

UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN ANTONIO ABAD DEL CUSCO

FACULTAD DE AGRONOMIA Y ZOOTECNIA

ESCUELA PROFESIONAL DE ZOOTECNIA



TESIS

**ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA EL PESO AL
NACIMIENTO, PESO AL DESTETE Y PESO A OCHO SEMANAS
DE CUYES (*Cavia porcellus*) CRIADOS EN EL CENTRO
AGRONÓMICO K'AYRA - CUSCO**

PRESENTADA POR:

Br. AYNE HUACCANQUI CHECCO

**PARA OPTAR AL TÍTULO PROFESIONAL
DE INGENIERO ZOOTECNISTA**

ASESOR:

Ph.D. GONZALO WLADIMIR GONZALES
APARICIO

CUSCO - PERÚ

2026



Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco

INFORME DE SIMILITUD

(Aprobado por Resolución Nro.CU-321-2025-UNSAAC)

El que suscribe, el Asesor ING. PhD. GONZALO WLADIMIR GONZALES APARCIO, quien aplica el software de detección de similitud al trabajo de investigación/tesis titulada: "ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA EL PESO AL NACIMIENTO, PESO AL DEBETE Y PESO A OCHO SEMANAS DE CUYES (Cavia porcellus) CRIADOS EN EL CENTRO AGRONÓMICO K'AYRA - CUSCO"

Presentado por: AYNE HUACCANQUI CHECCO DNI N° 60441306;

presentado por: DNI N°:

Para optar el título Profesional/Grado Académico de INGENIERO ZOOTECNISTA

Informo que el trabajo de investigación ha sido sometido a revisión por 03 veces, mediante el Software de Similitud, conforme al Art. 6° del **Reglamento para Uso del Sistema Detección de Similitud en la UNSAAC** y de la evaluación de originalidad se tiene un porcentaje de 6 %.

Evaluación y acciones del reporte de coincidencia para trabajos de investigación conducentes a grado académico o título profesional, tesis

Porcentaje	Evaluación y Acciones	Marque con una (X)
Del 1 al 10%	No sobrepasa el porcentaje aceptado de similitud.	<input checked="" type="checkbox"/>
Del 11 al 30 %	Devolver al usuario para las subsanaciones.	<input type="checkbox"/>
Mayor a 31%	El responsable de la revisión del documento emite un informe al inmediato jerárquico, conforme al reglamento, quien a su vez eleva el informe al Vicerrectorado de Investigación para que tome las acciones correspondientes; Sin perjuicio de las sanciones administrativas que correspondan de acuerdo a Ley.	<input type="checkbox"/>

Por tanto, en mi condición de Asesor, firmo el presente informe en señal de conformidad y adjunto las primeras páginas del reporte del Sistema de Detección de Similitud.

Cusco, 15 de ENERO de 2026

Firma

Post firma Ing. PhD. Gonzalo Wladimir Gonzales Aparicio

Nro. de DNI 41285829

ORCID del Asesor 0000-0002-4682-6591

Se adjunta:

- Reporte generado por el Sistema Antiplagio.
- Enlace del Reporte Generado por el Sistema de Detección de Similitud: **oid:** 27259;546331608

AYNE HUACCANQUI

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA EL PESO AL NACIMIENTO, PESO AL DESTETE Y PESO A OCHO SEMANAS DE CUYES (*Cavia porcellus*) CRIADOS EN EL CENTRO AGRONÓMICO K'AYRA - CUSCO

 Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco

Detalles del documento

Identificador de la entrega

trn:oid:::27259:546331508

Fecha de entrega

14 ene 2026, 10:53 p.m. GMT-5

Fecha de descarga

14 ene 2026, 11:09 p.m. GMT-5

Nombre del archivo

TESIS FINAL AYNE - IMPRIMIR.docx

Tamaño del archivo

1.5 MB

76 páginas

14.657 palabras

78.059 caracteres

6% Similitud general

El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para ca...




Filtrado desde el informe

- Bibliografía
- Texto citado
- Texto mencionado
- Coincidencias menores (menos de 12 palabras)

Exclusiones

- N.º de coincidencias excluidas

Fuentes principales

- 5%  Fuentes de Internet
- 2%  Publicaciones
- 3%  Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

Marcas de integridad

N.º de alertas de integridad para revisión

No se han detectado manipulaciones de texto sospechosas.

Los algoritmos de nuestro sistema analizan un documento en profundidad para buscar inconsistencias que permitirían distinguirlo de una entrega normal. Si advertimos algo extraño, lo marcamos como una alerta para que pueda revisarlo.

Una marca de alerta no es necesariamente un indicador de problemas. Sin embargo, recomendamos que preste atención y la revise.

DEDICATORIA

A mi querida madre, Inocencia Checco Villegas, motivo de mi mayor esfuerzo y dedicación, gracias por cada sacrificio realizado para que alcance mis metas, por su cariño incondicional y por ser ejemplo de perseverancia que me impulsa a seguir adelante.

A mi hermana Pamela y a mi cuñado Jesús, quienes fueron un apoyo constante con sus consejos y palabras de aliento en los momentos de mayor exigencia, en las noches de desvelo y días de sacrificio en los que siempre me impulsaron a alcanzar mis metas, gracias por ser un estímulo fundamental para culminar mis estudios.

A mis amigos con quienes pase momentos increíbles en la universidad, su amistad y compañía hicieron de este camino no solo un trabajo académico, sino una experiencia de crecimiento y compañerismo que guardare siempre en mi corazón.

AGRADECIMIENTO

Deseo expresar mi más sincero agradecimiento a todas las personas que hicieron posible la culminación de este trabajo de investigación. Por medio de estas líneas, quiero reconocer profundamente a quienes, de manera directa o indirecta contribuyeron en mi formación académica.

En primer lugar, a Dios, por iluminar mi camino con mucha sabiduría y fortaleza, darme fuerzas cuando más lo necesite y por regalarme la fe para alcanzar mis sueños.

A mi asesor, el Ing. Ph.D. Gonzalo Wladimir Gonzales Aparicio, por su valiosa orientación, dedicación, tiempo brindado y constante apoyo en el desarrollo y redacción de esta investigación.

ÍNDICE

DEDICATORIA	I
AGRADECIMIENTO	II
GLOSARIO DE TÉRMINOS	X
RESUMEN	XI
ABSTRACT.....	XII
I. INTRODUCCIÓN	1
II. PROBLEMA OBJETO DE ESTUDIO.....	2
2.1 IDENTIFICACIÓN DEL PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN	2
2.2 PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN	2
2.2.1 PREGUNTA GENERAL	2
2.2.2 PREGUNTAS ESPECÍFICAS.....	3
III. OBJETIVOS Y JUSTIFICACIÓN	4
3.1 OBJETIVOS.....	4
3.1.1 OBJETIVO GENERAL	4
3.1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	4
3.2 JUSTIFICACIÓN.....	4
IV. MARCO TEÓRICO.....	6
4.1 ANTECEDENTES DE LA INVESTIGACIÓN.....	6
4.1.1 ANTECEDENTES INTERNACIONALES	6
4.1.2 ANTECEDENTES NACIONALES	6
4.1.3 ANTECEDENTES LOCALES.....	7
4.2 GENERALIDADES DEL CUY	8
4.3 CLASIFICACIÓN TAXONÓMICA DEL CUY	8
4.4 CARACTERÍSTICAS PRODUCTIVAS DEL CUY	9
4.5 ESTRUCTURA GENÉTICA DE LAS POBLACIONES ANIMALES	9

4.5.1	LÍNEAS.....	10
4.5.2	RAZAS.....	11
4.6	MEJORAMIENTO GENÉTICO EN CUYES.....	13
4.7	PARÁMETROS GENÉTICOS.....	14
4.7.1	HEREDABILIDAD O ÍNDICE DE HERENCIA.....	14
4.7.2	CORRELACIONES GENÉTICAS.....	15
4.8	MÉTODO DE MÁXIMA VEROSIMILITUD RESTRINGIDA PARA LA ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS.....	16
4.8.1	MODELO ANIMAL	16
V.	METODOLOGÍA DEL ESTUDIO.....	18
5.1	LUGAR DEL EXPERIMENTO.....	18
5.1.2	CARACTERÍSTICAS DE LA UNIDAD DE ESTUDIO	18
5.1.3	DURACIÓN DEL ESTUDIO.....	19
5.2	TIPO DE INVESTIGACIÓN	19
5.3	POBLACIÓN DE ESTUDIO	19
5.4	MATERIALES.....	20
5.4.1	MATERIAL DE CAMPO	20
5.4.2	EQUIPOS.....	20
5.4.3	SOFTWARES EMPLEADOS	20
5.4.4	MATERIAL BIOLÓGICO	20
5.5	VARIABLES DE ESTUDIO	20
5.5.1	VARIABLES DE RESPUESTA	20
5.5.2	VARIABLES EXPLICATIVAS	21
5.6	MÉTODOS	21
5.6.1	MÉTODOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS	21
5.6.2	MÉTODOS PARA EL ANÁLISIS DE DATOS	23
VI.	RESULTADOS Y DISCUSIONES.....	26

6.1	ESTIMACIÓN DE HEREDABILIDAD DE CUATRO LÍNEAS DE CUYES CRIADOS EN EL CENTRO AGRONÓMICO DE K'AYRA	26
6.2	ESTIMACIÓN DE LA CORRELACIÓN GENÉTICA DE CUATRO LÍNEAS DE CUYES CRIADOS EN EL CENTRO AGRONÓMICO DE K'AYRA	30
6.3	COMPARACIÓN DE LOS PARÁMETROS GENÉTICOS ESTIMADOS ENTRE LAS CUATRO LÍNEAS	32
6.3.1	COMPARACIÓN DE HEREDABILIDAD OBTENIDO POR EL MODELO UNICARACTER EN LAS CUATRO LÍNEAS EVALUADAS	32
6.3.2	COMPARACIÓN DE CORRELACIONES GENÉTICAS OBTENIDAS CON MODELOS MULTICARACTER EN LAS CUATRO LÍNEAS EVALUADAS	35
VII.	CONCLUSIONES.....	38
VIII.	RECOMENDACIONES	39
IX.	BIBLIOGRAFÍA.....	40
X.	ANEXOS.....	44

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Taxonomía del cuy	8
Tabla 2. Características productivas en la producción de cuyes	9
Tabla 3. Estimación de heredabilidad en cuyes (<i>Cavia porcellus</i>)	15
Tabla 4. Resultados de estimación de correlaciones genéticas en cuyes..	16
Tabla 5. Modelo de registro productivo y genealógico utilizado para la recolección de datos en cuyes del Centro Agronómico de K'ayra.....	22
Tabla 6. Estructura de datos de cuatro líneas de cuyes evaluadas para el peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD) y peso a ocho semanas (P8S)	26
Tabla 7. Estimaciones de heredabilidad para el peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD) y peso a ocho semanas (P8S) en cuatro líneas de cuyes, obtenidas mediante modelos unicaracter y multicaracter	27
Tabla 8. Estimación de la correlación genética para las cuatro líneas con las distintas combinaciones de las características	30
Tabla 9. Resultados de heredabilidad, estimado mediante el modelo unicaracter del PN, PD y P8S en cuatro líneas de cuyes (<i>Cavia porcellus</i>) criados en el Centro Agronómico K'ayra	34
Tabla 10. Valores estimados de las correlaciones genéticas entre caracteres productivos (PN-PD, PN-P8S y PD-P8S) en cuatro líneas de cuyes (<i>Cavia porcellus</i>) criados en el Centro Agronómico K'ayra.....	37

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Línea Saños de cuyes desarrollada por el INIA.....	10
Figura 2. Línea Mantaro de cuyes desarrollada por el INIA.....	11
Figura 3. Raza Perú de cuyes desarrollado por el INIA	12
Figura 4. Raza Andina de cuyes desarrollada por el INIA.....	12
Figura 5. Raza Inti de cuyes desarrollada por el INIA	13
Figura 6. Raza Kuri de cuyes desarrollada por el INIA	13

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1. Líneas de cuyes de la granja K'ayra.....	45
Anexo 2. Modelo de datos empleado en el Software VCE.....	46
Anexo 3. Estimación del índice de herencia para la línea 1 utilizando el Software VCE para el PN, PD y P8S con el modelo unicaracter	47
Anexo 4. Estimación del índice de herencia para la línea 2 utilizando el Software VCE para el PN, PD y P8S con el modelo unicaracter	48
Anexo 5. Estimación del índice de herencia para la línea 3 utilizando el Software VCE para el PN, PD y P8S con el modelo unicaracter	49
Anexo 6. Estimación del índice de herencia para la línea 4 utilizando el Software VCE para el PN, PD y P8S con el modelo unicaracter	50
Anexo 7. Estimación de correlación genética para la línea 1 utilizando el Software VCE.....	51
Anexo 8. Estimación de correlación genética para la línea 2 utilizando el Software VCE.....	52
Anexo 9. Estimación de correlación genética para la línea 3 utilizando el Software VCE.....	53
Anexo 10. Estimación de correlación genética para la línea 4 utilizando el Software VCE.....	54
Anexo 11. Aplicación de la prueba t para la comparación del índice de herencia de cuyes de la línea 1	55
Anexo 12. Aplicación de la prueba t para la comparación del índice de herencia de cuyes de la línea 2	57
Anexo 13. Aplicación de la prueba t para la comparación del índice de herencia de cuyes de la línea 3	58

Anexo 14. Aplicación de la prueba t para la comparación del índice de herencia de cuyes de la línea 4	59
Anexo 15. Análisis comparativo del índice de herencia entre las cuatro líneas comerciales de cuyes (<i>Cavia porcellus</i>).....	60
Anexo 16. Análisis comparativo de las correlaciones genéticas entre las cuatro líneas comerciales de cuyes (<i>Cavia porcellus</i>)	62

GLOSARIO DE TÉRMINOS

BLUP: Best Linear Unbiased Prediction (mejor predictor lineal insesgado)

ES: Error estándar de la estimación

h^2 : Heredabilidad o índice de herencia

P8S: Peso a ocho semanas

PD: Peso al destete

PN: Peso al nacimiento

REML: Máxima verosimilitud restringida

VCE: Estimación de componentes de varianza

Líneas: Grupo de animales con base genética común y rasgos uniformes, obtenidos por selección o consanguinidad controlada.

Raza: Conjunto de individuos de una misma especie con características genéticas y fenotípicas estables, fijadas por selección humana.

Población: Conjunto de individuos de una misma especie que comparten una base genética común y se reproducen entre sí.

