01390.x>
- Carneiro Vieira, M. L., Santini, L., Lima Diniz, A. & Freitas Munhoz, C. (2016). Microsatellite markers: what they mean and why they are so useful. *Genetics and Molecular Biology*, 39(3), 312-328. <https://doi.org/10.1590/1678-4685-GMB-2016-0027>
- Casane, D., Dennebouy, N., de Rochambeau, H., Mounolou, J. C. & Monnerot, M. (1994). Genetic analysis of systematic mitochondrial heteroplasmy in rabbits. *Genetics*, 138(2), 471-480. <https://doi.org/10.1093/genetics/138.2.471>
- Casto-Rebollo, C., Argente, M. J., García, M. L., Pena, R. & Ibáñez-Escriche, N. (2020). Identification of functional mutations associated with environmental variance of litter size in rabbits. *Genetics, selection, evolution: GSE*, 52(1), 22. <https://doi.org/10.1186/s12711-020-00542-w>
- Chakraborty, D., Sharma, N., Kour, S., Sodhi, S. S., Gupta, M. K., Lee, S. J. & Son, Y. O. (2022). Applications of Omics Technology for Livestock Selection and Improvement. *Frontiers in Genetics*, 13, 774113. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.774113>
- Chantry-Darmon, C., Urien, C., Hayes, H., Bertaud, M., Chadi-Taourit, S., Chardon, P., Vaiman, D. & Rogel-Gaillard, C. (2005). Construction of a cytogenetically anchored microsatellite map

- in rabbit. *Mammalian Genome*, 16(6), 442-459. <https://doi.org/10.1007/s00335-005-2471-z>
- Compassion in world farming food business. (2024). Information Sheet Rabbit Meat Production. <https://www.compassionin-foodbusiness.com/media/7458150/rabbit-production-global-review-2024.pdf>
- Cuevas, M. F., Chillo, V., Marchetta, A. & Ojeda, R. A. (2011). Mammalia, Lagomorpha, Leporidae, *Oryctolagus cuniculus* Linnaeus, 1758: New record and its potential dispersal corridors for northern Mendoza, Argentina. *Check List*, 7(4), 565-566. <https://doi.org/10.15560/7.4.565>
- Cullere, M. & Dalle Zotte, A. (2018). Rabbit meat production and consumption: State of knowledge and future perspectives. *Meat Science*, 143, 137-146. <https://doi.org/10.1016/j.meatsci.2018.04.029>
- Darwish, H. Y. A. & Emam, A. M. (2024). Mitochondrial DNA (mtDNA) genetic variability of cytochrome B gene (CYTB) in three populations of native rabbits in Egypt. *Reproduction and Breeding*, 4(3), 148-154. <https://doi.org/10.1016/j.rep-bre.2024.06.002>
- El-Sabrou, K. (2017). Associations between single-nucleotide polymorphisms of melanocortin gene and sexual desire behavior in rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). *Journal of Veterinary Behavior*, 19, 69-71. <https://doi.org/10.1016/j.jveb.2017.02.005>
- Elsayed, N., Mandour, A. E. E., Amin, M. K. A., Reda, F. M., Taha, H. S. A., Di Cerbo, A., Azzam, M. M. & Alagawany, M. (2024). Evaluation of genetic diversity within different rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) genotypes utilizing start codon targeted (SCoT) and inter-simple sequence repeat (ISSR) molecular markers. *Archives Animal Breeding*, 67(3), 285-295. <https://doi.org/10.5194/aab-67-285-2024>
- Emam, A., Makhoul, M., Faid-Allah, E. (2024). Estimating the Genetic Situation of Native Upper Egypt Subpopulations of Rabbits Using Microsatellite Markers. *Jurnal Ilmu Ternak Dan Veteriner*, <https://doi.org/10.14334/jitv.v29i2.3428>
- Ennafaa, H., Monnerot, M., El Gaaïed, A. & Petit, C. (1987). Rabbit mitochondrial DNA: Preliminary comparison between some domestic and wild animals. *Genetics Selection Evolution*, 19, 279-287. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-19-3-279>
- Etukudo, O. M., Ekerette, E. E., Johnson, E. I. & Okon, B. (2024). A mini review on the nutritional benefits of rabbit meat. *Nutrition & Food Science International Journal*, 13(4). https://www.researchgate.net/profile/Om-Etukudo/publication/385635807_Etukudo_OM_Nutri_Food_Sci_Int_J_A_Mini_Review_on_the_Nutritional_Benefits_of_Rabbit_Meat/links/672db839db208342def2c148/Etukudo-OM-Nutri-Food-Sci-Int-J-A-Mini-Review-on-the-Nutritional-Benefits-of-Rabbit-Meat.pdf
- Fekete, Z., Németh, Z., Ninausz, N., Fehér, P., Schiller, M., Alnajjar, M., Szenes, Á., Nagy, T., Stéger, V., Kontra, L. & Barta, E. (2025). Whole-Genome Sequencing-Based Population Genetic Analysis of

