

**UNIVERSIDAD NACIONAL DE SAN ANTONIO ABAD
DEL CUSCO**

FACULTAD DE AGRONOMÍA Y ZOOTECNIA

ESCUELA PROFESIONAL DE ZOOTECNIA



TESIS

**COMPARACIÓN DE TRES MÉTODOS PARA LA ESTIMACIÓN DE
PARÁMETROS GENÉTICOS DE PESOS AL NACIMIENTO Y DESTETE DE
CUYES (*Cavia porcellus*)**

PRESENTADO POR:

Bach. JHON SULLCA ARIAS

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

ASESORES:

Ing. Ph.D. Gonzalo Wladimir Gonzales Aparicio

M.V. Ph.D. Manuel José More Montoya

CUSCO - PERÚ

2024

INFORME DE ORIGINALIDAD

(Aprobado por Resolución Nro.CU-303-2020-UNSAAC)

El que suscribe, **Asesor** del trabajo de investigación/tesis titulada: Comparación de Tres Métodos para la estimación de Parámetros Genéticos de pesos al nacimiento y destete de Cuyes (Cavia Porcellus)

presentado por: Jhon Sulca Arias con DNI Nro.: 76750920 presentado por: con DNI Nro.: para optar el título profesional/grado académico de Ingeniero Zootecnista

Informo que el trabajo de investigación ha sido sometido a revisión por 2 veces, mediante el Software Antiplagio, conforme al Art. 6° del **Reglamento para Uso de Sistema Antiplagio de la UNSAAC** y de la evaluación de originalidad se tiene un porcentaje de 5 %.

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 se considera plagio.	X
Del 11 al 30 %	Devolver al usuario para las correcciones.	
Mayor a 31%	El responsable de la revisión del documento emite un informe al inmediato jerárquico, quien a su vez eleva el informe a la autoridad académica para que tome las acciones correspondientes. Sin perjuicio de las sanciones administrativas que correspondan de acuerdo a Ley.	

Por tanto, en mi condición de asesor, firmo el presente informe en señal de conformidad y **adjunto** la primera página del reporte del Sistema Antiplagio.

Cusco, 13 de Septiembre de 2024


Firma
Post firma Gonzalo W. Benizado Apuriano
Nro. de DNI 41285829

ORCID del Asesor 0000-0002-4682-6591

Se adjunta:

1. Reporte generado por el Sistema Antiplagio.

2. Enlace del Reporte Generado por el Sistema Antiplagio: oid: 77259:39633992

NOMBRE DEL TRABAJO

PROYECTO DE TESIS revGWGA.docx

RECUENTO DE PALABRAS

17145 Words

RECUENTO DE PÁGINAS

77 Pages

FECHA DE ENTREGA

Sep 9, 2024 11:41 AM GMT-5

RECUENTO DE CARACTERES

93651 Characters

TAMAÑO DEL ARCHIVO

1012.2KB

FECHA DEL INFORME

Sep 9, 2024 11:43 AM GMT-5

● 5% de similitud general

El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para cada base de datos.

- 4% Base de datos de Internet
- Base de datos de Crossref
- 2% Base de datos de trabajos entregados
- 1% Base de datos de publicaciones
- Base de datos de contenido publicado de Crossref

● Excluir del Reporte de Similitud

- Material bibliográfico
- Bloques de texto excluidos manualmente
- Coincidencia baja (menos de 20 palabras)

DEDICATORIA

Dedico:

A mi querida madre Juana Arias, para mi querido padre Percy Sullca, y mis hermanos Antonia, Yojan Kevin, Ruth Eulalia y Ervin Richard y mis primos Alex Imasumac, Angy. Así también para mis tíos Doberto, Edith, Wily, Dianeth, Marcelina y Tiofilo quienes me apoyaron en todos los momentos.

Así también va dedicado a todos mis amigos y compañeros de código 2017 con quienes compartí en las aulas universitarias Gustavo Huayllani, Jose Santos, Marilia Quispe, Rous Bedregal, Rosario Hanco, Juan Jose Sinche, Analy, Fiorela Huallpa, Eynar Huillca, Marisol, Carmen, Vanesa, Aracely, Natalia, Yobana, Lizandro, Aldredo B, Sebastian, Rossy, Edida, Brenda. En especial para Lu por todo el apoyo brindado.

A ustedes, quienes han estado a mi lado durante largas noches de estudio, compartiendo mis alegrías y consolándome en los momentos difíciles, les dedico este logro.

AGRADECIMIENTO

Agradezco:

A Dios todo poderoso, por cuidarte y darme la inteligencia y sabiduría en toda mi vida, desde que nací hasta este momento.

A mis asesores a Ing. Ph.D. Gonzalo Wladimir Gonzales Aparicio y M.V. Ph.D. Manuel José More Montoya, quienes han sido la guía constante en el arduo camino de mi tesis. Sus compromisos, sabidurías y paciencias han iluminado mi sendero académico de una manera inigualable.

A todos los docentes de la Escuela Profesional Zootecnia por su paciencia y esfuerzo, le extiendo más profundo agradecimiento y reconocimiento. Así mismo al personal administrativo de la Facultad Agronomía y Zootecnia.

ÍNDICE

DEDICATORIA	2
AGRADECIMIENTO	3
ÍNDICE	4
ÍNDICE DE TABLAS.....	7
ÍNDICE DE ANEXOS	9
GLOSARIO DE TÉRMINOS	10
RESUMEN	11
ABSTRACT.....	12
INTRODUCCIÓN	1
I. PROBLEMA OBJETO DE ESTUDIO.....	3
1.2.1. PREGUNTA GENERAL	3
1.2.2. PREGUNTAS ESPECÍFICAS	3
II. OBJETIVOS Y JUSTIFICACIÓN	5
2.1. OBJETIVOS.....	5
2.1.1. OBJETIVO GENERAL	5
2.1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS	5
III. HIPÓTESIS.....	7
3.1. HIPÓTESIS DE INVESTIGACIÓN	7
3.1.1. HIPÓTESIS GENERAL	7
3.2. HIPÓTESIS ESTADÍSTICAS	7
IV. MARCO TEÓRICO	8
4.1. GENERALIDADES DEL CUY	8
4.1.1. DESCRIPCIÓN ZOOLOGICA	8
4.2. CARACTERÍSTICAS PRODUCTIVAS DE CUYES.....	9
4.2.1. PESOS AL NACIMIENTO.....	9
4.2.1. PESOS AL DESTETE	9

4.3.	MEJORAMIENTO GENÉTICO EN CUYES	10
4.4.	PARÁMETROS GENÉTICOS.....	11
4.4.1.	HEREDABILIDAD	11
4.4.2.	CORRELACIÓN GENÉTICA.....	14
4.5.	MÉTODOS DE ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS	15
4.5.1.	ESTIMACIÓN DE HEREDABILIDAD POR REGRESIÓN	15
4.5.2.	ESTIMACIÓN POR EL MÉTODO DE MÍNIMOS CUADRADOS (MC)	16
4.5.3.	MÉTODO DE MÁXIMA VEROSIMILITUD RESTRINGIDA Y MODELO ANIMAL	17
V.	MATERIALES Y MÉTODOS	22
5.1.	LUGAR DEL ESTUDIO	22
5.1.1.	UBICACIÓN GEOGRÁFICA	22
5.1.2.	CARACTERÍSTICAS DE LA UNIDAD DE ESTUDIO	22
5.1.3.	DURACIÓN DEL ESTUDIO	23
5.2.	MATERIALES.....	23
5.2.1.	MATERIAL DE CAMPO	23
5.2.2.	EQUIPOS	23
5.2.3.	SOFTWARES A EMPLEAR.....	23
5.2.4.	REGISTROS PRODUCTIVOS DE CUYES	23
5.3.	TIPO DE INVESTIGACIÓN.....	24
5.4.	MÉTODOS	24
5.4.1.	MÉTODOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS	24
5.4.2.	MÉTODOS PARA EL ANÁLISIS DE DATOS	25
VI.	RESULTADOS Y DISCUSIONES	33
6.1.	ESTIMACIÓN DE HEREDABILIDAD Y CORRELACIÓN GENÉTICA POR MÉTODO REGRESIÓN	33

6.2. ESTIMACIÓN DE HEREDABILIDAD Y CORRELACIÓN GENÉTICA POR EL MÉTODO DE MÍNIMOS CUADRADOS (MC)	36
6.3. ESTIMACIÓN DE HEREDABILIDAD Y CORRELACIÓN GENÉTICA CON EL MÉTODO DE MÁXIMA VEROSIMILITUD RESTRINGIDA (REML) 40	
6.4. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS OBTENIDOS CON LAS TRES METODOLOGÍAS	41
VII. CONCLUSIONES	45
VIII. RECOMENDACIONES.....	46
IX. BIBLIOGRAFÍA.....	47