RESUMEN

El estudio tuvo como objetivo estimar la heredabilidad y las correlaciones genéticas del peso al nacimiento, peso al destete y peso a ocho semanas en cuatro líneas de cuyes: línea 1 (tipo Perú), línea 2 (tipo Inti), línea 3 (tipo Andino) y línea 4 “San Antonio”, criadas en la unidad de producción de cuyes del Centro Agronómico K’ayra de la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. La investigación fue de tipo descriptivo, observacional, no experimental y retrospectivo, basada en registros productivos y genealógicos de 3,523 animales recolectados entre enero de 2021 hasta junio del 2024. Los análisis se realizaron mediante modelos mixtos unicaracter y multicaracter, utilizando el software VCE y el lenguaje de programación R. Los resultados mostraron variabilidad en la heredabilidad según la línea y el carácter, con valores de bajos a altos. Destacando la línea 4 para el peso al nacimiento (0.63 ± 0.14) y la línea 2 para el peso a ocho semanas (0.54 ± 0.07), mientras que el peso al destete presentó valores moderados en todas las líneas. Las correlaciones genéticas fueron positivas y mayormente moderadas a altas, especialmente entre el peso al destete y el peso a ocho semanas, indicando que la selección temprana por peso al destete favorece el incremento del peso final. No se observaron diferencias significativas entre líneas, evidenciando una respuesta genética similar a la selección. En conclusión, las cuatro líneas presentan potencial genético para programas de mejoramiento, siendo el peso al destete un criterio clave de selección.

Palabras clave: Cuyes, Heredabilidad, Correlación genética, Pesos vivos.

ABSTRACT

The aim of this study was to estimate the heritability and genetic correlations of birth weight, weaning weight, and eight-week weight in four guinea pig lines: line 1 (Peru type), line 2 (Inti type), line 3 (Andean type), and line 4 (San Antonio), reared at the guinea pig production unit of the K'ayra Agronomic Center of the National University of San Antonio Abad of Cusco. The research was descriptive, observational, non-experimental, and retrospective, based on productive and genealogical records of 3,523 animals collected between January 2021 and June 2024. Analyses were performed using univariate and multivariate mixed models, employing the VCE software and the R programming language. The results showed variability in heritability estimates depending on the line and trait, with values ranging from low to high. Line 4 stood out for birth weight (0.63 ± 0.14), while line 2 showed the highest heritability for eight-week weight (0.54 ± 0.07); meanwhile, weaning weight presented moderate heritability values across all lines. Genetic correlations were positive and mostly moderate to high, particularly between weaning weight and eight-week weight, indicating that early selection based on weaning weight favors an increase in final weight. No significant differences were observed among lines, suggesting a similar genetic response to selection. In conclusion, all four lines show genetic potential for improvement programs, with weaning weight being a key criterion for early selection.

Keywords: Guinea pigs, Heritability, Genetic Correlation, body weights.

I. INTRODUCCIÓN

El cuy (*Cavia porcellus*) es un pequeño mamífero que es procedente de los Andes centrales y septentrionales de Sudamérica, cuya carne posee un alto valor nutricional al contener alrededor de 20.3% de proteína, lo que contribuye a la seguridad alimentaria de las familias rurales y periurbanas con recursos limitados (Quispe *et al.*, 2021). En el Perú, el cuy es ampliamente conocido, particularmente en la region sierra, donde se utiliza no solo como alimento de gran calidad nutricional, sino tambien como recurso económico y cultural (Chauca, 2020).

En los años recientes se han realizado investigaciones en diversas áreas como sanidad, nutrición, manejo, genética, alimentación y sistemas de producción (Pascual *et al.*, 2017; Cruz *et al.*, 2019). El aumento de la demanda de carne de cuy durante este crecimiento motivó el uso de herramientas para mejorar la eficiencia productiva. Sin embargo, una de las principales limitaciones sigue siendo la poca disponibilidad de información genética confiable que permita respaldar el diseño de programas de mejoramiento genético.

El mejoramiento genético es fundamental para aumentar la productividad animal, esta consiste en identificar y seleccionar individuos superiores dentro de una población. Los parámetros genéticos como es el índice de herencia (heredabilidad) y correlaciones son herramientas esenciales, pues contribuyen a implementar y desarrollar programas de mejoramiento genético que buscan preservar las líneas genéticas y optimizarlas de forma constante en caracteres establecidos (Jiang *et al.*, 1999).

En la presente investigación se estimaron los parámetros genéticos de interés específicamente la heredabilidad y correlaciones genéticas del peso al nacimiento, peso al destete y peso a ocho semanas en las líneas de cuyes criados en el Centro Agronómico de K'ayra. Estos parámetros permitirán evaluar el potencial de mejora genética del peso vivo, mediante la selección en las diferentes líneas, facilitando la identificación de características productivas con mayor respuesta a la presión de selección.

II. PROBLEMA OBJETO DE ESTUDIO

2.1 IDENTIFICACIÓN DEL PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN

En el Perú, la producción de cuyes ha adquirido gran importancia económica y social, sobre todo en zonas andinas como Cusco, donde representa una fuente esencial de alimento e ingresos para familias rurales. Sin embargo, el mejoramiento genético de esta especie aún enfrenta limitaciones debido a la escasa información sobre los parámetros genéticos que determinan el comportamiento productivo del cuy.

En la actualidad, la mayoría de las unidades productivas seleccionan animales solamente basándose en sus rasgos fenotípicos, sin tener en cuenta el grado de heredabilidad ni las correlaciones genéticas entre los caracteres del peso. Esta situación disminuye la precisión en la que se identifican animales con una genética superior y limita el progreso genético de las poblaciones.

El Centro Agronómico K'ayra de la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco cuenta con cuatro líneas comerciales de cuyes con diferentes características fenotípicas, pero no se dispone de información precisa sobre su variabilidad genética ni sobre el potencial de respuesta a la selección directa. Esta falta de conocimiento impide establecer programas de mejoramiento eficientes que aprovechen las diferencias genéticas existentes entre líneas.

Por ello, surge la necesidad de estimar los parámetros genéticos (heredabilidad y correlaciones genéticas) del peso al nacimiento, peso al destete y peso a ocho semanas, con el fin de determinar el grado de influencia genética y ambiental en estos caracteres y establecer bases científicas para la selección y mejora de las líneas de cuyes criadas en K'ayra.

2.2 PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN

2.2.1 PREGUNTA GENERAL

¿Qué valores toman los parámetros genéticos para el peso al nacimiento, peso al destete y peso a ocho semanas de una población de cuyes (*Cavia porcellus*) criados en el centro agronómico de K'ayra - Cusco?

2.2.2 PREGUNTAS ESPECÍFICAS

- a. ¿Cuál es el valor de heredabilidad del peso al nacimiento, peso al destete y peso a las ocho semanas en una población de cuyes criados en el Centro Agronómico de K'ayra?
- b. ¿Cuáles son las correlaciones genéticas estimadas entre los caracteres peso al nacimiento, peso al destete y peso a las ocho en una población de cuyes criados en el Centro Agronómico K'ayra
- c. ¿Existen diferencias en los valores de heredabilidad y correlación genética de los caracteres considerados, entre las diferentes líneas existentes en la unidad de producción evaluada?

III. OBJETIVOS Y JUSTIFICACIÓN

3.1 OBJETIVOS

3.1.1 OBJETIVO GENERAL

Estimar los parámetros genéticos para el peso al nacimiento, peso al destete y peso a ocho semanas de una población de cuyes (*Cavia porcellus*) de cuatro líneas (1, 2, 3 y 4) criadas en el Centro Agronómico K'ayra - Cusco.

3.1.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- a. Estimar la heredabilidad del peso al nacimiento, peso al destete y del peso a ocho semanas en cada una de las cuatro líneas de cuyes criados en el Centro Agronómico de K'ayra.
- b. Estimar las correlaciones genéticas existentes entre el peso al nacimiento, peso al destete y peso a ocho semanas dentro de cada línea de cuyes criados en K'ayra.
- c. Comparar los parámetros genéticos estimados entre las diferentes líneas de cuyes (1, 2, 3 y 4) criados en el Centro Agronómico K'ayra.

3.2 JUSTIFICACIÓN

El cuy (*Cavia porcellus*) es una especie andina de gran importancia en el Perú, especialmente en Cusco, su crianza aporta a la seguridad alimentaria y genera ingresos sostenibles para los pequeños cavicultores. La necesidad de tener poblaciones genéticamente mejoradas que aseguren productividades y tasas reproductivas más altas ha sido impulsada por el aumento de la demanda y la progresiva tecnificación de su crianza.

Sin embargo, la mayoría de los sistemas de producción en el país aún se basan en criterios fenotípicos de selección, sin considerar la variabilidad genética existente entre líneas ni los parámetros que determinan la transmisión de características de interés. En este contexto, la estimación de parámetros genéticos como la heredabilidad y las correlaciones genéticas resulta esencial, ya que permiten

identificar cuánto de la variación observada en el peso de los animales es de origen genético y, por tanto, puede ser transmitido a la descendencia.

El presente estudio cobra relevancia porque brinda información científica sobre el potencial genético de las cuatro líneas de cuyes criadas en el Centro Agronómico K'ayra, una entidad destacada en la región Cusco por su trabajo en la mejora y conservación genética. Los resultados obtenidos se utilizarán como base para el diseño de programas de selección y cruzamiento más eficientes, orientados a incrementar el peso vivo y mejorar la productividad de las líneas comerciales.

Además, esta investigación busca fortalecer el mejoramiento genético de los sistemas de producción de cuyes en la región, impulsando el uso de herramientas modernas de análisis, como los modelos mixtos y la predicción BLUP. Estas metodologías permiten tomar decisiones más precisas en la selección de animales, favoreciendo la mejora continua del rendimiento productivo. De este modo, el estudio no solo representa un aporte académico, sino también un apoyo práctico para los criadores, al ofrecer información que puede contribuir a aumentar la eficiencia y la rentabilidad de sus sistemas de crianza de manera sostenible.

IV. MARCO TEÓRICO

4.1 ANTECEDENTES DE LA INVESTIGACIÓN

4.1.1 ANTECEDENTES INTERNACIONALES

Solarte *et al.*, (2002) en una investigación realizada en Colombia, tuvieron como objetivo estimar, mediante un análisis multicaracter en un modelo animal, los componentes de varianza y covarianza requeridos para el cálculo de los parámetros genéticos y ambientales de las características productivas de mayor importancia económica en cuyes. El estudio estimó la heredabilidad para el peso al nacimiento en 0.12 ± 0.05 y para el peso al destete en 0.13 ± 0.05 lo que sugiere una baja heredabilidad para estas variables, indicando una influencia significativa de factores ambientales en su expresión fenotípica.

4.1.2 ANTECEDENTES NACIONALES

Dillard *et al.*, (1972) desarrollaron un estudio con el objetivo de estimar parámetros fenotípicos y genéticos para varias medidas de crecimiento en cuyes mediante un modelo de medios hermanos paternos, en el Centro Experimental Agrícola de La Molina. El estudio reportó valores de heredabilidad de 0.46 ± 0.13 para el peso al nacimiento y 0.25 ± 0.10 para el peso al destete, lo cual refleja una escasa contribución genética en estas fases iniciales del desarrollo, probablemente influenciadas en mayor medida por factores ambientales como la influencia ambiental materna. Asimismo, los autores identificaron una alta correlación genética (0.90 ± 0.05) entre ambas características, lo que facilita su selección en programas de mejoramiento genético animal.

Vargas (2015) realizó un estudio con el objetivo de estimar parámetros genéticos para el peso al nacimiento y peso al destete en cuyes en la granja de Cieneguilla a través de un modelo lineal mixto y el software ASReml-R. Se analizaron 5120 registros, considerando efectos fijos como sexo, número de parto, estación, total de nacidos y edad al destete, además de los efectos genéticos aditivos y de camada. La heredabilidad fue de 0.158 ± 0.036 para el peso al nacimiento y de 0.24 ± 0.05 para el peso al destete. Ambas heredabilidades fueron bajas, lo que indica que la expresión fenotípica de estas características esta también influenciadas por factores diferentes a la acción aditiva.

Cruz *et al.*, (2022) tuvieron como objetivo de estimar los componentes de varianzas, la heredabilidad y correlaciones genéticas y fenotípicas de los rasgos productivos en cuyes de las líneas comerciales Saños y Mantaro, desarrolladas en la Estación Experimental Agraria Santa Ana (Junín, Perú). Se analizaron los registros desde 2017 a 2020. Se evaluaron los rasgos productivos de peso al nacimiento (PN), al destete (PD), a las cuatro semanas (P4), ocho semanas (P8) y trece semanas (P13) de 1622 y 1874 cuyes de la línea Saños y Mantaro. Las estimaciones de heredabilidad fueron bajas a moderadas para el PN entre 0.16 y 0.13; para PD entre 0.18 y 0.20; y para P8 en ambos casos fue 0.13 a 0.14 para las líneas Saños y Mantaro, respectivamente. Asimismo, se identificaron correlaciones genéticas altas entre estos rasgos, destacando hasta 0.93 entre PN y PD, y valores superiores a 0.70 entre PD y P8, lo que indica que la selección en etapas tempranas puede favorecer el crecimiento posterior.

4.1.3 ANTECEDENTES LOCALES

Sulca (2024) realizó un estudio, con el objetivo de comparar tres métodos para la estimación de parámetros genéticos de pesos al nacimiento y destete de cuyes de la línea comercial 1 (manto rojo y blanco), criados en el centro agronómico de K'ayra de la Facultad de Agronomía y Zootecnia de la Universidad Nacional de San Antonio Abad de Cusco. Se utilizaron registros recopilados entre julio de 2021 y mayo de 2023. Los métodos comparados fueron: regresión, mínimos cuadrados (MC) y máxima verosimilitud restringida (REML). Los valores de heredabilidad obtenidos variaron numéricamente, según el método utilizado, aunque considerando el error estándar de la estimación y la comparación de valores, no fueron muy distintas. Con el método de regresión se estimó una heredabilidad de 0.24 ± 0.18 para el peso al nacimiento y 0.22 ± 0.23 para el destete. Mientras que con, el método de MC se obtuvieron estimaciones elevadas de 0.58 ± 0.12 para el nacimiento y 0.64 ± 0.13 para el destete. En contraste, con REML, los valores fueron notablemente más bajos, con 0.11 ± 0.07 y 0.20 ± 0.09 para los mismos caracteres, respectivamente. En cuanto a la correlación genética se observó un alto valor de 0.84 lo que indica una fuerte relación genética entre el peso al nacimiento y peso al destete, tal como se demuestra a través del modelo animal.

4.2 GENERALIDADES DEL CUY

El cuy (*Cavia porcellus*) es un mamífero herbívoro monogástrico, originario de América del Sur como Perú, Ecuador, Bolivia y Colombia. Constituye un producto alimenticio de gran valor nutricional que aporta a la seguridad alimentaria de la población con recursos limitados (Chauca, 1997).

Las altitudes para la crianza de cuyes pueden oscilar entre la costa o la planicie hasta 4,500 metros sobre el nivel del mar, y en áreas tanto frías como calurosas, esto se debe a su habilidad para ajustarse a diferentes condiciones meteorológicas (Solari, 2010).

El cuy no solo favorece al autoconsumo, sino que también ayuda en la economía del hogar. Su crianza se lleva a cabo principalmente en la costa y en la sierra de nuestro país (Chauca, 2020).