- Wild and Domestic Rabbit Breeds. *Animals*, 15(6), 775. <https://doi.org/10.3390/ani15060775>
- Goswami, N., Solomon Ahamba, I., Kinkpe, L., Mujtaba Shah, A., Xiangyang, Y., Song, B., Dong, X., Wang, S. & Ren, Z. (2025). Enhancing rabbit farming efficiency with integrated genomics and nutritional strategies. *Frontiers in Animal Science*, 16(5). <https://doi.org/10.3389/fanim.2024.1514923>
- Hardy, C., Vigne, J., Casañe, D., Dennebrouy, N., Mounolou, J. C. & Monnerot, M. (1994). Origin of European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) in a Mediterranean island: Zooarchaeology and ancient DNA examination. *Journal of Evolutionary Biology*, 7(2). <https://doi.org/10.1046/j.1420-9101.1994.7020217.x>
- Helal, M., Sameh, J., Gharib, S., Merghany, R. M., Bozhilova-Sakova, M. & Ragab, M. (2024). Candidate genes associated with reproductive traits in rabbits. *Tropical Animal Health and Production*, 56(2), 94. <https://doi.org/10.1007/s11250-024-03938-8>
- Jochová, M., Novák, K., Kott, T., Volek, Z., Majzlík, I. & Tůmová, E. (2017). Genetic characterization of Czech local rabbit breeds using microsatellite analysis. *Livestock Science*, 201, 41-49. <http://dx.doi.org/10.1016/j.livsci.2017.03.025>
- Krüger, J. & Schleinitz, D. (2017). Genetic Fingerprinting Using Microsatellite Markers in a Multiplex PCR Reaction: A Compilation of Methodological Approaches from Primer Design to Detection Systems. *Methods in Molecular Biology (Clifton, N.J.)*, 1492, 1-15. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-6442-0_1
- Ladoukakis, E. D. & Zouros, E. (2017). Evolution and inheritance of animal mitochondrial DNA: rules and exceptions. *Journal of Biological Research-Thessaloniki*, 24(1), 2. <https://doi.org/10.1186/s40709-017-0060-4>
- Li, J., Zhao, B., Chen, Y., Zhao, B., Yang, N., Hu, S., Shen, J. & Wu, X. (2020). A Genetic Evaluation System for New Zealand White Rabbit Germplasm Resources Based on SSR Markers. *MDPI AG*, 10(8), 1258. <https://doi.org/10.3390/ani10081258>
- Marco, F., Baselga, M. & Vicente, J. S. (2018). Successful re-establishment of a rabbit population from embryos vitrified 15 years ago: The importance of biobanks in livestock conservation. *PloS One*, 13(6), e0199234. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0199234>
- Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural. (2018, Mayo 24). MinAgricultura busca apoyar a cerca de 39 mil familias productoras de carne de conejo, conformando la cadena productiva. <https://www.minagricultura.gov.co/noticias/Paginas/MinAgricultura-busca-apoyar-a-cerca-de-39-mil-familias-productoras-de-carne-de-conejo,-conformando-la-cadena-productiva.aspx>
- Monnerot M., Loreille O., Mougél F., Vachot A.M., Dennebrouy N., Callou C., Vigne J.D., Mounolou J.C. (1996). The european rabbit: wild population evolution and do-