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Descripción zoológica del cuy.....	9
Tabla 2. Estimaciones de heredabilidad de peso al nacimiento y destete en cuyes por diferentes métodos	13
Tabla 3. Estimaciones de heredabilidad para peso al nacimiento y destete en cuyes por diferentes métodos	15
Tabla 4. Ubicación de características climatológicas del centro agronómico K'ayra	22
Tabla 5. Estimación de heredabilidad y correlación genética de peso al nacimiento y peso al destete de cuyes usando el método de regresión de promedio de hijas en madres (opción A).....	33
Tabla 6. Estimación de heredabilidad y correlación genética de peso al nacimiento y peso al destete de cuyes usando el método de regresión de promedio de hijos sobre padres (opción B).	34
Tabla 7. Estimación de heredabilidad y correlación genética de peso al nacimiento y peso al destete de cuyes usando el método de regresión de progenie sobre progenitores (opción C).....	34
Tabla 8. Comparación de heredabilidades y correlación genética del peso al nacimiento y peso al destete en cuyes del centro Agronómico K'ayra – Cusco, usando tres tipos de regresiones	35
Tabla 9. Estadística descriptiva de los cuyes de la línea comercial roja, criados en el centro Agronómico K'ayra - Cusco	37
Tabla 10. Estructura de datos para peso de nacimiento y destete de cuyes de la línea comercial roja, criados en el centro Agronómico K'ayra - Cusco	37
Tabla 11. Heredabilidades y correlación genética del peso al nacimiento y peso al destete de cuyes de la línea comercial roja, estimada por el método de los mínimos cuadrados	38
Tabla 12. Estructura de datos para peso de nacimiento y destete de cuyes de línea de comercial roja.....	40

Tabla 13. Estimación de heredabilidades y correlación genética del peso al nacimiento y peso al destete de cuyes de la línea roja, usando un modelo animal unicaracter y multicaracter	40
Tabla 14. Comparación de las heredabilidades y correlaciones genéticas para el peso al nacimiento y peso al destete de cuyes de la línea comercial roja, usando los tres métodos evaluados	42

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1: Análisis de varianza de modelo 1 y modelo 2 para peso al nacimiento del método de mínimo cuadrado	54
Anexo 2. análisis de varianza de modelo 1 y modelo 2 para el peso al destete de método de mínimos cuadrados.	56
Anexo 3. Comparación de modelo 1 y modelo 2 para peso al nacimiento de método de mínimos cuadrados.	58
Anexo 4. Comparación de modelo 1 y modelo 2 para peso al destete de método de mínimo cuadrado.	58
Anexo 5. Modelo de datos usado en software VCE	59
Anexo 6. Salida de datos de software VCE correspondiente al análisis usando de modelo animal para el peso al nacimiento (PN)	60
Anexo 7. Salida de datos de software VCE correspondiente al análisis usando de modelo animal para el peso al destete (PD).....	62
Anexo 8. Salida de datos de software VCE correspondiente al análisis multivariado de modelo animal para el peso al nacimiento modelo multivariado.....	64

GLOSARIO DE TÉRMINOS

BLUP: Mejor Predictor Lineal Insesgado

CME: Cuadrados medios esperados

D.S: Desviación estándar

ES: Error estándar

h^2 : Heredabilidad

h_{PD}^2 : Heredabilidad del peso al destete

h_{PN}^2 : Heredabilidades del peso al nacimiento

MC: Mínimos cuadrados

PD: Peso de destete

PM: Productos medios

PN: Pesos de nacimiento

REML: Máxima verosimilitud restringida

$r_{g_{PN,PD}}$: Correlación genética entre el peso al nacimiento y el peso al destete

SP: Suma de productos

RESUMEN

El presente trabajo de investigación tuvo como objetivo comparar tres métodos: regresiones, mínimos cuadrados (MC) y máxima verosimilitud restringida (REML), para la estimación de heredabilidades del peso al nacimiento (h_{PN}^2), peso al destete (h_{PD}^2) y la correlación genética entre el peso al nacimiento y el peso al destete ($r_{g_{PN,PD}}$) de cuyes (*Cavia porcellus*) criados en el centro agronómico K'ayra - Cusco de la Facultad de Agronomía y Zootecnia de la Universidad Nacional de San Antonio Abad de Cusco. Para dicho estudio se utilizaron los datos productivos del periodo comprendido entre julio de 2021 hasta mayo de 2023. Se utilizó la información de la población de cuyes de la línea comercial roja. Con el método de regresión, se analizaron tres opciones, la primera, usando el promedio de hijas sobre madres (opción A), con 79 grupos genéticos ($h_{PN}^2 = 0.24 \pm 0.18$, $h_{PD}^2 = 0.22 \pm 0.23$), la segunda, usando la regresión del promedio de hijos sobre padres (opción B), con 36 grupos ($h_{PN}^2 = 0.24 \pm 0.29$, $h_{PD}^2 = 0.33 \pm 0.31$) y también la regresión del promedio de la progenie sobre el promedio de los progenitores (opción C) usando 13 grupos genéticos ($h_{PN}^2 = 0.05 \pm 0.16$, $h_{PD}^2 = 0.09 \pm 0.23$) no encontrándose diferencias entre los estimados obtenidos con esas tres opciones ($p > 0.05$), mientras que la $r_{g_{PN,PD}}$ fue de 0.77 ± 0.18 y 0.16 ± 1.65 , usando las opciones B y C respectivamente. Para el caso de los métodos de MC y REML se usaron 1,072 registros productivos de cuyes, que incluían 62 padres y 249 madres, con dicha información, usando el método de MC se estimó la h_{PN}^2 (0.58 ± 0.12), la h_{PD}^2 (0.64 ± 0.13) y la $r_{g_{PN,PD}}$ (0.64 ± 0.42), y también con el método REML usando un método unicaracter y multicaracter se estimaron la h_{PN}^2 (0.11 ± 0.07 y 0.10 ± 0.06 respectivamente), la h_{PD}^2 (0.20 ± 0.09 y 0.24 ± 0.11 respectivamente) y la $r_{g_{PN,PD}}$ (0.84 ± 0.24). No se observaron diferencias en los estimados de h^2 obtenidos con el método de regresión (opción A) y con el método de MC ($p > 0.05$), pero si entre los estimados de h^2 obtenidos con el método de MC y REML ($p > 0.05$). Además, no hubo diferencia entre las $r_{g_{PN,PD}}$ obtenidas con los tres métodos ($p > 0.05$).

Palabras clave: Heredabilidad, correlación genética, cuyes, pesos vivos.

ABSTRACT

The objective of this research was to compare three methods: regressions, least squares (MC) and restricted maximum likelihood (REML), for the estimation of heritabilities of birth weight (h_{PN}^2), weaning weight (h_{PD}^2) and the genetic correlation between birth weight and weaning weight ($r_{g_{PN,PD}}$) of guinea pigs (*Cavia porcellus*) raised in K'ayra agronomic center of the Facultad de Agronomía y Zootecnia de la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. For this study, productive data from the period between July 2021 and May 2023 were used. Only the information on the population of guinea pigs from the red commercial line was used. With the regression method, three options were analyzed, the first, using the average of daughters over mothers (option A), with 79 genetic groups ($h_{PN}^2 = 0.24 \pm 0.18$, $h_{PD}^2 = 0.22 \pm 0.23$), the second, using the regression of the average of children on parents (option B), with 36 groups ($h_{PN}^2 = 0.24 \pm 0.29$, $h_{PD}^2 = 0.33 \pm 0.31$) and also the regression of the average of the progeny on the average of the parents (option C) using 13 genetic groups ($h_{PN}^2 = 0.05 \pm 0.16$, $h_{PD}^2 = 0.09 \pm 0.23$) with no differences found between the estimates obtained with those three options ($p > 0.05$), although the regression of the average daughters on mothers (option A) obtained lower standard errors, while the $r_{g_{PN,PD}}$ was 0.77 ± 0.18 and 0.16 ± 1.65 , using options B and C respectively. In the case of the MC and REML methods, 1,072 productive records of guinea pigs were used, which included 62 fathers and 249 mothers, with this information, using the MC method the h_{PN}^2 (0.58 ± 0.12), the h_{PD}^2 was estimated (0.64 ± 0.13) and the $r_{g_{PN,PD}}$ (0.64 ± 0.42), and also with the REML method using a single-character and multi-character method the h_{PN}^2 (0.11 ± 0.07 and 0.10 ± 0.06 respectively) were estimated.), the h_{PD}^2 (0.20 ± 0.09 and 0.24 ± 0.11 respectively) and the $r_{g_{PN,PD}}$ (0.84 ± 0.24). No differences were observed in the h^2 estimates obtained with the regression method (option A) and with the MC method ($p > 0.05$), but there were differences between the h^2 estimates obtained with the MC and REML method ($p > 0.05$). Furthermore, there was no difference between the $r_{g_{PN,PD}}$ obtained with the three methods ($p > 0.05$).