4.3 CLASIFICACIÓN TAXONÓMICA DEL CUY

La siguiente tabla describe la procedencia biológica del cuy (*Cavia porcellus*), detallando sus características taxonómicas

Tabla 1. Taxonomía del cuy

Reino	Animal
Phylum	Vertebrada
Clase	Mamífero
Orden	Roedores
Suborden	Hystricomorpha
Familia	Caviidae
Genero	Cavia
Especie	<i>Cavia aparea aparea</i> ; <i>Cavia porcellus</i> (especie doméstica)

Fuente: Vivas *et al.* (2009)

4.4 CARACTERÍSTICAS PRODUCTIVAS DEL CUY

Los parámetros productivos se utilizan como indicadores de referencia para poder evaluar el comportamiento productivo de una explotación agrícola, es decir, la rentabilidad y la productividad de una crianza (Ramos *et al.*, 2023).

Algunos autores mencionan que las características productivas son: el peso al nacimiento, el peso al destete, el peso a las ocho semanas, el peso de carcasa, el peso de la camada y la ganancia de peso. En la siguiente tabla podemos mencionar algunos valores de las características productivas del cuy, tal como se refiere en la siguiente tabla.

Tabla 2. Características productivas en la producción de cuyes

Autores y año	Caracteres	Rango(g)
INIA (2004) Pascual <i>et al.</i> (2017) Cruz <i>et al.</i> (2022) Chauca <i>et al.</i> (2013)	Peso de la cría al nacimiento	115 - 176
INIA (2004) Cruz <i>et al.</i> (2022) Chauca <i>et al.</i> (2013)	Peso de la cría al destete	202 - 326
INIA (2004) Cruz <i>et al.</i> (2022) Chauca <i>et al.</i> (2013)	Peso al sacrificio (8 semanas)	975 - 1041

4.5 ESTRUCTURA GENÉTICA DE LAS POBLACIONES ANIMALES

En el campo de la genética animal, se considera una población a un conjunto de individuos que comparten una base genética común y que se reproducen entre sí dentro de un mismo entorno, manteniendo una estructura genética determinada (Robles, 1990). Esta constituye la unidad básica de estudio en genética cuantitativa, ya que dentro de una población se expresan la variabilidad genética y las relaciones de parentesco que permiten estimar parámetros como la heredabilidad y las correlaciones genéticas.

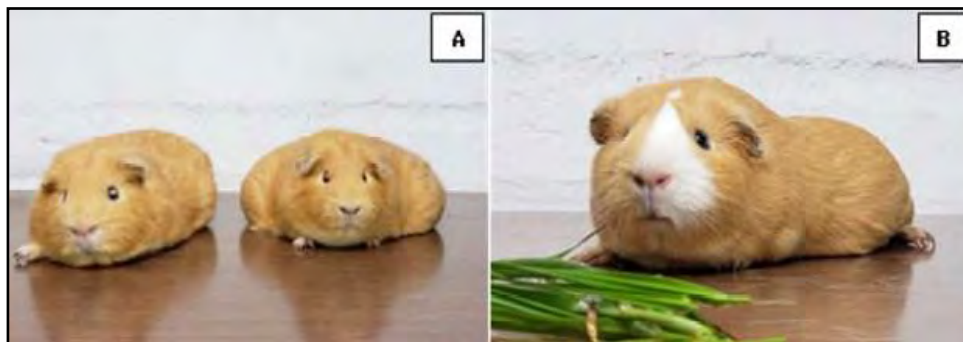
Dentro de una población, pueden formarse subdivisiones como líneas y razas.

4.5.1 LÍNEAS

Son grupos de individuos homocigóticos que pueden pertenecer a una raza, variedad o estirpe, lograda a través de la consanguinidad o la selección. Las líneas se diferencian por características fenotípicas y productivas particulares, tales como color del manto, tasa de crecimiento o rendimiento en peso vivo (Oteiza *et al.*, 2001). En programas de mejoramiento, las líneas se emplean frecuentemente para realizar cruzamientos entre ellas, con el fin de aprovechar el vigor híbrido, obteniendo descendientes con un desempeño superior en caracteres productivos.

En ese sentido en las poblaciones de cuyes existen diferentes líneas comerciales, algunas de estas son:

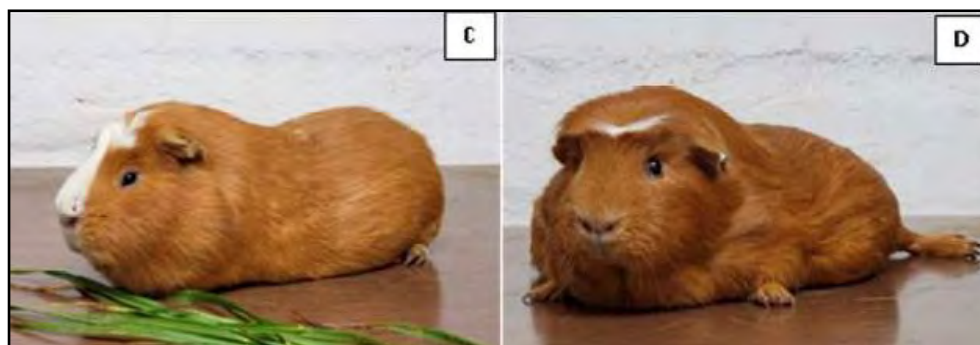
- **Línea Saños** : Desarrollada por el INIA en Huancayo, orientada a la prolificidad. Presenta pelaje bayo o bayo con blanco, ojos negros y buen rendimiento productivo (Cruz *et al.*, 2021).



Fuente: Cruz *et al.* (2021)

Figura 1. Línea Saños de cuyes desarrollada por el INIA

- **Línea Mantaro**: Seleccionada por precocidad, con pelaje colorado con blanco y remolino frontal, ojos negros y desempeño productivo similar a la línea Saños (Cruz *et al.*, 2021).



Fuente: Cruz *et al.* (2021)

Figura 2. Línea Mantaro de cuyes desarrollada por el INIA

- **Línea Cieneguilla:** Genotipo desarrollado por la Universidad Nacional Agraria La Molina, caracterizado por su rusticidad y rápido crecimiento, resultado de la heterosis obtenida del cruzamiento entre cuyes de diferentes orígenes (Sarria, 2011).
- **Línea Huancayo:** Desarrollada por el IVITA-UNMSM, destaca por su prolificidad, precocidad, buena producción cárnica y habilidad materna.
- **Línea G:** Creada en 2007 por el IVITA-UNMSM mediante el cruce de cuatro líneas genéticas, combinando alta conversión alimenticia y buenas aptitudes reproductivas y maternas (Jiménez *et al.*, 2010).

4.5.2 RAZAS

Por su parte, una raza se define como un grupo de individuos dentro de una especie que comparte características morfológicas, fisiológicas y genéticas estables, las cuales se transmiten consistentemente a su descendencia. Las razas se desarrollan a través de procesos prolongados de selección natural o artificial, adaptándose a condiciones específicas de clima, alimentación y manejo (Oteiza *et al.*, 2001).

Principales razas de cuyes en el Perú son:

- **Raza Perú:** Desarrollada por el INIA y lanzada en 2004, orientada a la producción de carne. Se caracteriza por su alta precocidad, buena conversión alimenticia y prolificidad (2.8 crías por parto). Presenta pelaje corto y liso de color alazán o alazán con blanco (Chauca, 2022).



Fuente: Chauca (2022)

Figura 3. Raza Perú de cuyes desarrollado por el INIA

- **Raza Andina:** Desarrollada por el INIA en 2005 mediante selección por prolificidad. Presenta pelaje blanco, corto y liso, alta prolificidad (3.9 crías por parto) y buena adaptación a distintas condiciones de costa, sierra y selva alta (Chauca, 2022).



Fuente: Chauca (2022)

Figura 4. Raza Andina de cuyes desarrollada por el INIA

- **Raza Inti:** Desarrollada por el INIA y oficializada en 2014, resultado de la selección por precocidad corregida por prolificidad. Es una raza de doble propósito (carne y reproducción), con pelaje bayo con blanco, pelo liso, ojos negros y buena adaptación a zonas altoandinas (Chauca, 2022).



Fuente: Chauca (2022)

Figura 5. Raza Inti de cuyes desarrollada por el INIA

- **Raza Wanka:** Desarrollada en 1984 por la UNCP mediante selección consanguínea de líneas coloradas y bayas por tamaño de camada y peso vivo. Presenta cuerpo rectangular, cabeza corta, pecho amplio, extremidades anteriores más cortas, temperamento tranquilo (Aliaga et al., 2009).
- **Raza Kuri:** Desarrollada por el INIA y liberada en 2021 como raza compuesta proveniente del cruce Perú × (Andina × Inti). Se caracteriza por su pelaje corto y liso de color alazán con blanco, alta precocidad y rendimiento de carcasa del 73.5 % (Chauca, 2022).



Fuente: Chauca (2022)

Figura 6. Raza Kuri de cuyes desarrollada por el INIA

4.6 MEJORAMIENTO GENÉTICO EN CUYES

La mejora genética implica el desarrollo de estrategias para aprovechar de manera eficiente y eficaz la variación genética presente en los animales, aplicando principios biológicos, económicos y matemáticos, con el objetivo de identificar las

mejores tácticas para explotar la diversidad genética existente en una especie de animales concreta para maximizar su valor, involucrando tanto la variación genética presente entre los miembros de una raza, como la variación presente entre razas y cruces (Gonzales, 2000; Reyna, *et al.*, 2014).

Dentro los países de América del Sur donde se realiza la crianza de cuyes, especialmente en Perú, se ha otorgado gran relevancia a las investigaciones de mejoramiento genético del cuy, dado que su objetivo es mejorar los parámetros que influyen en las características productivas y reproductivas (Iza, 2020).

Chauca (1997) indica que “se lleva a cabo un proceso simple de optimización genética en cualquier especie o grupo mediante la selección del animal”. El propósito de la selección genética es incrementar la población de un establecimiento, descartando a los animales no deseados y manteniendo a los animales deseables (Iza, 2020).

4.7 PARÁMETROS GENÉTICOS

La estimación de parámetros genéticos como la heredabilidad y las correlaciones son cruciales en el mejoramiento genético animal ya que permite anticipar un rasgo de interés a mejorar que poseerían los descendientes de cada animal estudiado lo que facilita una elección más acertada en la selección de individuos que formaran parte de las generaciones venideras (Vargas, 2015).

4.7.1 HEREDABILIDAD O ÍNDICE DE HERENCIA

El índice de herencia o heredabilidad es un parámetro genético propio de una población, dada en un momento determinado, lo que implica que esta fluctúa de población en población, es esencial para la definición de los métodos de selección (selección de animales con los mejores valores de cría para convertirse en padres de la próxima generación), además estima la relación entre el genotipo y el fenotipo (Ossa *et al.*, 2005).

Según Rubio (2018) La importancia de calcular el índice de herencia en programas de mejora genética se basa en la posibilidad de anticipar la respuesta a la selección; a mayor volumen de esta, más rápido será el avance genético.

El índice de herencia es definido como:

$$h^2 = \frac{V_A}{V_P} = \frac{V_A}{V_A + V_D + V_I + V_E}$$

Donde:

V_A = *varianza aditiva*

V_P = *varianza fenotípica*

V_D = *varianza de dominancia*

V_I = *varianza espistática*

V_E = *varianza ambiental*

Tabla 3. Estimación de heredabilidad en cuyes (*Cavia porcellus*)

Autor y año	Heredabilidad (h^2)			
	Líneas	Peso al nacimiento	Peso al destete	Peso a ocho semanas
Solarte <i>et al.</i> (2002)		0.12 ± 0.05	0.13 ± 0.05	0.34 ± 0.04
Vargas <i>et al.</i> (2015)	Cieneguilla	0.16 ± 0.04	0.24 ± 0.05	-
Cruz <i>et al.</i> (2022)	Saños	0.16 ± 0.02	0.18 ± 0.03	0.13 ± 0.03
Cruz <i>et al.</i> (2022)	Mantaro	0.13 ± 0.03	0.20 ± 0.05	0.14 ± 0.03

4.7.2 CORRELACIONES GENÉTICAS

La correlación, representa el nivel de relación entre dos caracteres, es crucial para poner en marcha programas de mejora genética; pues posibilita, por un lado, establecer que modificaciones se producirán en una o varias características al escoger otro carácter específico (Rubio, 2018).

Las correlaciones genéticas facilitan la evaluación de las variaciones en los rasgos que están correlacionados con los criterios de selección dentro de un programa de mejora (Blasco, 2021). Este indicador se determina como el cociente entre la

covarianza genética de los caracteres de interés y el producto de la desviación estándar genética de cada uno de los caracteres ($r_{xy} = \rho_{xy}/\sigma_x\sigma_y$) (Cedano, 2023). Por esta razón, su valor oscila entre -1 y +1, y si supera cero sugiere que los genes incrementan la expresión de ambos caracteres lo que señala una correlación positiva o directa entre los caracteres, no obstante, se produce un efecto opuesto (negativo o inverso) si el valor del parámetro es inferior a cero (Falconer y McKay, 1996; Blasco, 2021).

Tabla 4. Resultados de estimación de correlaciones genéticas en cuyes

Autor y año	Correlaciones genéticas (r_{xy})		
	Carácter		($r_{xy} \pm ES$)
Solearte <i>et al.</i> (2002)	Peso inicial	Peso semana 4	0.51 \pm 0.08
		Peso semana 8	0.38 \pm 0.09
		Peso semana 12	0.28 \pm 0.09
	Peso destete	Peso semana 4	0.67 \pm 0.05
		Peso semana 8	0.40 \pm 0.07
		Peso semana 12	0.30 \pm 0.07
	Peso ocho semanas	Peso semana 12	0.75 \pm 0.06

Leyenda: ES=Error estándar

4.8 MÉTODO DE MÁXIMA VEROSIMILITUD RESTRINGIDA PARA LA ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS

4.8.1 MODELO ANIMAL

El modelo animal solo es una de las variantes del modelo mixto, en el que el efecto aleatorio se refiere al animal que posee registros. El progreso de este modelo permite dar un pronóstico de los valores genéticos mucho más exactas a las circunstancias reales que los índices de selección (Mrode y Thompson, 2005).

Un tipo de modelo animal se le denomina como modelo animal unirracial solamente cuando se mide animales de la misma raza, en el cual se toman en cuenta generalmente solo efectos genéticos aditivos (que pueden ser directos o maternos) (Martínez *et al.*, 2012).

Según Henderson (1988) un modelo animal unicarácter en el que solo se evalúa un carácter se describe como sigue:

$$Y = X\beta + Z\mu + e$$

Donde:

Y = Es el vector aleatorio que contiene las observaciones

β = Es un vector desconocido de efectos fijos

μ = Es un vector aleatorio y desconocido de efectos genéticos aditivos directos de los animales

e = Es un vector de efectos residuales aleatorios

X y Z = Son matrices de incidencia conocidas que relacionan el vector de observaciones con los vectores β y μ respectivamente.