- mestication, 331-334. <https://hal.science/hal-03132972>
- Naciones Unidas. (2018). Comisión Económica para América Latina y el Caribe (CEPAL). La Agenda 2030 y los Objetivos de Desarrollo Sostenible: una oportunidad para América Latina y el Caribe (LC/G.2681-P/Rev.3). CEPAL. <https://repositorio.cepal.org/handle/11362/40155>
- Nagy, I. & Nguyen, T. A. (2023). Characterizing and Eliminating the Inbreeding Load. *Veterinary Sciences*, 11(1), 8. <https://doi.org/10.3390/vetsci11010008>
- Nerkowski, S. A., Waits, L. P., Warheit, K. I. & Hohenlohe, P. A. (2024). Range-wide genomic analysis of pygmy rabbits (*Brachylagus idahoensis*) reveals genetic distinctiveness of the endangered Columbia Basin population. *Authorea, Inc.* <https://doi.org/10.22541/au.172803999.95406825/v1>
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura [FAO]. (2011). Molecular genetic characterization of animal genetic resources. *FAO Animal Production and Health Guidelines*, 9. <https://www.fao.org/4/i2413e/i2413e00.pdf>
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura [FAO]. (2012). Cryoconservation of animal genetic resources. *FAO Animal Production and Health Guidelines*, 12. <https://www.fao.org/4/i3017e/i3017e00.htm>
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura [FAO]. (2025). FAOSTAT [Conjunto de datos]. <https://www.fao.org/faostat/es/#data/QCL>
- Page, M. J., Moher, D., Bossuyt, P. M., Bou-tron, L., Hoffmann, T. C., Mulrow, C. D., Shamseer, L., Tetzlaff, J. M., Akl, E. A., Brennan, S. E., Chou, R., Glan-ville, J., Grimshaw, J. M., Hróbjarts-son, A., Lalu, M. M., Li, T., Loder, E. W., Mayo-Wilson, E., McDonald, S. ... & McKenzie, J. E. (2021). PRISMA 2020 explanation and elaboration: updated guidance and exemplars for reporting systematic reviews. *BMJ*, 372(160). <https://doi.org/10.1016/j.recresp.2021.06.016>
- Ping, X., Chen, Y., Wang, H., Jin, Z., Duan, Q., Ren, Z. & Dong, X. (2025). Whole-genome sequencing reveals patterns of runs of homozygosity underlying genetic diversity and selection in domestic rabbits. *BMC Genomics*, 26(1). <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11616-8>
- Priyono, D. S., Rafina, N., Arisuryanti, T., Lesmana, I., Yustian, I., & Setiawan, A. (2025). The first complete mitochondrial genome of Sumatran striped rabbit *Nesolagus netscheri* (Schlegel, 1880), and its phylogenetic relationship with other Leporidae. *Scientific Reports*, 15(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-025-85212-x>
- Queney, G., Ferrand, N., Weiss, S., Mougél, F. & Monnerot, M. (2001). Stationary distributions of microsatellite loci between divergent population groups of the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). *Molecular Biology and Evolution*, 18(12), 2169–2178. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a003763>