Keywords: Heritability, genetic correlation, guinea pigs, live weights.

INTRODUCCIÓN

El cuy es una especie originaria de las regiones andinas de Colombia, Perú, Ecuador y Bolivia, que posee un alto valor nutricional, pues forma parte de una alimentación de calidad de las poblaciones rurales de limitados recursos económicos (Chauca, 1997; Rosales *et al.*, 2021). En la actualidad gran parte de la población rural se dedica a la crianza de cuyes como una actividad que le permite generar ingresos económicos que a la vez permite mejorar la calidad de vida (Cabeza, 2019).

Los parámetros genéticos como la correlación genética y la heredabilidad, facilitan implementar un plan de mejoramiento genético, esto permite la selección de las características definidas y el mantenimiento de las líneas o razas (Jiang *et al.*, 1999; Silva *et al.*, 2006). Así también permiten estimar los avances de programas de mejoramiento genético y valorar los ancestros de un plantel reproductivo (Rubio, 2018). Los parámetros genéticos desempeñan un papel fundamental en la crianza de animales, ya que se estima la varianza aditiva esto es una información clave para la toma de decisiones en el mejoramiento genético (Cadena y Castillo, 2000)

En los programas de mejoramiento genético de cuy, los pesos al nacimiento (PN) y pesos al destete (PD) son de importancia económica ya que son características que tienen correlación positiva con peso al beneficio (Rodríguez *et al.*, 2013).

En la actualidad existen diferentes métodos para la estimación de correlaciones genéticas y heredabilidades, entre ellos están, las regresiones de hijos a padres (Oldenbroek y Van der Waaij, 2014). También se cuenta con el método de mínimos cuadrados en modelos de efectos fijos aleatorizados que determinan componentes de varianza (Gutiérrez, 2010). Además, se pueden usar métodos de máxima verosimilitud restringida (REML) en modelos de efectos mixtos como el mejor predictor lineal insesgado (BLUP) conocido como modelo animal (Mrode, 2014).

Para la estimación de los parámetros genéticos es necesario contar con registros reproductivos y productivos de los animales, además de información genealógica, esta última permite establecer la relación de parentesco entre los individuos de una población evaluada (Cruz *et al.*, 2022). Dada esta situación se plantea el presente trabajo de investigación, la finalidad es comparar tres métodos de estimación de

parámetros genéticos para pesos al nacimiento (PN) y destete (PD) de cuyes (*Cavia porcellus*) criados en el Centro Agronómico K'ayra - Cusco, a fin de determinar las posibles ventajas de estos métodos, considerando la información con que se cuenta en la unidad de producción de cuyes de la escuela profesional de Zootecnia, UNSAAC.

I. PROBLEMA OBJETO DE ESTUDIO

1.1. DEFINICIÓN DEL PROBLEMA DE INVESTIGACIÓN

En la estimación de parámetros genéticos existen diferentes métodos como: las regresiones de hijos en padres, los métodos de mínimos cuadrados en modelos de efectos fijos aleatorizados que permiten estimar componentes de varianza (Oldenbroek y Van der Waaij, 2014), y también se pueden usar métodos de máxima verosimilitud restringida (REML) en modelos de efectos mixtos como el mejor predictor lineal insesgado (BLUP) conocido como modelo animal (Mrode, 2014). Para cada método se utilizan diferentes arreglos de la información productiva y genealogía de la población, por lo tanto, tienen sus propias suposiciones y limitaciones en la estructura de datos, los mismos presentan variaciones en los resultados como producto de la complejidad asociada a la estructura de datos poblacionales que son colectados y que se dispone para el empleo de cada uno de ellos. Dada esta situación, se pretende evaluar estos métodos a fin de identificar aquel que tenga mayores ventajas en términos de precisión para estimar heredabilidad de nacimiento y destete en cuyes, considerando el tipo de datos que se disponen en la unidad de producción de cuyes del centro agronómico de K'ayra – UNSAAC.

1.2. PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN

1.2.1. PREGUNTA GENERAL

¿Qué tan distinta puede resultar la estimación de parámetros genéticos para pesos al nacimiento y destete de cuyes (*Cavia porcellus*) criados en el centro agronómico K'ayra - Cusco, usando tres métodos diferentes?

1.2.2. PREGUNTAS ESPECÍFICAS

- a. ¿Cuáles son los valores de heredabilidad y correlaciones genéticas para peso al nacimiento y destete usando el método de regresión?
- b. ¿Cuáles son los valores de heredabilidad y correlación genética para peso al nacimiento y destete usando el método de mínimos cuadrados?

- c. ¿Cuáles son los valores de heredabilidad y correlaciones genéticas para peso al nacimiento y destete usando el método poblacional con modelo animal?
- d. ¿Existe alguna diferencia en la comparación de los resultados de heredabilidad obtenidos con tres métodos aplicados sobre la población estudiada?

II. OBJETIVOS Y JUSTIFICACIÓN

2.1. OBJETIVOS

2.1.1. OBJETIVO GENERAL

Comparar tres métodos para la estimación de parámetros genéticos para el peso al nacimiento y peso al destete de cuyes (*Cavia porcellus*) criados en el centro Agronómico K'ayra - Cusco.

2.1.2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- a. Estimar los valores de heredabilidad y correlación genética para el peso al nacimiento y peso al destete, usando el método de regresión.
- b. Estimar los valores de heredabilidad y correlación genética para el peso al nacimiento y peso al destete, usando el método de mínimo cuadrados.
- c. Estimar los valores de heredabilidad y la correlación genética para el peso al nacimiento y peso al destete, usando el método poblacional con modelo animal.
- d. Comparar los resultados de heredabilidad obtenidos con tres métodos diferentes aplicados sobre la población estudiada.

2.2. JUSTIFICACIÓN

La crianza de cuyes es una actividad multifacética que ofrece beneficios económicos, nutricionales, culturales y ecológicos, y juega un papel vital en la vida de muchos pobladores de las regiones andinas, lo importante es que genera ingresos económicos para las familias de zona rural y empresas comerciales. El consumo de carne de cuy va incrementando continuamente en el país, esta situación se da en mayor proporción en la sierra de Perú, y en menor medida en Lima (Vásquez *et al.*, 2016).

En los últimos años se están realizando investigaciones en diferentes áreas como sanidad, nutrición, manejo, genética, alimentación y sistemas de producción de cuyes (Pascual *et al.*, 2017; Cruz *et al.*, 2019), pero en todas estas investigaciones se han utilizado individuos reproductores con bajo potencial genético, esto ha ocasionado

que existan respuestas heterogéneas en los aspectos reproductivos y productivos (Cruz *et al.*, 2022).

Ante esta situación surge la necesidad de mejorar la capacidad de crianza de cuyes y una de las estrategias para dicho propósito, es mejorar genéticamente la población de cuyes, con mayor ganancia de peso y rendimiento de carcasa, esto permitirá que la actividad productiva sea ser más eficiente y rentable, lo cual podrá contribuir con el desarrollo y sostenibilidad de la caviicultura.

Las estimaciones de los parámetros genéticos permiten implementar planes de mejoramiento genético (Olesen *et al.*, 2000) y permiten estimar los avances de los programas de mejoramiento genético. En ese sentido es muy útil conocer el grado de heredabilidad de caracteres productivos, ya que con ello se puede implementar programas de selección y mejora genética como, por ejemplo, el empleo de índice de selección (Kempthorne y Tandon, 1953).

Es importante conocer las diferentes ventajas de uso de los métodos en la estimación de los parámetros genéticos para definir el método más conveniente de acuerdo a la estructura de los datos de una población. Dada esta situación se plantea el presente trabajo de investigación, la finalidad es comparar tres métodos en la estimación de parámetros genéticos para el peso al nacimiento y el peso al destete de cuyes (*Cavia porcellus*) criados en el centro Agronómico K'ayra - Cusco, a fin de determinar las posibles ventajas de estos métodos, considerando los datos de esta población que actualmente se tiene.