Según Quispe (2024) las ventajas del modelo animal incluyen:

- Uso total y óptimo de la información.
- Las variaciones entre los valores genéticos anticipados no se encuentran influenciadas por: selección, apareamientos dirigidos, la reducción de la variabilidad genética, vinculada a la selección y derivada genética
- Las comparaciones en el tiempo como en el espacio siempre son casi factibles.
- Hay un modelo de evaluación exclusivo para los machos y hembras.
- El esquema de ecuaciones es preciso y manifiesto.
- Facilita la evaluación de animales sin registro alguno

V. METODOLOGÍA DEL ESTUDIO

5.1 LUGAR DEL EXPERIMENTO

El presente estudio se realizó en la unidad experimental de cuyes del Centro Agronómico K'ayra de la Facultad de Agronomía y Zootecnia perteneciente a la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco.

5.1.1 UBICACIÓN GEOGRÁFICA

- Región: Cusco
- Provincia: Cusco
- Distrito: San Jerónimo
- Sector: Centro Agronómico K'ayra

Los límites son:

- Norte: Vía de evitamiento
- Oeste: Río Huanacauire
- Sur: Zona Mesapata, Chacaqyoc, Rumitaqayoc y Churumoqo
- Este: Fundo Leticia y Zona Sillkina

Las coordenadas UTM son:

- Latitud: -13.558976418661953
- Longitud: -71.87632441520691

Fuente: Google Earth, (2024)

5.1.2 CARACTERÍSTICAS DE LA UNIDAD DE ESTUDIO

La crianza de los cuyes se realizó bajo condiciones óptimas de manejo, con una dieta mixta (forraje + alimento balanceado). La temperatura promedio del ambiente de crianza osciló entre 8°C - 15°C.

Las instalaciones de las pozas fueron de madera de 1.00 m x 1.50 m x 0.40 m de altura. La unidad de producción de cuyes del Centro Agronómico K'ayra cuenta con cultivos propios de forraje, principalmente alfalfa asociada con rye grass italiano; durante la época de cosecha (mayo a julio), la dieta se complementó con chala de

maíz. La alimentación se basó en el suministro de forraje *ad libitum*, complementado con alimento balanceado entre 10 y 20 gr/animal/día, según la categoría de los cuyes, las cuales fueron:

- Lactancia: crías desde el nacimiento hasta el destete (14 días)
- Recría: animales destetados hasta las ocho semanas de edad (56 días)
- Engorde: animales mayores de 8 semanas destinados a la producción de carne
- Reproductores: machos y hembras adultas destinados a la producción.

5.1.3 DURACIÓN DEL ESTUDIO

El análisis de datos de la unidad experimental de cuyes del centro Agronómico de K'ayra tuvo una duración de seis meses, utilizando registros productivos recolectados entre enero de 2021 a junio de 2024.

5.2 TIPO DE INVESTIGACIÓN

La investigación fue de tipo descriptiva y no experimental, ya que no se modificaron las variables de estudio ni se asignaron unidades de observación a diferentes factores. Además, fue de carácter observacional y retrospectivo, debido a que se empleó información previamente colectada en la unidad de producción de cuyes de la Escuela Profesional de Zootecnia – FAZ - UNSAAC.

5.3 POBLACIÓN DE ESTUDIO

La investigación se basó en el análisis de registros productivos y genealógicos de un total de 3,523 cuyes (*Cavia porcellus*) pertenecientes a cuatro líneas mantenidas en la unidad de producción del centro agronómico K'ayra. La distribución por línea es la siguiente:

- Línea 1 Tipo Perú (manto rojo y blanco): 2,029 animales
- Línea 2 Tipo Inti (manto bayo y blanco): 668 animales
- Línea 3 Tipo Andino (manto blanco entero): 368 animales
- Línea 4 “San Antonio” (manto agutí entero): 458 animales

5.4 MATERIALES

5.4.1 MATERIAL DE CAMPO

- Cuadernos de campo
- Base de datos (registros productivos y genealógicos de la unidad de producción de cuyes de la EP de Zootecnia)
- Registro diario
- Bolígrafos
- Mameluco

5.4.2 EQUIPOS

- Laptop
- Calculadora
- Balanza digital (precisión 0.1g)

5.4.3 SOFTWARES EMPLEADOS

- R- Studio
- Excel
- VCE

5.4.4 MATERIAL BIOLÓGICO

Población de cuyes de la unidad de producción de cuyes de cuatro líneas que se crían actualmente, de las cuales se posee información productiva y la información genealógica y que fue usada para el presente estudio.

5.5 VARIABLES DE ESTUDIO

5.5.1 VARIABLES DE RESPUESTA

- Peso al nacimiento(g): peso del animal al momento de nacer.
- Peso al destete(g): peso registrado a los 14 días de edad.
- Peso a las ocho semanas(g): peso registrado a los 56 días de edad.

5.5.2 VARIABLES EXPLICATIVAS

- Línea comercial: Línea 1 tipo Perú, Línea 2 tipo Inti, Línea 3 tipo Andino, Línea 4 “San Antonio”
- Número de parición: primer parto, segundo, tercero, cuarto y quinto a mas
- Tamaño de camada :1,2,3,4,5,6,7
- Mes de nacimiento: enero-diciembre
- Año de nacimiento: 2021, 2022, 2023, 2024
- Sexo: macho, hembra

5.6 MÉTODOS

5.6.1 MÉTODOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS

En la unidad de producción de cuyes de la granja K'ayra se realiza la identificación y el registro de datos de manera diaria. Se registran las pariciones, la información genealógica y los datos productivos, tales como el peso al nacimiento, peso de camada, tamaño de camada, peso de madres, peso al destete y peso a las ocho semanas.

Esta actividad se realiza de forma habitual en la mañana después de la limpieza de los galpones, hasta el mediodía.

a. Peso al nacimiento

Este dato fue colectado diariamente utilizando una balanza digital con precisión de 0.1 g. Se registró el peso, sexo, línea, madre, padre, número de poza. Además, se marcó con un plumón indeleble de diferentes colores para diferenciar al gazapo y a la madre de otras crías y madres que pudieran estar presentes en la poza de cría.

b. Peso al destete

La información del peso al destete fue colectada a los 14 días de vida de los gazapos, usando una balanza digital con precisión de 0.1 g. Se registró su peso, sexo, línea, madre y padre. Posteriormente, se le colocó un arete con un código único y luego se lleva a las pozas de destete, donde permanece el animal hasta cumplir las ocho semanas de vida.

c. Peso a las ocho semanas

El peso a las ocho semanas fue colectado cuando los animales tenían en promedio 56 días de vida (etapa de selección), utilizando una balanza digital con precisión de 0.1 g. Se registra su peso, y además con la información del sexo, línea, madre, padre se define si el cuy pasa a una poza de pre selección para reproducción o es destinado para engorde.

Toda la información fue registrada en una hoja de cálculo de Excel®, la cual presentaba la siguiente estructura:

Tabla 5. Modelo de registro productivo y genealógico utilizado para la recolección de datos en cuyes del Centro Agronómico de K'ayra

Código	Cód. Madre	Cód. Padre	Línea	Sexo	Momento de evaluación		
					Peso al nacimiento	Peso al destete	Peso a ocho semanas

Fuente: Elaboración propia (2025)

d. Ordenamiento y depuración de datos

La información recopilada de la base de datos en el registro de trabajo fue revisada, depurada y ordenada. La depuración de los datos consistió en eliminar los registros de animales que no contaban con información completa sobre su peso al nacimiento, peso al destete, peso a ocho semanas. Sin embargo, en el caso de los animales seleccionados como reproductores, sus registros no fueron eliminados con el fin de conservar el vínculo genealógico con las generaciones posteriores.

Posteriormente, el peso al destete y el peso a las ocho semanas fueron corregidos mediante un procedimiento matemático de estandarización, ajustándolos a los 14 y 56 días de edad, respectivamente. Esta corrección se realizó debido a que algunos animales no fueron pesados exactamente en las edades programadas.

Para ello, se utilizó el método de ganancia diaria de peso, aplicable de manera general a los caracteres evaluados, siguiendo las siguientes expresiones:

La ganancia diaria de peso (GDP) se estimó como:

$$GDP = \frac{P_2 - P_1}{F_2 - F_1}$$

Donde P_1 y P_2 corresponden al peso corporal en la primera y segunda, y F_1 y F_2 a las fechas respectivas de dichas mediciones.

La diferencia de días (DD) se calculó como:

$$DD = FP - F_2$$

Donde FP es la fecha programada para la edad objetivo.

Finalmente, el peso estandarizado (PE) se obtuvo mediante la ecuación:

$$PE = (GPD \times DD) + P_2$$

La estandarización permitió realizar una evaluación más precisa y comparable de las variables productivas, previo a la estimación de los parámetros genéticos.

5.6.2 MÉTODOS PARA EL ANÁLISIS DE DATOS

Con la información colectada y considerando las variables de estudio se efectuó un análisis de varianza a fin de poder determinar qué factores ambientales (explicativas) tienen efecto significativo sobre las variables de respuestas. Se incluyó el modelo mixto aquellas que tuvieron significancia, con ello se construyeron modelos de tipo unicaracter y multicaracter para las tres características (peso al nacimiento, peso a las dos semanas, y peso a las ocho semanas) y las cuatro líneas evaluadas.

Los modelos mixtos ajustados para el peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD) y peso a las ocho semanas (P8S), basado en la metodología propuesta por

Henderson (1984) y Mrode (2005), para cada sexo de forma independiente, tiene la siguiente representación:

$$y = X\beta + Za$$

Donde:

y = vector de fenotipos (PN, PD y P8S).

β = vector de efectos fijos (sexo, mes, tamaño de camada y numero de parto).

X = matriz de incidencia de efectos fijos (sexo, mes, tamaño de camada y numero de parto).

a = vector de efectos aleatorios (animal y camada).

Z = Matriz de incidencia de efectos aleatorios (animal y camada).

También se puede expresar usando el artificio de Henderson (1984):

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b} \\ \hat{\mu} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'Y \\ Z'Y \end{bmatrix}$$

$$\text{Donde: } \alpha = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_\mu^2} = \frac{(1+h^2)}{h^2}$$

Para este análisis se empleó el software VCE y el lenguaje de programación R (v.4.2.0) y el entorno de desarrollo integrado RStudio.

Para evaluar si existían diferencias significativas entre las estimaciones de heredabilidad obtenidas por los modelos unicaracter y multicaracter, se aplicó la prueba de “t” de student para las muestras relacionadas. La fórmula utilizada para la prueba de “t” fue:

$$t = \frac{\bar{x}_i - \bar{x}_j}{\sqrt{SE_i^2 - SE_j^2}}$$

Donde:

\bar{x}_1 = valor de la heredabilidad del modelo i

\bar{x}_2 = valor de la heredabilidad del modelo j

$SE_i^2 = \text{error estandar del modelo } i$

$SE_j^2 = \text{error estandar del modelo } j$

Se utilizó también para el ajuste la corrección de Welch, que ajusta los grados de libertad para obtener una estimación más precisa cuando las varianzas son desiguales (Ruxton, 2006).

El modelo animal unicaracter utilizado para estimar los parámetros genéticos (heredabilidad) para cada característica fue el siguiente:

$$y = Xb + Za + Wm + e$$

Donde:

y: vector de observaciones del carácter (peso al nacimiento, peso al destete y peso a ocho semanas).

b: vector de efectos fijos (sexo, año-estación, número de parto, tamaño de camada).

a: vector de efectos genéticos directos (animal).

m: vector de efectos maternos genéticos (madre).

e: vector de errores residuales.

X, Z, W: matrices de incidencia que relacionan las observaciones con los efectos fijos, genéticos directos y maternos, respectivamente.

El modelo multicaracter aplicado para estimar el índice de herencia y correlaciones genéticas entre características se expresa como:

$$y = Xb + Za + Wm + P1c + e$$

y: vector de observaciones de múltiples caracteres (PN, PD y P8S).

b: vector de efectos fijos (sexo, año-estación, número de parto, tamaño de camada).

a: vector de efectos genéticos directos (animal).

m: vector de efectos maternos genéticos (madre).

c: vector de covariables (PN, PD, P8S).

e: vector de errores residuales.

X, Z, W, P1: matrices de incidencia correspondientes

VI. RESULTADOS Y DISCUSIONES

6.1 ESTIMACIÓN DE HEREDABILIDAD DE CUATRO LÍNEAS DE CUYES CRIADOS EN EL CENTRO AGRONÓMICO DE K'AYRA

A continuación, se presenta la estructura descriptiva de los datos recolectados correspondientes a las cuatro líneas comerciales de cuyes (Línea 1 Tipo Perú, Línea 2 Tipo Inti, Línea 3 Tipo Andino y Línea 4 “San Antonio”), en función de los caracteres evaluados.

La Tabla 6 muestra el número de datos utilizados, media fenotípica y el rango fenotípico de cada una de las variables evaluadas.

Tabla 6. Estructura de datos de cuatro líneas de cuyes evaluadas para el peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD) y peso a ocho semanas (P8S)

Línea comercial	Carácter	Número de datos	Media fenotípica (g)	Rango fenotípico (g)	
				Min.	Max.
Línea 1 Tipo Perú	PN	2029	143.65	59	319
	PD	1296	279.64	116	484
	P8S	1322	626.36	242	958
Línea 2 Tipo Inti	PN	668	143.85	64	341
	PD	788	265.45	102	558
	P8S	676	617.19	307	1022
Línea 3 Tipo Andino	PN	368	136.24	60	300
	PD	245	261.69	130	497
	P8S	245	597.15	318	827
Línea 4 “San Antonio”	PN	458	134.39	58	216
	PD	339	272.96	109.6	465
	P8S	297	589.28	232	880

Tabla 7. Estimaciones de heredabilidad para el peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD) y peso a ocho semanas (P8S) en cuatro líneas de cuyes, obtenidas mediante modelos unicaracter y multicaracter

Línea comercial	Carácter	Modelo		Modelo multicaracter					
		Unicaracter		Con PN		Con PD		Con P8S	
		N	(h ² ± ES)	N	(h ² ± ES)	N	(h ² ± ES)	N	(h ² ± ES)
Línea 1 Tipo Perú	Peso al nacimiento	2029	0.08 ± 0.05 ^a	-	-	1296	0.12 ± 0.06 ^a	1296	0.18 ± 0.02 ^a
	Peso al destete	1296	0.15 ± 0.06 ^a	1296	0.17 ± 0.06 ^a	-	-	1296	0.16 ± 0.08 ^a
	Peso a las 8 semanas	1322	0.41 ± 0.03 ^a	1296	0.38 ± 0.02 ^a	1296	0.33 ± 0.03 ^a	-	-
Línea 2 Tipo Inti	Peso al nacimiento	668	0.31 ± 0.12 ^a	-	-	668	0.61 ± 0.09 ^a	668	0.38 ± 0.04 ^a
	Peso al destete	788	0.29 ± 0.10 ^a	668	0.48 ± 0.11 ^a	-	-	668	0.39 ± 0.02 ^a
	Peso a las 8 semanas	676	0.54 ± 0.07 ^a	668	0.52 ± 0.03 ^a	668	0.38 ± 0.03 ^a	-	-
Línea 3 Tipo Andino	Peso al nacimiento	368	-----	-	-	368	0.72 ± 0.40 ^a	368	0.50 ± 0.07 ^a
	Peso al destete	245	0.25 ± 0.12 ^a	368	0.10 ± 0.27 ^a	-	-	368	0.69 ± 0.09 ^a
	Peso a las 8 semanas	245	0.11 ± 0.17 ^a	368	0.24 ± 0.05 ^a	368	0.45 ± 0.08 ^a	-	-
Línea 4 “San Antonio”	Peso al nacimiento	458	0.63 ± 0.14 ^a	-	-	297	0.59 ± 0.10 ^a	297	0.44 ± 0.10 ^a
	Peso al destete	339	0.32 ± 0.15 ^a	297	0.25 ± 0.11 ^a	-	-	297	0.34 ± 0.18 ^a
	Peso a las 8 semanas	297	0.20 ± 0.19 ^a	297	0.37 ± 0.10 ^a	297	0.49 ± 0.17 ^a	-	-

Leyenda: h²: índice de herencia o heredabilidad, ES: error estándar, N: Número de registros, letras diferentes en la misma fila indican diferencias estadísticas (p<0.05) usando prueba de T.