- Rabie, T. S. K. M. (2020). Assessment of Genetic Variability and Population Structure of Five Rabbit Breeds by Microsatellites Markers Associated with Genes. *Journal of World's Poultry Research*, 10(2s), 125-132. <https://doi.org/10.36380/jwpr.2020.17>
- Ren, A., Du, K., Jia, X., Yang, R., Wang, J., Chen, S. & Lai, S. (2019). Genetic diversity and population structure of four Chinese rabbit breeds. *Public Library of Science (PLOS ONE)*, 14(9). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0222503>
- Safaa, H. M., Helal, M., Yasser, S., Raafat, Z., Ayman, H., Mostafa, H., Bozhilova-Sakova, M. & Elsayed, D. A. A. (2024). Genome-Wide in Silico Analysis of Microsatellite Loci in Rabbits. *Animals*, 14(24), 3659. <https://doi.org/10.3390/ani14243659>
- Safaa, H. M., Ragab, M., Ahmed, M., El-Gammal, B. & Helal, M. (2023). Influence of polymorphisms in candidate genes on carcass and meat quality traits in rabbits. *Public Library of Science (PLOS ONE)*, 18(11). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0294051>
- Setiaji, A., Lestari, D. A., Pandupuspitasari, N. S., Agusetyaningsih, I. & Khan, F. A. (2023). Genetic characteristics of complete mtDNA genome sequence of Indonesian local rabbit (*Oryctolagus cuniculus*). *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 21(1), 96. <https://doi.org/10.1186/s43141-023-00546-1>
- Sternstein, I., Reissmann, M., Maj, D., Bieniek, J. & Brockmann, G. A. (2014). A new single nucleotide polymorphism in the rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) *myostatin* (*MSTN*) gene is associated with carcass composition traits. *Animal Genetics*, 45(4), 596-599. <https://doi.org/10.1111/age.12165>
- Surridge, A. K., Bell, D. J., Rico, C. & Hewitt, G. M. (1997). Polymorphic microsatellite loci in the European rabbit (*Oryctolagus cuniculus*) are also amplified in other lagomorph species. *Animal Genetics*, 28(4), 302-305. [10.1111/j.1365-2052.1997.00137.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1997.00137.x)
- Van Haeringen, W. A., Bieman, M. G. D., Lankhorst, Æ, Van Lith, H. A. & Van Zutphen, L. F. M. (2002). Application of AFLP markers for QTL mapping in the rabbit. *Genome*, 45(5), 914-921. <https://doi.org/10.1139/g02-060>
- Van Haeringen, W. A., van de Goor, L. H. P., Panneman, H., van Lith, H. A., van Haeringen, H. & van Zutphen, L. F. M. (2003). Detection of universal variable fragments as markers for genetic studies. A novel technology for DNA fingerprinting. *Molecular Biotechnology*, 23(2), 117-125. <https://doi.org/10.1385/MB:23:2:117>
- Vicente, J. S., Viudes-de-Castro, M. P. & Marco-Jiménez, F. (2023). In vivo rabbit embryo production and cryopreservation review. Application to ex situ conservation and rederivation. *World Rabbit Science*, 31(2). Universitat Politècnica de Valencia. <https://doi.org/10.4995/wrs.2023.18412>
- Vicente, J. S., Viudes-de-Castro, M. P., Lavara, R. & Mocé, E. (2001). Polimorfismo de 13 microsatélites en una línea seleccionada de conejos. <https://www.aida-itea>

org/aida-itea/files/jornadas/2001/comunicaciones/2001_Gen_11.pdf

Villegas. (2018, May 24,). Min Agricultura busca apoyar a cerca de 39 mil familias productoras de carne de conejo, conformando la cadena productiva. Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural. <https://www.minagricultura.gov.co/noticias/Paginas/MinAgricultura-busca-apoyar-a-cerca-de-39-mil-familias-productoras-de-carne-de-conejo,-conformando-la-cadena-productiva.aspx>

Wang, X., Zeng, H. M., Wang, Y., Luo, Y., Yao, X. P. & Yang, Z. (2021). The complete mitochondrial DNA sequence of Chuanbai Rex rabbit (*Oryctolagus cuniculus*).

Mitochondrial DNA Part B, 6(1), 129-130. <https://doi.org/10.1080/23802359.2020.1848476>

Yao, C. Y., Li, Y. Y., Liu, L. X., Ma, C., Liu, Y. G. & Liu, Y. H. (2019). The complete mitochondrial DNA sequence of Yimeng wool rabbit. *Mitochondrial DNA. Part B*, 4(2), 3858-3859. <https://doi.org/10.1080/23802359.2019.1687022>

Ziege, M., Theodorou, P., Jüngling, H., Merker, S., Plath, M., Streit, B. & Lerp, H. (2020). Population genetics of the European rabbit along a rural-to-urban gradient. *Scientific Reports*, 10(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-57962-3>

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.



Licencia de Creative Commons

Revista de Investigación Agraria y Ambiental is licensed under a Creative Commons Reconocimiento - No Comercial - Compartir Igual 4.0 Internacional License.