III. HIPÓTESIS

3.1. HIPÓTESIS DE INVESTIGACIÓN

3.1.1. HIPÓTESIS GENERAL

En los cuyes dado su ciclo de vida corto, los factores ambientales de tipo temporal tienen poco efecto en algunas características productivas como el peso al nacimiento y peso al destete, por esta razón el empleo de métodos sencillos para la estimación de parámetros genéticos no diferirá en los resultados respecto de los obtenidos con métodos más complejos.

3.2. HIPÓTESIS ESTADÍSTICAS

H₀ = Los valores de la heredabilidad y correlación estimados con los tres métodos empleados, son iguales

H_a = Al menos uno de los valores de la heredabilidad y correlación estimados con los tres métodos empleados, es diferente al resto.

IV. MARCO TEÓRICO

4.1. GENERALIDADES DEL CUY

Según Chauca (1997), el cuy es una especie de mamífero roedor originario de la regiones andinas de Colombia, Bolivia, Perú y Ecuador. La carne de cuy es un alimento con alto valor nutritivo, que garantiza y contribuye en la seguridad alimentaria de los pobladores de recursos escasos.

En los países andinos como Ecuador, Colombia, Perú y Bolivia se encuentra una población estable de unos 35 millones de cuyes. El Perú, es el país con mayor población de cuyes, además de ser el mayor consumidor. Existe una producción anual de 16,500 TM de carne provenientes del sacrificio de más de 65 millones de cuyes, producidos por una población más o menos estable de 22 millones con el sistema de producción doméstico (Chauca, 1997).

En la actualidad, la crianza de cuy se proyecta como una alternativa económica de las familias de zonas rurales y también generación de empresas, ello, por las características de prolificidad y precocidad, además por la aptitud de convertir de alimentos de baja calidad a uno de buena calidad (proteína), antiguamente la carne de cuy se consumía generalmente en las zonas andinas, hoy en día existe una creciente demanda internacional (Montes, 2012).

4.1.1. DESCRIPCIÓN ZOOLOGICA

El cuy fue domesticado a partir del cuy silvestre correspondiente a la especie *Cavia tschudii* en diferentes regiones de los andes sudamericanos. En la Tabla 1 se muestra la descripción taxonómica del cuy:

Tabla 1. Descripción zoológica del cuy

Categoría	Taxonomía
<i>Phylum:</i>	Vertebrata
<i>Sub phylum:</i>	Gnathosmata
Clase	Mammalia
Orden	Rodentia
Suborden	Hystricomorpha
Familia	Caviidae
Subfamilia	Cavinae
Género	Cavia
Especie	Cavia aparea aparea Lichtenstein Cavia cobaya, Cavia porcellus

Fuente: Aliaga *et al.*, (2009)

4.2. CARACTERÍSTICAS PRODUCTIVAS DE CUYES

4.2.1. PESOS AL NACIMIENTO

El peso de nacimiento de los cuyes oscila entre 98 y 174 g de acuerdo a diferentes fuentes (Rodríguez *et al.*, 1983; Zapata y Palomino, 1996; Zaldívar *et al.*, 1986; Peruano *et al.*, 1997; Muscari *et al.*, 2004; Dulanto *et al.*, 1999).

Los factores como número de parto, estación de parto, año de nacimiento, edad de la madre al parto y total de nacidos, y factores de zona de crianza y niveles de mejoramiento de progenies, son factores que afectan al peso de nacimiento en cuyes (Rodríguez *et al.*, 2013).

4.2.1. PESOS AL DESTETE

El destete se realiza en promedio a los 14 días, con rango de nueve a 21 días, en esta etapa de recría se agrupa en grupos de 10 cuyes, así también por sexo (Rodríguez *et al.*, 2013). El promedio del peso es 310.9 ± 96.3 g en 14 días (Rodríguez *et al.*, 2013). Otros autores como Peruano *et al.* (1997) y Muscari *et al.* (2004) han reportado 278 g en cuyes de la raza Perú y 202 g en cuyes de la raza Andina y de 281 y 262 g para la raza Inti (Dulanto *et al.*, 1999).

El peso al destete está afectado por el peso de la madre al parto, total de nacidos vivos, edad al destete y edad de la madre al parto, así también otros factores como el año, sexo, estación, número de parto y sexo de cría (Rodríguez *et al.*, 2013).

4.3. MEJORAMIENTO GENÉTICO EN CUYES

Galeano (2019), define el mejoramiento genético como una agrupación de procesos que tiene como objetivo lograr las combinaciones de genes de una población en una dirección deseada o aumentar la frecuencia de genes favorables para determinados caracteres de interés en la población.

En los países desarrollados y Países Bajos se ha convertido en una industria profesional con método y tecnologías modernas el mejoramiento de animales de granja, esto recopilando los datos de alta calidad y análisis, por lo tanto, los resultados de los programas de mejoramiento genético animal, son más eficientes y efectivos, en diferentes partes del mundo y son muchos los millones de animales genéticamente mejorados (Oldenbroek y Van der Waaij, 2014).

En cuanto a los cuyes, el mejoramiento genético de cuyes en el Perú, se desarrolló en tres etapas (Chauca, 2022).

- La primera etapa se dio desde el año 1965 hasta 1970 que tenía la finalidad de conocer las características de la especie, evaluando los parámetros productivos, comportamiento y ecotipos nativos.
- La segunda etapa comprendió desde el año 1970 hasta 2005 que tenía como finalidad el proceso de selección, mediante los parámetros productivos con implicancia económica como la prolificidad y precocidad, terminando este proceso con la entrega a los productores para su multiplicación y validación de cuyes.
- La tercera etapa va desde el año 2005 hasta 2021, se empieza con los cruzamientos interraciales, para ellos se utilizó como la base genética materna al cruce de Andino con Inti hasta llegar a los 5/8 Perú, y paterna a la raza Perú, que fue liberada como raza Kuri.

4.4. PARÁMETROS GENÉTICOS

4.4.1. HEREDABILIDAD

La heredabilidad es un concepto clave en genética cuantitativa que se refiere a la proporción de la variabilidad fenotípica de una característica en una población que es atribuible a la variabilidad genética entre los individuos que componen dicha población.

La heredabilidad es el parámetro genético de carácter cuantitativo de una población de mayor importancia que estima la proporción de la varianza fenotípica que se debe a la varianza genética aditiva (Lynch y Walsh, 1998), además se podría decir que es la estimación de dos parámetros en una población a partir de la semejanza fenotípica entre parientes (Cardelino y Rovira, 1987; Gómez y López, 2014).

Es un indicador de cuánto de la variación observable en una característica particular puede ser explicada por diferencias genéticas, en lugar de por factores ambientales.

En el caso de los cuyes como en otras especies animales de interés zootécnico, la heredabilidad es una herramienta importante para comprender la transmisión de rasgos específicos y para mejorar la crianza y selección de animales con características deseables, mientras mayor sea su magnitud, mayor será el progreso genético (Rubio, 2018).

Matemáticamente se define la heredabilidad como:

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

Donde:

V_A = varianza genética aditiva

V_P = varianza fenotípica

La heredabilidad es un parámetro genético poblacional importante, ya que con este se puede hacer predicciones de los valores genéticos aditivos de los animales (Van der Werf, 2009). Esto es relevante para aplicar procesos de selección dentro de los

programas de mejoramiento genético que se planteen (Oldenbroek y Van der Waaij, 2014).

a. Importancia y utilidad de la heredabilidad

La estimación de heredabilidad se utiliza en programas de mejora genética, la respuesta de selección se puede predecir cuanto está avanzando la mejora genética, el progreso genético será mayor cuando la heredabilidad de un carácter es de media a alta (sobre 0.30) (Rubio, 2018). Por otro lado, cuando la heredabilidad de una característica es baja se debe buscar otras alternativas para identificar a los animales genéticamente superior, determinado la heredabilidad se podría realizar otro tipo de apareamiento (Cardellino y Rovira, 1987).

La estimación de parámetros genéticos es de gran utilidad en la selección genética, ya que proporciona información clave sobre la naturaleza de la acción genética en la herencia de las características de interés, además, proporciona información valiosa para la toma de decisiones en la selección y mejora genética de una población de animales, permitiendo una crianza más eficiente y productiva (Marques, 1995; Oldenbroek y Van der Waaij, 2014).