La Tabla 7 presenta las estimaciones de heredabilidad para el peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD) y peso a ocho semanas (P8S) en cuatro líneas de cuyes (línea 1 tipo Perú, línea 2 tipo Inti, línea 3 tipo Andino y línea 4 “san Antonio”), obtenidas mediante un modelo animal unicaracter y modelos multicaracter. Se observa que no existen diferencias estadísticamente significativas entre los modelos aplicados, según lo determinado por la prueba de T ($p > 0.05$). Si bien se presentan diferencias numéricas entre métodos, estas no alcanzaron significancia estadística, lo que indica que todos los métodos utilizados ofrecen resultados consistentes entre estos.

En la Línea 1 Tipo Perú, considerando el método unicaracter, el resultado de heredabilidad para el PN (0.08 ± 0.05) fue baja, lo cual se aprecia una fuerte influencia del ambiente sobre este carácter. Este resultado coincide con lo reportado por Sullca (2024), quien también encontró valores bajos para el PN en cuyes de la misma línea comercial utilizando el método REML, dicho valor fue de 0.11 ± 0.07 , claro que en dicho estudio se emplearon 1072 registros, frente a los del presente estudio, donde se usaron 2029 registros.

Para el PD considerando el método unicaracter, también se registró una la heredabilidad de rango bajo (0.15 ± 0.06), comparable a los resultados de Sullca (2024), quien obtuvo valores de 0.20 ± 0.09 . Estos valores indican un efecto aditivo de bajo a moderado en la varianza de dicho carácter, lo cual sugiere que la respuesta a la selección directa basada en el fenotipo (peso vivo a 14 días), podría ser limitada, siendo necesario hacer cálculo del mérito genético de los animales candidato a la selección.

En cambio, en el P8S se obtuvo una heredabilidad de moderado a alto (0.41 ± 0.03), pero superior al valor reportado por Cruz et al. (2022) en las líneas Saños y Mantaro entre 0.13 ± 0.03 y 0.14 ± 0.03 . Esto sugiere que el P8S es una característica sobre la cual el componente genético aditivo tiene un efecto mayor, en tal sentido es posible hacer selección mediante la evaluación de fenotipo.

En la Línea 2 Tipo Inti, utilizando el modelo unicaracter, se observaron heredabilidades que oscilaban entre moderadas a altas. Para el caso del PN, la heredabilidad fue de 0.31 ± 0.12 , cabe mencionar que este valor es superior al

reportado por Cruz *et al.* (2022) en las líneas Saños y Mantaro, que oscilaron entre 0.16 ± 0.02 y 0.13 ± 0.03 .

Para el PD, se obtuvo un valor de 0.29 ± 0.10 , similar al informado por Vargas (2015) usando el método de REML con el algoritmo AI implementado en ASReml-R, quien indicó una heredabilidad de 0.24 ± 0.05 . Además, en lo que respecta al índice de herencia para el P8S, se alcanzó un valor de 0.54 ± 0.07 , lo que es significativamente superior al valor reportado por Solarte *et al.* (2002) que mediante un modelo animal multicaracter en Colombia obtuvieron 0.34 ± 0.04 . Estos valores relativamente elevados indican un fuerte componente genético en esta línea, lo que indica un buen potencial de respuesta a la selección directa desde etapas tempranas.

Para la Línea 3 Tipo Andino, utilizando el modelo unicaracter, la heredabilidad para el PN fue nula, lo que no coincide con lo reportado en la literatura y podría atribuirse a errores de estimación debido a la escasez de tamaño de muestra. En contraste, el PD mostró una heredabilidad moderada de 0.25 ± 0.12 , lo que sobrepasa considerablemente los valores reportados por Cruz *et al.* (2022), que fueron de 0.18 ± 0.03 - 0.20 ± 0.05 en las líneas Saños y Mantaro. No obstante, la heredabilidad de P8S fue baja (0.11 ± 0.17), parecida a lo hallado por Rosales *et al.* (2019), que obtuvieron una heredabilidad de 0.07 ± 0.05 , utilizando un modelo de varianza anidado con REML y medios hermanos paternos como grupo de parentesco en Ecuador.

En la Línea 4 “San Antonio” (manto agutí entero), los resultados de heredabilidad por el modelo unicaracter para el PN fue alta (0.63 ± 0.14), lo cual representa un valor significativo con una precisión razonable y confirma la significancia del valor obtenido. En cuanto al PD, la heredabilidad que se estimó, fue de 0.32 ± 0.15 , también considerada de nivel moderado; sin embargo, el error estándar fue ligeramente mayor, aunque el valor estimado continúa siendo relevante desde el punto de vista genético. En caso del P8S, la heredabilidad fue de 0.20 ± 0.19 , lo cual sugiere que hay un componente genético aditivo intermedio en la expresión del carácter. No obstante, el error estándar fue algo elevado, lo que indica una baja precisión de la estimación considerando el valor del índice de herencia. Este resultado indica que el entorno tiene una cierta influencia en el peso a los 56 días

en la Línea 4 “San Antonio”, por tanto, se tendría que considerar a emplear métodos poblacionales para la predicción de los valores de cría (genéticos aditivos), en caso se necesite hacer selección de reproductores usando como criterio de selección la evaluación fenotípica directa, hasta contar con mayor número de datos que permita reducir la incertidumbre.

El modelo multicarácter fue utilizado con el propósito de evaluar la relación genética entre el PN, PD y P8S. Las estimaciones obtenidas mostraron variaciones respecto al modelo unicarácter, observándose en algunos casos valores de heredabilidad similares o superiores y, en otros, una mayor precisión debido al aprovechamiento de la información genética compartida entre los caracteres.

En general, los resultados evidencian una asociación genética favorable entre los caracteres de crecimiento en las líneas comerciales evaluadas. En particular, el modelo multicarácter permitió mejorar la estimación de algunos parámetros en líneas con menor número de registros.

6.2 ESTIMACIÓN DE LA CORRELACIÓN GENÉTICA DE CUATRO LÍNEAS DE CUYES CRIADOS EN EL CENTRO AGRONÓMICO DE K'AYRA

Las estimaciones de correlación genética entre los caracteres peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD) y peso a ocho semanas (P8S) en las cuatro líneas de cuyes fueron obtenidas utilizando diferentes modelos multicaracter, bajo la metodología de Máxima Verosimilitud Restringida (REML), aplicada a través del software VCE. La siguiente tabla presenta los resultados obtenidos:

Tabla 8. Estimación de la correlación genética para las cuatro líneas con las distintas combinaciones de las características

Línea comercial	Correlación genética		
	PN con PD	PN con P8S	PD con P8s
Línea 1 Tipo Perú	0.99 ± 0.10	0.49 ± 0.10	0.56 ± 0.08
Línea 2 Tipo Inti	0.86 ± 0.05	0.45 ± 0.04	0.68 ± 0.03
Línea 3 Tipo Andino	0.44 ± 0.26	0.55 ± 0.13	0.79 ± 0.08
Línea 4 “San Antonio”	0.59 ± 0.16	0.83 ± 0.10	0.61 ± 0.22

Respecto a la población de cuyes de la Línea 1 Tipo Perú, los resultados de la correlación genética entre el PN y PD es muy alta (0.99 ± 0.10), lo que indica una fuerte relación genética entre ambas características. Este resultado indica que los genes que influyen en el peso al nacimiento también actúan directamente sobre el peso al destete, por lo que la selección de cuyes con mayor PN podría dar animales de mayor PD y viceversa. Estos resultados, además, son similares a lo reportado por Sullca (2024), quien empleo el modelo animal bajo metodología REML, obteniendo una correlación genética de 0.84 aunque con un error estándar alto (± 0.24). Si bien este valor es ligeramente inferior, también refleja una asociación genética fuerte y directa y es algo más precisa, debido al menor error estándar obtenido. Por otro lado, las correlaciones entre PN y P8S (0.54 ± 0.12), y entre PD y P8S (0.55 ± 0.08), son altas, lo que indica que existe una asociación genética directa y fuerte, entre los pesos iniciales y el P8S.

En el caso de la Línea 2 Tipo Inti, también se observaron correlaciones altas, entre las distintas características: PN y PD (0.85 ± 0.05), PD y P8S (0.68 ± 0.03) y PN y P8S (0.45 ± 0.04). Estos resultados coinciden con los hallazgos de Cruz *et al.* (2022) en la línea Mantaro, quienes informaron correlaciones de 0.93 ± 0.06 entre PN y PD; de 0.56 ± 0.10 entre PD y P8S y de 0.61 ± 0.08 entre el PN y P8S.

En la Línea 3 Tipo Andino, la correlación genética entre PN y PD resultó moderada (0.44 ± 0.26), y con un error estándar ligeramente alto, lo que señala una relación genética intermedia, aunque es poco precisa. El vínculo entre PN y P8S es moderada a alta (0.54 ± 0.12), mientras que la correlación entre PD y P8S es muy alta y precisa (0.79 ± 0.08).

En la Línea 3 Tipo Andino, la correlación genética entre PN y PD resultó moderada (0.44 ± 0.26), aunque con un error estándar relativamente alto, lo que indica una menor precisión de la estimación. A pesar de ello, el valor obtenido sugiere la existencia de una relación genética intermedia entre ambos caracteres. Asimismo, la correlación genética entre PN y P8S fue de magnitud moderada a alta (0.54 ± 0.12), con un error estándar menor, lo que refleja una estimación más precisa y una asociación genética más consistente. Por su parte, la correlación genética entre PD y P8S fue alta y precisa (0.79 ± 0.08), evidenciando una fuerte asociación genética entre estos caracteres de crecimiento.

En la Línea 4 “San Antonio”, se observaron correlaciones genéticas altas entre el PN y P8S (0.83 ± 0.10), y moderadas a altas entre el PD y P8S (0.61 ± 0.22) y entre el PN y PD (0.59 ± 0.16). Estos valores sugieren que, en esta línea, la selección por peso al nacimiento puede ser particularmente efectiva para mejorar el peso a ocho semanas. No obstante, se recomienda realizar una interpretación con cautela debido a los errores estándar, especialmente en el caso de PD y P8S. Hay que considerar que esta es una línea comercial nueva y aún en proceso de formación en la UNSAAC, por lo que el número de registros fenotípicos disponibles es limitado. En consecuencia, para obtener estimaciones más precisas y confiables, será necesario recalcular estos parámetros en el futuro utilizando una población más amplia. Esto será posible conforme avance el tiempo y se continúe recopilando información fenotípica de esta línea de cuyes.

Comparando con otras investigaciones, Solarte *et al.* (2002) reportaron una correlación genética superior entre PN y PD (0.79), aunque una correlación reducida PN y P8S (0.38), lo que señala diferencias entre líneas genéticas. En cuanto a Cruz *et al.* (2022), en la línea Saños, encontraron una correlación de aproximadamente 0.50 entre PD y P8S, parecida a la que se observó en este estudio.

6.3 COMPARACIÓN DE LOS PARÁMETROS GENÉTICOS ESTIMADOS ENTRE LAS CUATRO LÍNEAS

6.3.1 COMPARACIÓN DE HEREDABILIDAD OBTENIDO POR EL MODELO UNICARACTER EN LAS CUATRO LÍNEAS EVALUADAS

En la Tabla 9 se observa la comparación de heredabilidades estimadas por el método unicaracter entre las cuatro líneas de cuyes: Línea 1 Tipo Perú, Línea 2 Tipo Inti, Línea 3 Tipo Andino y Línea 4 “San Antonio”.

A grandes rasgos, la heredabilidad de los caracteres evaluados mostró valores desde bajos a altos, entre las líneas comerciales y etapas de crecimiento. El peso al nacimiento mostró valores desde muy bajos en la línea 1 tipo Perú (0.08 ± 0.05) hasta altos en la línea 4 (0.63 ± 0.14), lo que demuestra que el impacto del componente genético aditivo sobre el fenotipo que son algo distintos entre las líneas evaluadas, aunque dichas diferencias, no son significativas ($p > 0.05$) dado el error

estándar de las estimaciones sobre todo de la línea 2 tipo Inti y de la línea 4 San Antonio.

Los valores del peso al destete fueron más equilibrados y moderados en todas las líneas, variando desde 0.15 ± 0.06 a 0.32 ± 0.15 , no habiendo diferencias significativas para este índice, entre las cuatro líneas evaluadas ($p>0.05$), también se debe destacar el incremento del error estándar en las líneas que poseen menos animales y por tanto menos registros del PD.

Finalmente, el peso a ocho semanas muestra aparentemente diferencias más notorias entre estas, tal es el caso de línea 2, de la que se obtuvo una heredabilidad de 0.54 ± 0.07 , mientras tanto las líneas 3 y 4 presentaron valores bajos de 0.11 ± 0.17 y 0.20 ± 0.19 , respectivamente. Aunque como producto del análisis estadístico, estas no llegaron a ser significativamente diferentes ($p>0.05$).

Tabla 9. Resultados de heredabilidad, estimado mediante el modelo unicaracter del PN, PD y P8S en cuatro líneas de cuyes (*Cavia porcellus*) criados en el Centro Agronómico K'ayra

Carácter	Línea comercial				P-valor					
	Línea 1 (L1)	Línea 2 (L2)	Línea 3 (L3)	Línea 4 (L4)	L1 VS L2	L1 VS L3	L1 VS L4	L2 VS L3	L2 VS L4	L3 VS L4
PN	0.08 ± 0.05	0.31 ± 0.12	----	0.63 ± 0.14	0.2768	0.3556	0.1277	0.2351	0.2277	0.1392
PD	0.15 ± 0.06	0.29 ± 0.10	0.25 ± 0.12	0.32 ± 0.15	0.3751	0.5568	0.4485	0.8225	0.8851	0.7520
P8S	0.41 ± 0.03	0.54 ± 0.07	0.11 ± 0.17	0.20 ± 0.19	0.2851	0.3214	0.4653	0.2046	0.3009	0.7582

Leyenda: PN: peso de nacimiento, PD: peso de destete, P8S: peso a ocho semanas.