Según Blasco (2021) y Oldenbroek y Van der Waaij, (2014), algunas de las principales utilidades de la estimación de parámetros genéticos son:

- Selección de reproductores: La estimación de parámetros genéticos permite identificar qué características tienen una mayor influencia genética y, por lo tanto, qué individuos son los más deseables como reproductores.
- Mejora de características productivas: Conociendo los parámetros genéticos, es posible identificar qué características son más heredables y, por lo tanto, más fáciles de mejorar a través de la selección genética.
- Predicción del rendimiento: La estimación de parámetros genéticos ayuda a predecir el rendimiento o el valor genético de un animal o una progenie.
- Diseño de programas de mejora genética: los parámetros genéticos son fundamentales para diseñar programas de mejora genética eficientes y enfocados en los objetivos de selección deseados.

- Gestión de la diversidad genética: la estimación de parámetros genéticos también es útil para evaluar la diversidad genética dentro de una población y evitar la consanguinidad excesiva.

b. Heredabilidad de caracteres productivos en cuyes

La información sobre la heredabilidad en los cuyes es importante para los programas de mejora genética y selección de reproductores con el objetivo de obtener animales con características deseables.

La heredabilidad en cuyes se ha estimado para características productivas de peso al nacimiento, peso al destete y otros caracteres, en diferentes lugares y métodos (Tabla 2) (Cedano, 2023; Vargas et al. 2015; Solarte *et al.*, 2002, Rodríguez, 2013; Cruz *et al.*, 2022)

Tabla 2. Estimaciones de heredabilidad de peso al nacimiento y destete en cuyes por diferentes métodos

Autores	Línea	Método	Heredabilidad (h^2) \pm ES	
			PN	PD
Cedano (2023)	Precoz	Modelo animal	0.21 \pm 0.02	
Cedano (2023)	Cárnica	Modelo animal	0.23 \pm 0.03	0.28 \pm 0.03
Vargas et al. (2015)	Cieneguilla		0.16 \pm 0.04	0.24 \pm 0.05
Vargas et al. (2015)	Cieneguilla		0.15	
Solarte <i>et al.</i> , (2002)		Modelo animal	0.12 \pm 0.05	0.13 \pm 0.05
Rodríguez (2013)	Cieneguilla		0.17 \pm 0.05	0.26 \pm 0.07
Cruz et al. (2022)	Saño	Model animal	0.16 \pm 0.02	0.18 \pm 0.03
Cruz et al. (2022)	Mantaro	Modelo animal	0.13 \pm 0.03	0.20 \pm 0.05
		Medios		
Dillard <i>et al.</i> , (1972)	Línea 1	hermanos paternos	0.12 \pm 0.03	-0.13 \pm 0.03

Leyenda: ES = error estandar; PN = peso de nacimiento; PD = peso de destete.

4.4.2. CORRELACIÓN GENÉTICA

Se define como la correlación de dos caracteres de los valores aditivos que son medidos en el mismo individuo simultáneamente o como el grado de asociatividad entre dos caracteres (Cedano, 2023; Rubio, 2018).

La correlación genética puede tomar los valores de -1 hasta 1, cuando el valor es mayor a cero muestra que los genes de la expresión de los ambos caracteres aumentan, indica que los valores positivamente están relacionados, por otro lado, cuando la correlación es menor a cero se muestra un efecto contrario; (Cedano, 2023; Falconer y McKay, 1996). Este parámetro permite determinar los cambios de los caracteres que se encuentran correlacionados con los criterios de selección (Blasco, 2021).

En la estimación de correlaciones genéticas se utilizan los mismos métodos que se utiliza para determinar heredabilidad, es decir se puede utilizar los mismos datos para estimar ambas, aunque existe pequeñas variaciones (Cardellino y Rovira, 1987).

a. Correlaciones genéticas y su utilidad

La estimación de correlación genética de características de importancia productivo permite planear y ejecutar en programas de selección y por tanto implementar programas de mejoramiento genético, cuando existe varios caracteres simultáneamente y al construir índices, la correlación genética permite decidir que caracteres se va incluir y que peso relativo se le dará a cada uno (Cardellino y Rovira, 1987; Rubio, 2018). La correlación genética en cuyes se estimó entre caracteres reproductivos, productivos y morfométricos; la dirección y valores de dichos permite a tomar decisiones en un programa de mejora planes de mejoramiento genético y así también cuando los caracteres están correlacionados la correlación genética ayuda determinar el cambio de ellos (Rubio, 2018; Blasco 2021).

b. Correlaciones genéticas en cuyes

En cuyes se estimaron los valores entre los caracteres reproductivos, productivos y morfométricos, los valores obtenidos ayudan para tomar decisiones en programas de mejoramiento genético; la correlación genética de caracteres productivos o caracteres reproductivos y morfométricas se obtuvieron signos positivos que varían de medias a

alta (0.28 – 0.92) aunque, algunos han reportado entre caracteres reproductivos y productivos con signo negativo (Chauca, 2022; Dillard *et al.*, 1972; Quijandria *et al.*, 1983; Cedano, 2023).

La correlación genética entre el peso de camada al nacimiento y peso de camada al destete en 28 días es de 0.96 ± 0.17 (Arévalo, 1982); por otro lado, la correlación genética entre el tamaño de camada al nacimiento y peso al beneficio es 0.10, así también, entre el peso de camada al destete y peso de camada al nacimiento se obtuvo una correlación fenotípica de 0.65 y la correlación fenotípica entre el peso de camada al nacimiento y peso posparto se calculó en 0.30 (Chauca, 1997). Por otro lado, en Colombia se reportó la correlación genética entre peso de 30 y 60 días es de 0.68 ± 0.005 , 30 y 90 días es de 0.75 ± 0.06 fue estimado por el modelo animal multicausal (Solarte *et al.*, 2002) y Cedano (2023), reporto moderada y negativa (-0.24 ± 0.10) en línea Precoz entre el efecto directo y materno de peso al nacimiento. Por otro lado, Cruz *et al.* (2022) reporto negativa y alta (-0.77 ± 0.08) entre el efecto directo y materno de peso al nacimiento y también se reportó negativa y moderada (-0.22 ± 0.19) entre el efecto directo y materno de peso al destete en líneas de cuyes de Saños y Mantaro.

Tabla 3. Estimaciones de heredabilidad para peso al nacimiento y destete en cuyes por diferentes métodos

Autores	Línea	Método	Correlación genética
			PN x PD
Dillard <i>et al.</i> , (1972)	Línea 1	MC	0.90 ± 0.05
Quijandria <i>et al.</i> , (1983)		MC (*)	0.50 ± 2.33
Cedano <i>et al.</i> , (2021)	Línea P2	REML	0.82 ± 0.04

Leyenda: PN: peso de nacimiento; PD: peso de destete. (*) medio hermanos paternos

4.5. MÉTODOS DE ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS

4.5.1. ESTIMACIÓN DE HEREDABILIDAD POR REGRESIÓN

El método de regresión de la descendencia permite estimar la heredabilidad considerando que un progenitor y progenie están relacionados genéticamente, todas las variaciones que se observa en un animal se espera que transfiera sus

características genéticas a su progenie, aunque el progenitor solo aporta la mitad de genes a su progenie por lo tanto solo existe la mitad de varianza genética entre progenitor y progenie (Oldenbroek y Van der Waaij, 2014).

La regresión entre progenitor y progenie es:

$$b_{XY} = \frac{COV(X,Y)}{V(X)} = \frac{\sum xy}{\sum x^2}$$

Donde:

b_{XY} = regresión entre dos grupos de datos

$COV(X,Y)$ = covarianza de X e Y

$V(X)$ = varianza de X

4.5.2. ESTIMACIÓN POR EL MÉTODO DE MÍNIMOS CUADRADOS (MC)

El método de los mínimos cuadrados (MC) se utiliza para calcular la recta de regresión lineal que minimiza las diferencias entre los valores reales y los estimados por la recta de regresión (residuos o errores). Fue desarrollado por Gauss y Legendre a finales del siglo XVIII y principios del siglo XIX. Este método, se basa en la minimización de la suma de los cuadrados de los residuos (diferencias entre valores observados y predichos).

El método de MC se usa para encontrar la mejor aproximación en la estimación de parámetros, minimizando la suma de los cuadrados (SC) de las diferencias entre los valores observados y los valores predichos por el modelo.

Matemáticamente, si se tiene un conjunto de datos (x_i, y_i) y un modelo lineal $y = a + bx$. El método de MC permite ajustar la recta que mejor describe la relación entre x e y .

Uno de los usos más importantes del método de MC en genética, se da para la estimación de parámetros genéticos, como la heredabilidad (h^2), esta es una medida que indica la proporción de la variabilidad fenotípica que puede atribuirse a variabilidad genética entre individuos en una población.

En el campo de la genética cuantitativa, los modelos lineales se utilizan para descomponer la varianza fenotípica (V_P) en los componentes de varianza genética

(V_G) y varianza ambiental (V_E) de modo que el modelo genético, adquiere la siguiente representación:

$$V_P = V_G + V_E$$

Para estimar la heredabilidad (h^2) que es la fracción de la varianza fenotípica debida a varianza genética aditiva (V_A), se utilizan datos de parentesco y modelos lineales. El método de MC se aplica para ajustar estos modelos y estimar los componentes de varianza (Falconer y Mackay, 1996). En ese sentido el uso del análisis de varianza (ANOVA) con el método de MC permite obtener los componentes de varianza de modo que con estos y con la relación de parentesco de grupos de animales en estudios diseñados para este fin (ejemplo, grupos de medio hermanos anidados dentro de padres) se puede estimar el valor de la heredabilidad (Lynch y Walsh, 1998)

Los métodos propuestos por Henderson, utilizan también ecuaciones de mínimos cuadrados (MC) para estimar los componentes de la varianza a partir de determinadas cuadráticas y sus esperados, aunque las estimaciones de las varianzas son insesgadas, no son las más precisas debido a que las sumas de cuadrados y sus esperados no dependen de la estructura de varianza-covarianza de los datos (Van der Werf, 2009).

4.5.3. MÉTODO DE MÁXIMA VEROSIMILITUD RESTRINGIDA Y MODELO ANIMAL

El método de máxima verosimilitud restringida (REML) es uno de los métodos usados para estimar los valores de los parámetros de una función de distribución de probabilidad, REML inicialmente desarrollado por Anderson y Bancroft (1952) para datos balanceados y luego fue extendido por Thompson (1962), además fue extendida a diseños de bloques o datos desbalanceados con distribución normal por Patterson y Thompson (1971). Este método consiste en factorizar la verosimilitud completa en dos partes que son independientes, una de las cuales no contiene media, asumiendo que al usar esta parte de la verosimilitud no se pierde información con respecto al usar la verosimilitud completa (León, 2004).

El REML se utiliza para ajustar modelos lineales mixtos, pudiendo producir estimaciones insesgadas de parámetros de varianza y covarianza, la ventaja de

REML radica en que los estimadores de varianza y covarianza obtenidos por este método tienen propiedades asintóticas, además, se adecuan mejor al trabajo con muestras considerablemente grandes y desbalanceadas, en este caso los componentes de varianza son consistentes, normalmente asintóticos y eficientes (Galán *et al.*, 2003), por esta razón este tipo de método se hacen preferibles sobre los estimadores obtenidos con otros métodos como el de mínimo cuadrados.

Por otro lado, el modelo animal es un tipo de modelo mixto en los que algunos de los componentes son factores fijos y otros son factores aleatorios (Searle, 1971). En el caso del modelo animal tiene como factor aleatorio al animal que se utiliza para estimar el valor genético de un animal a través de la información fenotípica de sus parientes. Al utilizar esta técnica, se puede obtener una estimación más precisa del valor genético de un animal y, por lo tanto, tomar decisiones dentro de los programas de mejoramiento genético (Oldenbroek y Van der Waaij, 2014).

Henderson (1984), desarrolló un algoritmo para poder simplificar el proceso matemático con la siguiente ecuación matricial.

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

Donde:

X' = transpuesta de la matriz de factores fijos

Z = matriz de factores aleatorios

Z' = transpuesta de la matriz de factores aleatorios

A^{-1} = inversa de la matriz de parentesco

\hat{b} = vector de factores aleatorios

$\hat{\mu}$ = vector de factores aleatorios

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

En evaluaciones genéticas de cuyes como en otras especies, se empleó el método por diferentes autores en donde analizaron para el peso de nacimiento y destete, considerando con efectos fijos (sexo, número de parto, tamaño de camada, temporada de parto), el efecto animal y camada fueron componente de aleatorio

dentro del modelo, mediante multicaracter y unicaracter respectivamente (Solarte *et al.*, 2002; Rodríguez *et al.*, 2013)

4.5.4. VENTAJAS Y DESVENTAJAS DE LOS MÉTODOS PARA ESTIMAR PARAMETROS GENÉTICOS

a. Método de regresiones

Este método permite estimar la heredabilidad según el parecido entre progenie y progenitor, generalmente es una buena fuente para estimar la heredabilidad, además la correlación ambiental afecta en menores probabilidades el parecido entre hermanos generalmente en maternos; aunque existe un problema ya que junta ambos sexos, algunos animales tienen más crías hembras, mientras otros más machos, la ganancia de peso es influenciada por el sexo de animal, por lo tanto, aumenta la varianza ambiental de tal modo los resultados pueden ser viciados y menos confiables (Cardellino y Rovira, 1987). Además, la cantidad de repeticiones repercute en la precisión y exactitud de los resultados, cuantas más repeticiones dan un resultado más parecido.

La heredabilidad (h^2) para regresiones de promedio de hijas sobre madres es un método más recomendado que el anterior, en este caso se estima la regresión solamente a la mitad de la heredabilidad. Este método minimiza los efectos ambientales, el error estándar demasiado alto tomaría un resultado no confiable o inútil, para tener un resultado confiable y precisión aceptable se necesita cerca de 1,000 repeticiones, por lo tanto, aumenta el costo para obtener la información fenotípica (Cardellino y Rovira, 1987).

Este método se ha visto afectado por ambientales que está relacionado el parecido de dos hermanos maternos o parecido de dos parientes contemporáneos que hayan tenido relación prenatal y también se han visto errores de muestreo de las estimaciones, además cuando se estima la heredabilidad en hermanos completos ósea padres e hijos no incluye desviaciones de dominancia (Oldenbroek y Van der Waaij, 2014).

b. Método de mínimos cuadrados

Para estimar los componentes de varianza en el método de regresiones se necesita un número bastante grande, es decir se necesita animales con pedigrí y observaciones muy grandes, si no tienes un buen pedigrí y solo limitado de observaciones de animales, absolutamente no tiene solución rápida para determinar la heredabilidad con el método de regresión (Cardellino y Rovira, 1987)

Usando el método de mínimos cuadrados, se estima la precisión es decir la varianza mínima, por lo tanto, no se puede corregir la selección de los datos de cría y también existen limitaciones de factor ambiental (Oldenbroek y Van der Waaij, 2014). Con este método se debe ordenarse la estructura de familiar, por lo cual necesita un conocimiento más explícito sobre la estructura de datos.

c. Método de máxima verosimilitud restringida con modelos mixtos

En los últimos años, en la cría de animales se ha visto importantes avances en los métodos para estimar parámetros genéticos. La metodología de modelos mixtos, especialmente el BLUP (Mejor Predictor Lineal Insesgado), se ha adoptado ampliamente para la evaluación genética. Esto por un aumento en el uso de procedimientos para estimar componentes de la varianza. Además, los modelos de análisis se han refinado, volviéndose más detallados y adecuados para reflejar con mayor precisión las complejidades genéticas, por tanto, los cambios han permitido una evaluación genética más precisa y efectiva en la cría de animales (Meyer, 1989).

El método máxima verosimilitud restringida (REML) utiliza las ecuaciones con modelos mixtos, el cual se ha convertido en un método importante y elegible para mayoría de las aplicaciones de crías de animales (Jiang *et al.*, 1999). El modelo animal es ampliamente usado para la evaluación genética, se podría decir que el uso de este permite obtener resultados más precisos y ampliados, en tal sentido, los modelos con efectos de dominancia y ambientes permanentes que son ajustados como efectos aleatorios (Falconer, 1981).

El modelo animal ha ayudado especialmente a cambiar el pensamiento hacia un concepto de modelo lineal, en el que se estima directamente las varianzas debidas a

efectos aleatorios ajustados. Dada sus propiedades estadísticas, el uso de REML ahora se considera el procedimiento óptimo para una amplia gama de análisis.

El modelo animal ha sido fundamental en la transformación del enfoque hacia un modelo lineal, permitiendo la estimación directa de varianzas debida a efectos aleatorios ajustados. Por sus ventajas estadísticas, el método de máxima verosimilitud restringida (REML) se reconoce ahora como el procedimiento óptimo para una variedad de análisis. Esto se debe a su capacidad para proporcionar estimaciones más precisas y sin sesgo de los componentes de la varianza (Meyer, 1989). Sin embargo, el uso REML puede ser demasiado complicado con varios efectos aleatorios y requieren la necesidad de datos precisos, sin embargo, el uso de método REML tiene una ventaja que es flexible en el manejo de datos en varias generaciones (Oldenbroek y Van der Waaij, 2014).