6.3.2 COMPARACIÓN DE CORRELACIONES GENÉTICAS OBTENIDAS CON MODELOS MULTICARACTER EN LAS CUATRO LÍNEAS EVALUADAS

La Tabla 10 presenta las correlaciones genéticas estimadas entre los caracteres PN, PD y P8S para las cuatro líneas evaluadas. Las correlaciones fueron estimadas con un modelo multicaracter aplicado a cada línea. Según los valores de p que se obtuvieron a través de la prueba T, demostraron que estas, no fueron significativamente diferentes ($p > 0.05$) en las correlaciones genéticas entre las líneas (L1, L2, L3 y L4) para ninguno de las tres características evaluadas (PN, PD, P8S).

En términos generales, se observó que la correlación genética entre PN y PD fue positiva y de moderada a alta magnitud, destacándose la línea 1 con una correlación muy alta (0.99 ± 0.10), al ser bastante alta indica que los mismos genes que están influyendo en el peso al nacimiento también influyen el peso al destete, además, el efecto ambiental materno sigue teniendo relevancia, por la acción de la lactación y cuidado de las madres sobre sus crías luego del parto. Este comportamiento ha sido reportado previamente por Sullca (2024), quien indicó que “esta correlación es favorable, ya que los animales con mayor peso al nacimiento tendrán mayores pesos al destete, por lo que elegir animales que tengan genéticamente mayor peso al nacimiento también serán más pesados al destete”

Sin embargo, la correlación más consistente y de mayor interés para los programas de mejoramiento genético fue la relación entre PD y P8S, la cual mostró valores altos en todas las líneas (de 0.56 ± 0.08 a 0.79 ± 0.08). Esta correlación indica que los animales que presentan mayor peso al destete tienden a mantener esta ventaja hasta las ocho semanas, lo que significa que el PD es un buen predictor del desempeño final (P8S).

Por lo tanto, la selección basada en el peso al destete podría permitir obtener ganancias genéticas en el peso final. Sin embargo, debido a que la heredabilidad del PD no es muy alta, la respuesta a la selección directa utilizando únicamente el fenotipo sería limitada. En consecuencia, es necesario estimar los valores genéticos aditivos de los animales candidatos a la selección, ya que el uso exclusivo de los registros fenotípicos de PD no sería suficiente para identificar con precisión a los individuos con mayor potencial genético.

De manera complementaria, las correlaciones entre PN y P8S fueron positivas, pero más variables entre líneas, lo que indica que el PN tiene una influencia menos directa sobre el peso final, probablemente debido a la mayor influencia ambiental en esta etapa inicial.

Tabla 10. Valores estimados de las correlaciones genéticas entre caracteres productivos (PN-PD, PN-P8S y PD-P8S) en cuatro líneas de cuyes (*Cavia porcellus*) criados en el Centro Agronómico K'ayra

Carácter	Línea comercial				P-valor					
	Línea 1 (L1)	Línea 2 (L2)	Línea 3 (L3)	Línea 4 (L4)	L1 VS L2	L1 VS L3	L1 VS L4	L2 VS L3	L2 VS L4	L3 VS L4
PN-PD	0.99 ± 0.10	0.86 ± 0.05	0.44 ± 0.26	0.59 ± 0.16	0.3996	0.2523	0.1920	0.3455	0.3231	0.6803
PN-P8S	0.49 ± 0.10	0.45 ± 0.04	0.55 ± 0.13	0.83 ± 0.10	0.7614	0.7516	0.1381	0.5799	0.1272	0.2380
PD-P8S	0.56 ± 0.08	0.68 ± 0.03	0.79 ± 0.08	0.61 ± 0.22	0.7071	0.6489	0.3462	0.4156	0.3300	0.4099

Leyenda: PN: peso de nacimiento, PD: peso de destete, P8S: peso a ocho semanas.

VII. CONCLUSIONES

Bajo las condiciones del presente estudio de investigación, se arribaron a las siguientes conclusiones:

- a. La heredabilidad de las características evaluadas (PN, PD y P8S) varió entre las líneas, evidenciando diferencias en su potencial de respuesta a la selección. Las líneas con heredabilidades altas presentan mejores condiciones para la selección directa, mientras que en aquellas con heredabilidades de bajas a moderadas es necesario recurrir a la estimación del mérito genético para identificar reproductores superiores.
- b. Las correlaciones genéticas estimadas entre el PN, PD Y P8S fueron predominantemente positivas y de magnitud moderada a alta en las líneas evaluadas, evidenciando una asociación genética favorable entre los caracteres de crecimiento. En particular, la correlación entre el PD y el P8S, lo que sugiere que, si se seleccionan animales que genéticamente tengan mayor peso al destete, estos presentaran también un mayor peso a las ocho semanas, permitiendo adelantar el proceso de selección de animales.
- c. No se observaron diferencias significativas entre las líneas en las estimaciones de heredabilidad y correlaciones genéticas, lo que indica una respuesta genética similar frente a la selección.

VIII. RECOMENDACIONES

- Implementar programas de selección genética basados en mérito genético (BLUP). Dado que la heredabilidad de PN, PD y P8S varió de baja a alta, es indispensable seleccionar reproductores considerando sus valores genéticos y no solo su fenotipo, con el fin de asegurar progresos sostenidos en las líneas evaluadas.
- Llevar un registro de forma cuidadosa y ordenada de los registros productivos y genealógicos, porque si la información está incompleta o se ha recopilado erróneamente, los resultados no serán confiables y podrían generar errores en la estimación de los parámetros genéticos.
- Estimar parámetros genéticos de otras características que tienen interés productivo en esta especie.
- Se recomienda al productor llevar registros sistemáticos de pesos, fechas de nacimiento y parentesco, a fin de identificar animales con mayor mérito genético y mejorar la eficiencia de los programas de selección

IX. BIBLIOGRAFÍA

Aliaga, L.; Moncayo, R.; Rico, E.; Caycedo, A. 2009. Producción de cuyes. Universidad Católica Sedes Sapientiae, 808.

Blasco, A. 2021. Mejora Genética Animal. Madrid, Edit. Síntesis. España. 344 p.

Cedano, J. I. 2023. Estrategias de mejoramiento genético de las líneas de cuyes de Ivita en el valle de Mantaro. Tesis para optar el grado de Doctor Doctoris Philosophiae en Ciencia Animal. Universidad Nacional Agraria la Molina. Lima. Perú. 77 p.

Chauca, L. 1997. Producción de cuyes (*Cavia porcellus*). Instituto Nacional de Investigación Agraria. Lima. Perú. Obtenido de <https://books.google.com.pe/books?id=VxLVzsZ5HWcC&printsec=frontcover&hl=es#v=onepage&q&f=false>

Chauca, L. 2020. Manual de crianza de cuyes. Perú: Instituto Nacional de Innovación Agraria-INIA.

Chauca, L. 2022. Desarrollo del mejoramiento genético en cuyes en el Perú: Formación de nuevas razas. Anales Científicos, 83(2), 109–125. doi:10.21704/ac.v83i2.1879

Chauca, L.; Huaman, M.; Reynega, M.; Muscari, J.; Higaonna, R. 2013. Comportamiento reproductivo de cuyes de la línea Sintética (INIA P 5/8 IxA 3/8). Trabajo presentado en la XXXVIII Reunión de la Asociación Peruana de Producción Animal, APPA, Lima, Perú.

Chauca, L.; Muscari, J.; Higaonna, R. 2005. Informe final Sub Proyecto: Generación de Líneas Mejoradas de Cuyes de Alta Productividad INIA-INCAGRO. Lima, Perú. Obtenido de <https://es.scribd.com/document/166069991/Inia-Incagro>

Cruz, D. J.; Huayta, J. P.; Corredor, F. A.; Pascual, M. 2022. Parámetros genéticos de rasgos productivos de cuyes (*Cavia porcellus*) de las líneas Saños y Mantaro. Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú, 33(3): 12. DOI: 10.15381/rivep.v33i3.22902

Cruz, D.J.; Ticona, C.N.; Pascual, M. 2019. Advantages of using economic weights in animal production. *Revista Veterinaria y Zootecnia*, 13(1): 93-98. DOI: 10.17151/vetzo.2019.13.1.7

Cruz, D. J.; Passuni, J.; Corredor, F. A.; Pascual, M. 2021. Parámetros productivos y reproductivos de cuyes (*Cavia porcellus*) de las líneas Saños y Mantaro. *Revista de Investigación Veterinaria del Perú*, 32(3). DOI: 10.15381/rivep.v32i3.20397

Dillard, E. U.; Vaccaro, R.; Lozano, J.; Robison, O. W. 1972. Phenotypic and genetic parameters for growth in guinea pigs. *Journal of Animal Science*, 34(2): 193 - 195.

Falconer, D.S.; Mackay, T.F.C. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. Edit. Longman. 4th ed.

Google Earth. (28 de abril de 2024). Granja K'ayra (UNSAAC). Obtenido de https://earth.google.com/web/search/Kayra+r%c3%ado+san+Jer%c3%b3nimo,+Cusco/@-13.55779265,-71.8752871,3215.91533764a,574.60532219d,35y,-0h,0t,0r/data=CiwiJgokCT_dwVyopqK_Ec9hIU2zvjrAGQipETcM1kvAIV6LRu2YaVfAQgIIAToDCgEwQgIIAEoNCP_____wEQAA

González, A. 2000. *Métodos de selección en ganado lechero*. Universidad Autónoma de Tamaulipas, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia.

Henderson, C.R. 1984. *Applications of Linear Models in Animal Breeding*. Edit. University of Guelph. 462 p.

Henderson, C.R. 1988. Theoretical basis and computational methods for a number of different animal models. *Journal of Dairy Science*, 71: 1-16.

INIA.2004. Cuy raza Perú. Instituto Nacional de Innovación Agraria. Obtenido de <http://repositorio.inia.gob.pe/handle/20.500.12955/635>

Iza, E.J. 2020. Evaluación de los parámetros zootécnicos de interés en la producción de cuyes (*Cavia porcellus*) del ceasa para perfeccionar el programa de mejoramiento genético. Universidad Técnica de Cotopaxi. Latacunga. 70 p.

Jiang, X.; Groen, A.F.; Brascamp, E.W. 1999. Discounted expressions of traits in broiler breeding programs. *Poultry science*, 78(3): 307-316. DOI: 10.1093/ps/78.3.307

- Jiménez, R; Huamán, A. 2010. Manual para el manejo de reproductores híbridos especializados en la producción de carne. Subproyecto Desarrollo y evaluación de reproductores para maximizar la producción de cuyes de carne IVITA-FMV-UNMSM INCAGRO. Junín-Perú. 175 p
- Martínez, C. A.; Manrique, C.; Elzo, M. A. 2012. La evaluación genética de vacunos: una percepción histórica. Revista Colom Cienc Pecuaria, 25(2): 293-311.
- Mrode, R.; Thompson, R. 2005. Linear models for the prediction of animal breeding values, 2nd ed. Edit. CABI Publishing. 344 p.
- Olesen, I.; Groen, A.F.; Gjerde, B. 2000. Definition of animal breeding goals for sustainable production systems. Revista Journal of animal science, 78(3): 570-582. DOI: 10.2527/2000.783570x
- Ossa, S, G; Suárez, M.; Pérez, J. 2005. Efectos del medio y la herencia sobre el peso al destete de terneros de la raza romosinuano. Revista MVZ Córdoba, 10(2): 673-683. DOI: 10.21897/rmvz.471
- Oteiza, J.; Carmona, J. R. 2001. Diccionario de zootecnia (4 ed.). Mexico: Trillas.
- Pascual, M.; Cruz, D.J.; Blasco, A. 2017. Modeling production functions and economic weights in intensive meat production of guinea pigs. Revista Tropical animal health and production, 49(7): 1361-1367. DOI: 10.1007/s11250-017-1334-4
- Quispe, D.; Sarmiento, R.; Huamán, D.; Huayhua, J.; Tapasco, J. 2021. Determinación del momento óptimo de saca de reproductores en cuyes criollos (*Cavia porcellus*). Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú, 32(5): DOI:10.15381/rivep. v32i5.21348
- Quispe, E. 2024. Métodos matemáticos Modelo Mixtoblup y blue. Slideshare a escribd company. 30 p. Obtenido de <https://es.slideshare.net/slideshow/metodos-matematicos-modelo-mixtoblup-y-blue-ppt/269892194>
- Ramos, Y.; Aguilar, L.; Paucar, R. 2023. Parámetros productivos y reproductivos de cuyes (*Cavia porcellus*) de la raza Perú. Rev. Cient. FCV-LUZ. DOI: 10.52973/rcfcv-e33206

- Reyna, O.; Noguez, J.; Hernandez, D.; Cortés, G. 2014. Selección genética de conejos gers. Revista de Ciencias Agropecuarias, Handbook -©ECORFAN .177-188.
- Rosales, C.J.; Nieto, P.; Ceró, Á.; Guevara, G. 2019. Heredabilidades de rasgos de crecimiento de dos sublíneas de cuyes. Prod. anim, 31(2), 27-33.
- Robles, R. 1990. Terminología genética y fitogenética. México: Trillas S.A. de C.V.
- Rubio, P. 2018. Estimación de parámetros fenotípicos y genéticos para medidas de carcasa en cuyes (*Cavia porcellus*) del genotipo Cieneguilla. Tesis para optar el grado de doctor. Universidad Nacional Agraria la Molina. Lima. Perú. 55 p.
- Ruxton, G. 2006. The unequal variance t-test is an underused alternative to Student's t-test and the Mann–Whitney U test. Behavioral Ecology, 17(4), 688-690. doi:10.1093/beheco/ark016
- Sarria, B J. 2011. El cuy crianza tecnificada. Lima: Oficina Académica de Extensión y Proyección Social-Universidad Nacional Agraria La Molina. Lima-Perú.
- Solari, G. 2010. Ficha Técnica de Crianza de cuyes. Lima, Perú: Soluciones Prácticas-ITDG.
- Solarte, C.; Imuez, A.M.; Tania, P. 2002. Modelo animal multicarácter para la estimación de parámetros genéticos del *Cavia porcellus* en Colombia. Revista Cubana de Ciencia Agrícola, 36(1): 19-24.
- Sulca, J. (2024). Comparación de tres métodos para la estimación de parámetros genéticos de pesos al nacimiento y destete de cuyes (*Cavia porcellus*). Tesis para optar título de ingeniero Zootecnista. Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Cusco. Perú. 79 p.
- Vargas, A. 2015. Estimación de parámetros genéticos en cuyes utilizando ASReml-R. Revista Anales Científicos, 76(2): 393-395. DOI: 10.21704/ac. v76i2.806
- Vivas, J. A.; Carballo, D. 2009. Manual de crianza de cobayos (*Cavia porcellus*). Universidad Nacional Agraria, Managua. Nicaragua. 49 p. Obtenido de <https://repositorio.una.edu.ni/2472/1/RENL01V856.pdf>.