V. MATERIALES Y MÉTODOS

5.1. LUGAR DEL ESTUDIO

5.1.1. UBICACIÓN GEOGRÁFICA

El presente estudio se realizó en la unidad de producción de cuyes del Centro Agronómico K'ayra, que está ubicado en el distrito de San Jerónimo, provincia Cusco, región Cusco, perteneciente a la Facultad de Agronomía y Zootecnia de la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco (UNSAAC).

Tabla 4. Ubicación de características climatológicas del centro agronómico K'ayra

Características	Descripción
Altitud	3,244 msnm
Latitud	13°33'50.48"S
Longitud	71°52'43.53"O
Temperatura media anual	Oscila desde 5 °C a 20 °C
Humedad relativa	65%
Clima	Frio seco

Fuente: SENAMHI (2023)

5.1.2. CARACTERÍSTICAS DE LA UNIDAD DE ESTUDIO

Los cuyes fueron alimentados en condiciones similares con alimento mixto (alimento balanceado para cuyes más forraje verde consistente en asociado de alfalfa y rye grass). El alimento balanceado se suministró a razón de 20 g por animal y el forraje de manera *ad libitum*. La temperatura ambiental en la zona donde se ubica el galpón oscila de 8 °C hasta 22 °C (SENAMHI, 2023). El sistema de crianza se realizó en pozas de 1.5 m x 1m. La unidad de cuyes posee áreas de cultivos para su propio abastecimiento, el forraje consistente en asociado de alfalfa con rye grass italiano, y en tiempo de cosecha (de mayo a julio) se le suministro chala de maíz.

5.1.3. DURACIÓN DEL ESTUDIO

Los datos fenotípicos del peso al nacimiento (PN) y peso al destete (PD) cuyes de línea comercial denominada “roja”, fueron facilitados por la unidad de producción de cuyes de FAZ. UNSAAC. Estos datos corresponden al periodo de julio de 2021 a mayo de 2023 y fueron analizados en un periodo de cuatro meses, desde octubre del 2023 hasta enero del 2024.

5.2. MATERIALES

5.2.1. MATERIAL DE CAMPO

- Cuadernos de campo o control
- Base de datos (registros productivos y genealógicos)
- Registro diario
- Lapiceros

5.2.2. EQUIPOS

- Laptop
- Calculadora
- Balanzas

5.2.3. SOFTWARES A EMPLEAR

- Rv.4.2 y RStudio
- Excel
- VCE

5.2.4. REGISTROS PRODUCTIVOS DE CUYES

Se empleó la información productiva del peso al nacimiento, peso al destete, tamaño de camada y número de parición, además de información genealógica de la población de cuyes de línea comercial roja que se cría en el galpón del Centro Agronómico K'ayra y que fenotípicamente se parece a la raza Perú, desarrollada por el INIA-Lima Perú (Chauca, 2022) y que comúnmente también se le denomina Perú. De dicha información obtenida, para el análisis por regresión del promedio de hijas sobre madres, se analizaron 79 grupos genéticos; para el caso de la regresión del promedio

de hijos sobre padres se emplearon 36 grupos genéticos y se utilizaron 13 grupos genéticos para el caso de la regresión del promedio de la progenie sobre progenitores. El grupo genético es la agrupación de progenitor con progenie con su respectiva información productiva (peso al nacimiento y peso al destete), por otro lado, para el método de mínimos cuadrados y máxima verosimilitud restringida se analizaron en un total de 1,072 registros y consideraban a 62 padres y 249 madres (del periodo de evaluación y registro productivos que fue de julio de 2021 a mayo de 2023).

5.3. TIPO DE INVESTIGACIÓN

La investigación fue de tipo observacional ya que no se modificaron variables evaluadas y al emplear datos previamente colectados por la unidad de producción de cuyes de Escuela Profesional de Zootecnia- UNSAAC, en un lapso de 22 meses anteriores, se considera a esta como de tipo retrospectivo.

5.4. MÉTODOS

5.4.1. MÉTODOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS

Los datos productivos e información genealógica de los cuyes de línea comercial roja se registraron diariamente en la unidad de producción de cuyes. Para la identificación de los cuyes nacidos se utilizaron plumones indelebiles y se marcaron en las orejas, cuando se realiza el destete se utilizaron aretes metálicos en los cuales se registraron el código de identificación individual del cuy.

Los registros productivos que fueron empelados (1) peso de nacimiento, (3) peso de destete, (4) tamaño de camada, (5) número de parición, además se utilizó la información genealógica de estos animales.

Las metodologías de coleta de pesos al nacimiento y pesos al destete empleadas en el galpón fueron las siguientes:

a. Peso al nacimiento

Para la colecta del peso al nacimiento (PN), se empleó una balanza digital con aproximación de 0.1 g, Este tipo de información se registraron una vez al día generalmente después de medio día, así también se realizó la filiación de los cuyes

nacidos en donde se registraron la fecha de parición, sexo del animal, línea o grupo racial a la que pertenece, poza de parición, galpón, código de filiación de la madre y del padre.

b. Pesos al destete

Los pesos al destete (14 días de vida) de los cuyes, se pesaron con una balanza digital de aproximación de 0.1 g, y se registraron después de medio día. Luego de ello, los cuyes destetados fueron aretados a fin de poder tener su código de identificación (ID), luego se separaron de las madres y puestos en pozas de recría clasificados por el sexo, para tener registro y diferenciarlo en las demás etapas de cría en las que son evaluados.

5.4.2. MÉTODOS PARA EL ANÁLISIS DE DATOS

La estimación de la heredabilidad se hizo mediante tres métodos diferentes regresión, mínimos cuadrados (MC) y método de máxima verosimilitud restringida (REML), cada cual se explica a continuación.

a. Estimación de heredabilidad y correlación genética por regresión

La heredabilidad se calculó con tres tipos de regresiones: regresión de promedio de hijas sobre madres, promedio de hijos sobre padres y regresión de progenie sobre progenitores. Las fórmulas según Cardellino y Rovira, (1987).

Para el caso de la regresión del promedio de hijas sobre madres y el promedio de hijos sobre padres, se utilizó la siguiente formula.

$$2b_{OP} = 2 \frac{COV(X, Y)}{V(X)} = 2 \frac{\sum xy}{\sum x^2}$$

Para el caso de la regresión del promedio de la progenie sobre el promedio de progenitores, se utilizó la siguiente formula.

$$b_{OP} = \frac{COV(X, Y)}{V(X)} = \frac{\sum xy}{\sum x^2}$$

El error estándar de la heredabilidad obtenida con los tres tipos de regresiones se calculó con la siguiente fórmula.

$$S_b^2 = \frac{1}{N-2} \left[\sum y^2 - \frac{(\sum xy)^2}{\sum x^2} \right]$$

$$ES(h^2) = ES(b) = \sqrt{\frac{S_b^2}{\sum x^2}}$$

Respecto al cálculo de la correlación genética se usó la siguiente fórmula.

$$r_{AAB} = \frac{Cov_{X_A Y_B} + Cov_{X_B Y_A}}{2\sqrt{Cov_{X_A Y_A} Cov_{X_B Y_B}}}$$

El error estándar de correlación genética se calculó con la siguiente fórmula.

$$ES(r_{AAB}) = \frac{1 - r_A}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{(ESh_A^2)(ESh_B^2)}{h_A^2 h_B^2}}$$

b. Estimación de heredabilidad y correlación por el método de mínimos cuadrados (MC)

Para la estimación de heredabilidad por el método de mínimo cuadros en un análisis de varianza (ANOVA), en primer lugar, se evaluaron dos modelos aditivos lineales que incluyeron los factores fijos que tienen efecto sobre los caracteres evaluados. El primer modelo lineal evaluado (modelo 1), no consideró efectos de interacción, mientras el segundo modelo (modelo 2) si consideró la existencia de efectos de interacción entre los factores fijos.

Ambos modelos, se presentan a continuación:

Modelo aditivo lineal 1

$$Y_{ijkl} = \mu + S_i + T_j + E_k + N_l + e_{ijkl}$$

Donde:

Y_{ijkl} = Peso de nacimiento y destete

μ = Efecto medio (media)

S_i = Sexo de cría

T_j = Tamaño de camada

E_k = Mes

N_j = Número de parición

e_{ijkl} = Efecto residual (error)

Modelo aditivo lineal 2

$$Y_{ijkl} = \mu + S_i + T_j + E_k + N_l + (S * T)_{ij} + (S * E)_{ik} + (S * N)_{il} \\ + (T * E)_{jk} + (T * N)_{jl} + e_{ijkl}$$

Donde:

Y_{ijkl} = Peso de nacimiento y destete

μ = Efecto medio (media)

S_i = Sexo de cría

T_j = Tamaño de camada

E_k = Mes

N_j = Número de parición

e_{ijkl} = Efecto residual (error)

Se hizo un análisis de comparación de los dos modelos, observándose una diferencia significativa entre estos ($p < 0.05$), Dado este resultado se, se trabajó con el modelo aditivo lineal 2, ya que mostro un coeficiente de determinación mayor que el modelo aditivo lineal 1.