X. ANEXOS

Anexo 1. Líneas de cuyes de la granja K'ayra

	
Línea 1 Tipo Perú: manto rojo y blanco	Línea 2 Tipo Inti: manto bayo y blanco
	
Línea 3 Tipo Andino: manto blanco entero	Línea 4 "San Antonio": manto agutí entero

Anexo 2. Modelo de datos empleado en el Software VCE

NUMER 2	NUME	ID-ARETÉ	FECHA NA	SEXO	SEXO COD	POZA NAC	LINEA	N° PADRE	N° MADRE	T_CAMD	NRO_PARIC	FECHA PES	PESO naci	EC PROG 2	FECHA DES	P.ESTAN	EC PROG 8	PROMEDI
1	23	21J03	11/06/21	M	1	G1-23	INTI	17B	302B	4	4	11/06/21	194	25/06/2021	25/06/2021	235	6/08/2021	374.6943522
2	24	21J04	11/06/21	M	1	G1-23	INTI	17B	302B	4	4	11/06/21	161	25/06/2021	25/06/2021	190	6/08/2021	432.6430648
3	25	21J05	11/06/21	F	2	G1-23	INTI	17B	302B	4	4	11/06/21	195	25/06/2021	25/06/2021	233	6/08/2021	456.8449848
4	26	21J06	11/06/21	F	2	G1-23	INTI	17B	302B	4	4	11/06/21	179	25/06/2021	25/06/2021	216	6/08/2021	330.2645349
9	31	21J15	11/06/21	M	1	G2-15	INTI	N301X	154B	4	1	11/06/21	244	25/06/2021	25/06/2021	304	6/08/2021	432.7508306
13	35	21J09	11/06/21	F	2	G4-13	INTI	21A	301B	4	4	11/06/21	276	25/06/2021	25/06/2021	332	6/08/2021	649.8191445
14	36	21J10	11/06/21	F	2	G4-13	INTI	21A	301B	4	4	11/06/21	259	25/06/2021	25/06/2021	311	6/08/2021	509.3627492
29	57	21J39A	21/06/21	F	2	G2-9	INTI	230B	23C	4	1	21/06/21	189	5/07/2021	6/07/2021	334.6	16/08/2021	756
42	70	21J49	24/06/21	F	2	G4-8	INTI	20B	80A	4	5	24/06/21	143	8/07/2021	7/07/2021	249.6153846	19/08/2021	608
43	71	21J50	24/06/21	M	1	G4-8	INTI	20B	80A	4	5	24/06/21	146	8/07/2021	7/07/2021	281.6923077	19/08/2021	737.7362805
44	72	21J51	24/06/21	F	2	G4-8	INTI	20B	80A	4	5	24/06/21	163	8/07/2021	7/07/2021	293.3076923	19/08/2021	673
45	73	21J52	24/06/21	F	2	G4-8	INTI	20B	80A	4	5	24/06/21	142	8/07/2021	7/07/2021	275.5384615	19/08/2021	616
46	74	21J53	24/06/21	M	1	G4-13	INTI	21A	08BB	4	5	24/06/21	211	8/07/2021	7/07/2021	395.1538462	19/08/2021	819
52	80	21J59	25/06/21	M	1	G1-1	INTI	222B	302B	4	5	25/06/21	179	9/07/2021	9/07/2021	324	20/08/2021	618
53	81	21J60	25/06/21	M	1	G1-1	INTI	222B	302B	4	5	25/06/21	168	9/07/2021	9/07/2021	304	20/08/2021	517
61	91	21J66	28/06/21	F	2	G2-9	INTI	230B	05C	4	1	28/06/21	181	12/07/2021	12/07/2021	360	23/08/2021	724
62	92	21J67	28/06/21	F	2	G2-9	INTI	230B	05C	4	1	28/06/21	185	12/07/2021	12/07/2021	332	23/08/2021	673
63	93	21J68	28/06/21	M	1	G2-9	INTI	230B	B42	4	1	28/06/21	158	12/07/2021	12/07/2021	303	23/08/2021	597.6150053
64	94	21J69	28/06/21	M	1	G2-9	INTI	230B	B42	4	1	28/06/21	162	12/07/2021	12/07/2021	301	23/08/2021	597
103	137	21L31	07/07/21	M	1	G1-23	INTI	17B	14	4	5	07/07/21	151	21/07/2021	22/07/2021	250.8666667	1/09/2021	470
104	138	21L32	07/07/21	F	2	G1-23	INTI	17B	14	4	5	07/07/21	145	21/07/2021	22/07/2021	251.4	1/09/2021	613
105	139	21L33	07/07/21	F	2	G1-23	INTI	17B	14	4	5	07/07/21	146	21/07/2021	22/07/2021	256.1333333	1/09/2021	618
106	140	21L34	07/07/21	F	2	G1-23	INTI	17B	14	4	5	07/07/21	136	21/07/2021	22/07/2021	237.7333333	1/09/2021	610
107	141	21L35	07/07/21	M	1	G2-9	INTI	230B	71A	4	1	07/07/21	149	21/07/2021	22/07/2021	260.0666667	1/09/2021	626
108	142	21L36	07/07/21	F	2	G2-9	INTI	230B	71A	4	1	07/07/21	143	21/07/2021	22/07/2021	251.2666667	1/09/2021	599
109	143	21L37	07/07/21	F	2	G2-9	INTI	230B	71A	4	1	07/07/21	147	21/07/2021	22/07/2021	226.3333333	1/09/2021	552
111	145	21L39	08/08/21	M	1	G2-4	INTI	B50	B54	4	1	08/07/21	187	22/07/2021	22/07/2021	362	2/09/2021	735
121	157	21L49	08/07/21	M	1	G1-26	INTI	20B	159B	4	5	08/07/21	156	22/07/2021	23/07/2021	356.6666667	2/09/2021	872
122	158	21L50	08/07/21	F	2	G1-26	INTI	20B	159B	4	5	08/07/21	140	22/07/2021	23/07/2021	318.2666667	2/09/2021	748
123	159	21L51	08/07/21	M	1	G1-26	INTI	20B	37A	4	5	08/07/21	206	22/07/2021	23/07/2021	328.2666667	2/09/2021	737
124	160	21L52	08/07/21	M	1	G1-26	INTI	20B	37A	4	5	08/07/21	153	22/07/2021	23/07/2021	312.6	2/09/2021	807
125	161	21L53	08/07/21	M	1	G1-26	INTI	20B	37A	4	5	08/07/21	188	22/07/2021	23/07/2021	340.1333333	2/09/2021	757
133	177	21L66	09/07/21	F	2	G2-9	INTI	230B	79B	4	1	09/07/21	138	23/07/2021	23/07/2021	239	3/09/2021	510
134	178	21L67	09/07/21	F	2	G2-9	INTI	230B	79B	4	1	09/07/21	140	23/07/2021	23/07/2021	235	3/09/2021	542
135	179	21L68	09/07/21	F	2	G2-9	INTI	230B	70B	4	1	09/07/21	173	23/07/2021	23/07/2021	270	3/09/2021	608
139	184	21L73	12/07/21	F	2	G1-23	INTI	17B	14	4	5	12/07/21	145	26/07/2021	26/07/2021	364	6/09/2021	640
145	190	21L79	12/07/21	M	1	G1-28	INTI	21A	136B	4	5	12/07/21	128	26/07/2021	26/07/2021	248	6/09/2021	
146	191	21L80	12/07/21	M	1	G1-28	INTI	21A	136B	4	5	12/07/21	115	26/07/2021	26/07/2021	234	6/09/2021	468
147	192	21L81	12/07/21	F	2	G1-28	INTI	21A	136B	4	5	12/07/21	125	26/07/2021	26/07/2021	248	6/09/2021	554
148	193	21L82	12/07/21	M	1	G1-28	INTI	21A	136B	4	5	12/07/21	131	26/07/2021	26/07/2021	247	6/09/2021	535
155	200	MRL13	14/07/21	F	2	G1-23	INTI	17B	40B	4	5	14/07/21	202	28/07/2021			8/09/2021	
169	214	21L101	16/07/21	F	2	G1-26	INTI	20B	65A	4	4	16/07/21	115	30/07/2021	30/07/2021	167	10/09/2021	508

Anexo 3. Estimación del índice de herencia para la línea 1 utilizando el software VCE para el PN, PD y P8S con el modelo unicaracter

PN

----- Matrices: RATIOS -----
 Type: R Level: 1 mateg
 0.22262

Type: R Level: 1 camada
 0.47248

Type: A Level: 1 animal
 0.075224

Type: E Level: 1 residual
 0.22968

----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
 Type: R Level: 1 mateg
 0.034882

Type: R Level: 1 camada
 0.032638

Type: A Level: 1 animal
 0.047832

Type: E Level: 1 residual
 0.029855

PD

----- Matrices: RATIOS -----
 Type: R Level: 1 mateg
 0.16131

Type: R Level: 1 camada
 0.45672

Type: A Level: 1 animal
 0.15197

Type: E Level: 1 residual
 0.22999

----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
 Type: R Level: 1 mateg
 0.041998

Type: R Level: 1 camada
 0.038966

Type: A Level: 1 animal
 0.062738

Type: E Level: 1 residual
 0.040919

P8S

----- Matrices: RATIOS -----
 Type: R Level: 1 mateg
 0.2494E-15

Type: R Level: 1 camada
 0.1647E-13

Type: A Level: 1 animal
 0.41240

Type: E Level: 1 residual
 0.58760

----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
 Type: R Level: 1 mateg
 0.1598E-16

Type: R Level: 1 camada
 0.1378E-11

Type: A Level: 1 animal
 0.025426

Type: E Level: 1 residual
 0.025426

Anexo 4. Estimación del índice de herencia para la línea 2 utilizando el Software VCE para el PN, PD y P8S con el modelo unicaracter

PN

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.085289

Type: R Level: 1 camada
0.27339

Type: A Level: 1 animal
0.30675

Type: E Level: 1 residual
0.33457
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.047997

Type: R Level: 1 camada
0.057027

Type: A Level: 1 animal
0.12088

Type: E Level: 1 residual
0.076995
```

PD

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.10214

Type: R Level: 1 camada
0.45255

Type: A Level: 1 animal
0.29441

Type: E Level: 1 residual
0.15090
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.045367

Type: R Level: 1 camada
0.049004

Type: A Level: 1 animal
0.095549

Type: E Level: 1 residual
0.058411
```

P8S

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.1041E-14

Type: R Level: 1 camada
0.1701E-16

Type: A Level: 1 animal
0.53859

Type: E Level: 1 residual
0.46141
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.3374E-11

Type: R Level: 1 camada
0.1163E-17

Type: A Level: 1 animal
0.066710

Type: E Level: 1 residual
0.066710
```


Anexo 5. Estimación del índice de herencia para la línea 3 utilizando el Software VCE para el PN, PD y P8S con el modelo unicaracter

PN

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.098247

Type: R Level: 1 camada
0.39518

Type: A Level: 1 animal
0.8990E-15

Type: E Level: 1 residual
0.50657
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.051729

Type: R Level: 1 camada
0.073637

Type: A Level: 1 animal
0.6207E-07

Type: E Level: 1 residual
0.072073

2046.02
```

PD

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.1071E-13

Type: R Level: 1 camada
0.9396E-16

Type: A Level: 1 animal
0.25181

Type: E Level: 1 residual
0.74819
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.3811E-12

Type: R Level: 1 camada
0.1549E-16

Type: A Level: 1 animal
0.12233

Type: E Level: 1 residual
0.12233
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.3310E-14

Type: R Level: 1 camada
0.1889E-15

Type: A Level: 1 animal
0.10775

Type: E Level: 1 residual
0.89225
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.2294E-08

Type: R Level: 1 camada
0.4440E-16

Type: A Level: 1 animal
0.17204

Type: E Level: 1 residual
0.17204
```

Anexo 6. Estimación del índice de herencia para la línea 4 utilizando el Software VCE para el PN, PD y P8S con el modelo unicaracter

PN

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.022254

Type: R Level: 1 camada
0.14710

Type: A Level: 1 animal
0.62767

Type: E Level: 1 residual
0.20297
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.041922

Type: R Level: 1 camada
0.090834

Type: A Level: 1 animal
0.13721

Type: E Level: 1 residual
0.11063
```

PD

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.1038E-08

Type: R Level: 1 camada
0.46841

Type: A Level: 1 animal
0.32345

Type: E Level: 1 residual
0.20814
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.1179E-03

Type: R Level: 1 camada
0.080141

Type: A Level: 1 animal
0.14960

Type: E Level: 1 residual
0.096928
```

P8S

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.1391E-17

Type: R Level: 1 camada
0.1617E-15

Type: A Level: 1 animal
0.20309

Type: E Level: 1 residual
0.79691
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.2729E-18

Type: R Level: 1 camada
0.3172E-16

Type: A Level: 1 animal
0.19470

Type: E Level: 1 residual
0.19470
```

Anexo 7. Estimación de correlación genética para la línea 1 utilizando el Software VCE

PN

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.19623 0.85757
0.15492

Type: R Level: 1 camada
0.45991 0.66453
0.45307

Type: A Level: 1 animal
0.12237 0.98646
0.16546
```

```
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.041501 0.068904
0.044324

Type: R Level: 1 camada
0.041936 0.042387
0.041384

Type: A Level: 1 animal
0.06276 0.10475
0.05820
```

PD

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.12560 1.00000
0.00503

Type: R Level: 1 camada
0.51883 1.00000
0.02079

Type: A Level: 1 animal
0.18287 0.48563
0.37504
```

```
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.4022E-02 0.1144E-09
0.3322E-03

Type: R Level: 1 camada
0.1563E-01 0.6740E-17
0.1360E-02

Type: A Level: 1 animal
0.019289 0.034882
0.024450
```

P8S

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.14667 1.00000
0.03336

Type: R Level: 1 camada
0.47785 1.00000
0.10871

Type: A Level: 1 animal
0.16102 0.55946
0.32625
```

```
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.2725E-01 0.4875E-10
0.1868E-01

Type: R Level: 1 camada
0.1278 0.2063E-09
0.6978E-01

Type: A Level: 1 animal
0.084500 0.077520
0.034660
```

Anexo 8. Estimación de correlación genética para la línea 2 utilizando el Software VCE

Peso al nacimiento con peso al destete

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.00159 1.00000
0.03148

Type: R Level: 1 camada
0.01505 1.00000
0.29863

Type: A Level: 1 animal
0.61422 0.85624
0.48142

----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.3490E-03 0.5465E-09
0.7320E-02

Type: R Level: 1 camada
0.3384E-02 0.3016E-09
0.7102E-01

Type: A Level: 1 animal
0.09477 0.05052
0.11028
```

Peso al nacimiento con peso a ocho semanas

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.02477 1.00000
0.01196

Type: R Level: 1 camada
0.28407 1.00000
0.13721

Type: A Level: 1 animal
0.37984 0.45224
0.51784

----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.2569E-02 0.2286E-09
0.1180E-02

Type: R Level: 1 camada
0.2811E-01 0.3164E-10
0.1289E-01

Type: A Level: 1 animal
0.040226 0.043930
0.034158
```

Peso al destete con peso a ocho semanas

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.03532 1.00000
0.01473

Type: R Level: 1 camada
0.49581 1.00000
0.20674

Type: A Level: 1 animal
0.39026 0.68182
0.38439

----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.2600E-02 0.2887E-08
0.5900E-03

Type: R Level: 1 camada
0.1400E-01 0.3105E-10
0.9938E-02

Type: A Level: 1 animal
0.022631 0.026855
0.025095
```

Anexo 9. Estimación de correlación genética para la línea 3 utilizando el Software VCE

Peso al nacimiento con peso al destete

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.1273E-15 0.9981
0.5742

Type: R Level: 1 camada
0.1574E-11 0.8430
0.2147

Type: A Level: 1 animal
0.72337 0.44045
0.10436
```

```
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.8407E-16 0.2626
1.629

Type: R Level: 1 camada
0.4569E-10 1.546
2.223

Type: A Level: 1 animal
0.40377 0.26252
0.26614
```

Peso al nacimiento con peso a las ocho semanas

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.00404 1.00000
0.01322

Type: R Level: 1 camada
0.07368 1.00000
0.24139

Type: A Level: 1 animal
0.49578 0.54544
0.24070
```

```
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.3695E-03 0.1401E-09
0.1276E-02

Type: R Level: 1 camada
0.6710E-02 0.3328E-17
0.2777E-01

Type: A Level: 1 animal
0.07339 0.12548
0.05481
```

Peso al destete con peso a ocho semanas

```
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
0.00122 1.00000
0.02636

Type: R Level: 1 camada
0.00722 1.00000
0.15557

Type: A Level: 1 animal
0.69281 0.78838
0.45239
```

```
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
0.1882E-03 0.2878E-07
0.3880E-02

Type: R Level: 1 camada
0.9591E-03 0.3241E-08
0.1677E-01

Type: A Level: 1 animal
0.088826 0.077676
0.075655
```

Anexo 10. Estimación de correlación genética para la línea 4 utilizando el Software VCE

Peso al nacimiento con peso al destete

----- Matrices: RATIOS -----

```
Type: R Level: 1 mateg
0.2322E-16 -0.9989
0.3580E-01
```

```
Type: R Level: 1 camada
0.1630E-08 -1.000
0.4405
```

```
Type: A Level: 1 animal
0.59005 0.59401
0.25096
```

----- Matrices: STD_ERR of ratios -----

```
Type: R Level: 1 mateg
0.2923E-17 0.6410
0.4381E-01
```

```
Type: R Level: 1 camada
0.6744E-09 0.6061E-03
0.9073E-01
```

```
Type: A Level: 1 animal
0.10182 0.16437
0.10798
```

Peso al nacimiento con peso a las ocho semanas

----- Matrices: RATIOS -----

```
Type: R Level: 1 mateg
0.3042E-13 0.9913
0.1618E-01
```

```
Type: R Level: 1 camada
0.3878E-15 0.5880
0.3033E-02
```

```
Type: A Level: 1 animal
0.43578 0.83087
0.36574
```

----- Matrices: STD_ERR of ratios -----

```
Type: R Level: 1 mateg
0.5287E-09 0.1793E-01
0.9532E-02
```

```
Type: R Level: 1 camada
0.5809E-16 0.3028
0.2940E-02
```

```
Type: A Level: 1 animal
0.099029 0.098390
0.098095
```

Peso al destete con peso a ocho semanas

----- Matrices: RATIOS -----

```
Type: R Level: 1 mateg
0.06928 1.00000
0.01017
```

```
Type: R Level: 1 camada
0.42945 1.00000
0.06306
```

```
Type: A Level: 1 animal
0.34451 0.60831
0.49027
```

----- Matrices: STD_ERR of ratios -----

```
Type: R Level: 1 mateg
0.8915E-02 0.4679E-09
0.9074E-03
```

```
Type: R Level: 1 camada
0.2024E-01 0.4488E-09
0.5633E-02
```

```
Type: A Level: 1 animal
0.18221 0.21871
0.17294
```

Anexo 11. Aplicación de la prueba t para la comparación del índice de herencia de cuyes de la línea 1

RESULTADOS

```
> # PRUEBA DE T PARA COMPARACION DE HEREDABILIDADES DE CUYES EN LINEA 1 (ROJA)
> # H2 DE peso al nacimiento (PN)
> # Mostrar resultados
> res12
$t
[1] -0.5121475

$df
[1] 1.937012

$p
[1] 0.6609481

> res13
$t
[1] -1.856953

$df
[1] 1.312012

$p
[1] 0.266116

> res23
$t
[1] -0.9486833

$df
[1] 1.219512

$p
[1] 0.4927211

> # VALORES PD
> # Valores PN
>
> # Mostrar resultados
> res12
$t
[1] -0.2357023

$df
[1] 2

$p
[1] 0.835601

> res13
$t
[1] -0.1

$df
[1] 1.854599

$p
[1] 0.9300922

> res23
$t
[1] 0.1

$df
[1] 1.854599

$p
[1] 0.9300922

> # VALORES PD
> # Mostrar resultados
> res12
$t
```

```
[1] 0.7071068
```

```
$df  
[1] 2
```

```
$p  
[1] 0.5527864
```

```
> res13  
$t  
[1] 1.885618
```

```
$df  
[1] 2
```

```
$p  
[1] 0.2
```

```
> res23  
$t  
[1] 1.178511
```

```
$df  
[1] 2
```

```
$p  
[1] 0.3598156
```


Anexo 12. Aplicación de la prueba t para la comparación del índice de herencia de cuyes de la línea 2

RESULTADOS

```
> # PRUEBA DE T PARA COMPARACION DE HEREDABILIDADES DE CUYES EN LINEA 2 (BAYA)
> # Valores PN
> # Mostrar resultados
> res12
$df
[1] 1.854599
```

```
$p
[1] 0.1933955
```

```
> res13
$df
[1] 1.219512
```

```
$p
[1] 0.664211
```

```
> res23
$df
[1] 1.380226
```

```
$p
[1] 0.1986492
```

```
>
> # VALORES PD
> # Mostrar resultados
> res12
$df
[1] 1.982103
```

```
$p
[1] 0.3304867
```

```
> res13
$df
[1] 1.079872
```

```
$p
[1] 0.4963961
```

```
> res23
$df
[1] 1.066044
```

```
$p
[1] 0.5616501
```

```
> # VALORES P8S
> # Mostrar resultados
> res12
$df
[1] 1.355359
```

```
$p
[1] 0.8271396
```

```
> res13
$df
[1] 1.355359
```

```
$p
[1] 0.2276146
```

```
> res23
$df
[1] 2
```

```
$p
[1] 0.08085497
```

Anexo 13. Aplicación de la prueba t para la comparación del índice de herencia de cuyes de la línea 3

RESULTADOS

```
> # PRUEBA DE T PARA COMPARACION DE HEREDABILIDADES DE CUYES EN LINEA 3 (BLANCA)
> # Valores PN
```

```
> # Mostrar resultados
```

```
> res12
```

```
$df
```

```
[1] 1
```

```
$p
```

```
[1] 0.3228289
```

```
> res13
```

```
$df
```

```
[1] 1
```

```
$p
```

```
[1] 0.08855123
```

```
> res23
```

```
$df
```

```
[1] 1.061193
```

```
$p
```

```
[1] 0.6796754
```

```
> #####
```

```
> # VALORES PD
```

```
> # Mostrar resultados
```

```
> res12
```

```
$df
```

```
[1] 1.380226
```

```
$p
```

```
[1] 0.6808766
```

```
> res13
```

```
$df
```

```
[1] 1.219512
```

```
$p
```

```
[1] 0.2491783
```

```
> res23
```

```
$df
```

```
[1] 1.854599
```

```
$p
```

```
[1] 0.1083366
```

```
> #####
```

```
>
```

```
> # VALORES P8S
```

```
> # Mostrar resultados
```

```
> res12
```

```
$df
```

```
[1] 1.677822
```

```
$p
```

```
[1] 0.1797994
```

```
> res13
```

```
$df
```

```
[1] 1.171725
```

```
$p
```

```
[1] 0.5818706
```

```
> res23
```

```
$df
```

```
[1] 1.422201
```

```
$p
```

```
[1] 0.2603949
```

Anexo 14. Aplicación de la prueba t para la comparación del índice de herencia de cuyes de la línea 4

RESULTADOS

```
> # PRUEBA DE T PARA COMPARACION DE HEREDABILIDADES DE CUYES EN LINEA 4 (AGUTI)
> # VALORES(PN)
> # Mostrar resultados
> res12
$df
[1] 1.80965
```

```
$p
[1] 0.8397645
```

```
> res13
$df
[1] 1.80965
```

```
$p
[1] 0.394659
```

```
> res23
$df
[1] 2
```

```
$p
[1] 0.4
```

```
> # VALORES PD
> # Mostrar resultados
> res12
$df
[1] 1.834278
```

```
$p
[1] 0.7457012
```

```
> res13
$df
[1] 1.937012
```

```
$p
[1] 0.9399755
```

```
> res23
$df
[1] 1.655492
```

```
$p
[1] 0.7185918
```

```
> # VALORES P8S
> # Mostrar resultados
> res12
$df
[1] 1.514535
```

```
$p
[1] 0.533442
```

```
> res13
$df
[1] 1.975758
```

```
$p
[1] 0.3744844
```

```
> res23
$df
[1] 1.618043
```

```
$p
[1] 0.6171745
```

Anexo 15. Análisis comparativo del índice de herencia entre las cuatro líneas comerciales de cuyes (*Cavia porcellus*)

RESULTADOS

```
> # PRUEBA DE T PARA COMPARACION PARA HEREDABILIDADES ENTRE LINEAS DE CUYES
> # VALORES PN
```

```
> # Mostrar resultados
```

```
> res12
```

```
$df
```

```
[1] 1.337063
```

```
$p
```

```
[1] 0.27678
```

```
> res13
```

```
$df
```

```
[1] 1
```

```
$p
```

```
[1] 0.3556154
```

```
> res14
```

```
$df
```

```
[1] 1.251018
```

```
$p
```

```
[1] 0.127694
```

```
> res23
```

```
$df
```

```
[1] 1
```

```
$p
```

```
[1] 0.2351251
```

```
> res24
```

```
$df
```

```
[1] 1.954287
```

```
$p
```

```
[1] 0.2277113
```

```
> res34
```

```
$df
```

```
[1] 1
```

```
$p
```

```
[1] 0.139209
```

```
> # VALORES PD
```

```
> # Mostrar resultados
```

```
> res12
```

```
$df
```

```
[1] 1.637394
```

```
$p
```

```
[1] 0.3751492
```

```
> res13
```

```
$df
```

```
[1] 1.470588
```

```
$p
```

```
[1] 0.5567856
```

```
> res14
```

```
$df
```

```
[1] 1.312012
```

```
$p
```

```
[1] 0.448502
```

```
> res23
```

```
$df
```

```
[1] 1.937012
```

```
$p  
[1] 0.8225117
```

```
> res24  
$df  
[1] 1.742268
```

```
$p  
[1] 0.8851023
```

```
> res34  
$df  
[1] 1.908059
```

```
$p  
[1] 0.7519545
```

```
> # VALORES P8S  
> # Mostrar resultados  
> res12  
$df  
[1] 1.355359
```

```
$p  
[1] 0.2850942
```

```
> res13  
$df  
[1] 1.062223
```

```
$p  
[1] 0.3213593
```

```
> res14  
$df  
[1] 1.049831
```

```
$p  
[1] 0.4652585
```

```
> res23  
$df  
[1] 1.329625
```

```
$p  
[1] 0.2045563
```

```
> res24  
$df  
[1] 1.266557
```

```
$p  
[1] 0.30091
```

```
> res34  
$df  
[1] 1.975758
```

```
$p  
[1] 0.7581812
```

Anexo 16. Análisis comparativo de las correlaciones genéticas entre las cuatro líneas comerciales de cuyes (*Cavia porcellus*)

RESULTADOS

```
> # PRUEBA DE T PARA LA COMPARACION DE CORRELACIONES ENTRE LAS LINEAS DE CUYES
```

```
> # VALORES PN-PD
```

```
> # Mostrar resultados
```

```
> res12
```

```
$df
```

```
[1] 1.470588
```

```
$p
```

```
[1] 0.3995504
```

```
> res13
```

```
$df
```

```
[1] 1.289522
```

```
$p
```

```
[1] 0.2522585
```

```
> res14
```

```
$df
```

```
[1] 1.677822
```

```
$p
```

```
[1] 0.1920228
```

```
> res23
```

```
$df
```

```
[1] 1.073863
```

```
$p
```

```
[1] 0.3455323
```

```
> res24
```

```
$df
```

```
[1] 1.193467
```

```
$p
```

```
[1] 0.3230911
```

```
> res34
```

```
$df
```

```
[1] 1.6624
```

```
$p
```

```
[1] 0.6802684
```

```
> # VALORES PN - P8S
```

```
> # Mostrar resultados
```

```
> res12
```

```
$df
```

```
[1] 1.312012
```

```
$p
```

```
[1] 0.7614041
```

```
> res13
```

```
$df
```

```
[1] 1.876533
```

```
$p
```

```
[1] 0.7515861
```

```
> res14
```

```
$df
```

```
[1] 2
```

```
$p
```

```
[1] 0.1380658
```

```
> res23
```

```
$df
```

```
[1] 1.187667
```

```
$p  
[1] 0.5799397
```

```
> res24  
$df  
[1] 1.312012
```

```
$p  
[1] 0.1272318
```

```
> res34  
$df  
[1] 1.876533
```

```
$p  
[1] 0.2380192
```

```
> # VALORES PD - P8S  
> # Mostrar resultados  
> res12  
$df  
[1] 1.275796
```

```
$p  
[1] 0.70707
```

```
> res13  
$df  
[1] 2
```

```
$p  
[1] 0.6488766
```

```
> res14  
$df  
[1] 1.259918
```

```
$p  
[1] 0.3462499
```

```
> res23  
$df  
[1] 1.275796
```

```
$p  
[1] 0.4155598
```

```
> res24  
$df  
[1] 1.037177
```

```
$p  
[1] 0.3299643
```

```
> res34  
$df  
[1] 1.259918
```

```
$p  
[1] 0.409916
```