Para estimar la heredabilidad se obtuvieron los cuadrados medios esperados (CME) de las fuentes de variación entre padres y dentro de padres (entre medio hermanos). Las fórmulas que se utilizaron según Cardellino y Rovira, (1987).

Para estimar los componentes de varianza

$$\sigma_s^2 = \frac{MS_S - MS_W}{k}$$

$$\sigma_w^2 = MS_W$$

Donde:

MS_S y MS_W = son cantidades que salen de los datos en cuadrados medios entre medio hermanos y entre padres

k = número de hijos por padre

El cálculo de valor de k , cuando el número de hijos por padre es diferente, se hace usando la siguiente formula:

$$f = \frac{1}{S - 1} \left(N - \frac{\sum n_j^2}{N} \right)$$

Donde:

N = número total de hijos de todos los cuyes ($N = \sum n_j$)

Para estimar el coeficiente de correlación de intraclase

$$t = \frac{\sigma_s^2}{\sigma_s^2 + \sigma_w^2}$$

Donde:

t = Coeficiente de correlación intraclase

σ_s^2 = Componente de varianza entre padres

σ_w^2 = Componente de varianza dentro de padres (dentro de medio hermanos)

La heredabilidad se calculó con la siguiente formula:

$$h^2 = 4 * t$$

Para determinar la precisión de la heredabilidad por el método de mínimos cuadrados en un análisis de varianza, se calculó con la siguiente formula:

$$ES (h^2) = 4 \sqrt{\frac{2(1 - t)^2 [1 + (k - 1)t]^2}{k(k - 1)(s - 1)}}$$

Donde:

t = Coeficiente de correlación intraclase

k = número de hijos por macho

s = número de padres

En cuanto a la correlación genética, para el método de mínimos cuadrados, se usa un análisis de covarianza, que utiliza la suma de productos (SP) y los productos medios (PM) de manera que los componentes de covarianza entre padres y entre progenie, usando la siguientes formulas:

$$\widehat{Cov}_{S_{12}} = \frac{PM_S - PM_W}{k}$$

$$\widehat{Cov}_{W_{12}} = PM_W$$

Donde:

$\widehat{Cov}_{S_{12}}$ = covarianza entre el caracter 1 y 2 en los padres

$\widehat{Cov}_{W_{12}}$ = covarianza entre el caracter 1 y 2 entre medio hermanos, dentro de padres

PM_S = producto medio entre padres

PM_W = producto medio entre medio hermanos dentro de padres

k = número de hijos dentro de padres

Donde la correlación genética aditiva de los caracteres 1 y 2 es:

$$\hat{r}_{A_{12}} = \frac{4 \widehat{Cov}_{S_{12}}}{\sqrt{4 \hat{\sigma}_{S_1}^2 \cdot 4 \hat{\sigma}_{S_2}^2}}$$

Donde:

$\hat{r}_{A_{12}}$ = correlación genética entre carácter 1 y 2

$\widehat{Cov}_{S_{12}}$ = covarianza entre el carácter 1 y 2 en los padres

$\hat{\sigma}_{S_1}^2$ = varianza del carácter 1 en el padre

$\hat{\sigma}_{S_2}^2$ = varianza del carácter 2 en el padre

El error estándar se determina, usando la siguiente fórmula:

$$ES(\hat{r}_{A_{12}}) = \frac{1 - \hat{r}_{A_{12}}}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{(ES\hat{h}_1^2) (ES\hat{h}_2^2)}{h_1^2 h_2^2}}$$

Donde:

$ES(\hat{r}_{A_{12}})$ = error estándar de la correlación genética entre carácter 1 y 2

$ES\hat{h}_1^2$ = error estándar de la heredabilidad del carácter 1

$ES\hat{h}_2^2$ = error estándar de la heredabilidad del carácter 2

$h_1^2 h_2^2$ = producto de las heredabilidades de los caracteres 1 y 2

Para la aplicación de este método solo se utilizaron los animales que poseían registro productivo (peso al nacimiento y al destete) e información genealógica.

c. Estimación de heredabilidad y correlaciones por método de máxima verosimilitud restringida (REML) o modelo mixto.

Para estimar la heredabilidad por el método máxima verosimilitud restringida (REML) se utilizaron los modelos mixtos unicaracter y multicaracter. La representación matricial del modelo animal tiene la siguiente estructura:

$$y = X\beta + Za$$

Donde:

y = vector de fenotipos (peso de nacimiento y destete)

β = vector de efectos fijos (sexo, mes, tamaño de camada al nacimiento y número de parición).

X = matriz de incidencia de efectos fijos (sexo, mes, tamaño de camada al nacimiento y número de parición).

a = vector de efectos aleatorios (animal y camada)

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

Dicho modelo matricial se puede expresar usando el artificio de Henderson (1984):

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

Donde:

X = matriz de factores fijos

X' = transpuesta de la matriz de factores fijos

Z = matriz de factores aleatorios

Z' = matriz de factores aleatorios

P^{-1} = inversa de la matriz de parentesco

\hat{b} = vector de coeficientes para factores fijos

$\hat{\mu}$ = vector de coeficientes para factores aleatorios

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

Para este método solo se utilizó los animales que tienen registro productivo (peso al nacimiento y al destete) e información genealógica, el procesamiento se efectuó usando el software VCE.

d. Comparación de métodos

Las estimaciones de heredabilidad y correlaciones genéticas fueron comparadas usando la prueba de T cuya expresión es la siguiente:

$$t = \frac{(\bar{X} - \bar{Y})}{\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n} + \frac{\sigma_2^2}{m}}}$$

Para los análisis propuestos se emplearon lenguajes de programación R v 4.0, el software R-studio, el software VCE.

VI. RESULTADOS Y DISCUSIONES

6.1. ESTIMACIÓN DE HEREDABILIDAD Y CORRELACIÓN GENÉTICA POR MÉTODO REGRESIÓN

Los valores de heredabilidad para los pesos al nacimiento (PN) y peso al destete (PD), en los cuyes de línea comercial roja, obtenidos con la regresión entre el promedio de hijas sobre madres (opción A), se muestra en la Tabla 5, mientras la correlación genética no se pudo hallar por la inconsistencia de datos. La heredabilidad de PN y PD para ambas características (0.24 ± 0.18 y 0.22 ± 0.23) se puede considerar como intermedia, aunque se ven errores estándares relativamente altos en relación al valor de las heredabilidades.

Tabla 5. Estimación de heredabilidad y correlación genética de peso al nacimiento y peso al destete de cuyes usando el método de regresión de promedio de hijas en madres (opción A).

Carácter	Grupos genéticos	Promedio de hijas \pm DS	$h^2 \pm$ ES	Correlación genética \pm ES
PN	79	3.38 ± 2.41	0.24 ± 0.18	-----
PD	76	3.26 ± 2.40	0.22 ± 0.23	

Leyenda: PN = peso al nacimiento, PD = peso al destete, h^2 = heredabilidad, ES = error estándar: DS = Desviación estándar.

Por otro lado, el valor de las heredabilidades para PN y PD, así como la correlación genética entre ambos caracteres, usando la regresión de promedio de hijos en padres (opción B), se muestran en la Tabla 6.

Tabla 6. Estimación de heredabilidad y correlación genética de peso al nacimiento y peso al destete de cuyes usando el método de regresión de promedio de hijos sobre padres (opción B).

Carácter	Grupos genéticos	Promedio de hijos \pm DS	$h^2 \pm$ ES	Correlación genética \pm ES
PN	36	17.81 \pm 11.02	0.24 \pm 0.29	0.77 \pm 0.18
PD	36	17.83 \pm 11.01	0.33 \pm 0.31	

Leyenda: PN = peso al nacimiento, PD = peso al destete, h^2 = heredabilidad, ES = error estándar: DS = Desviación estándar.

Usando la información de los cuyes machos, se tuvo un mayor error estándar que habiendo usado la información de los cuyes hembras (76 grupos genéticos), esto debido al menor número de grupos genéticos que se consideraron en el caso de los cuyes machos (36 grupos genéticos), lo que hace notar la necesidad de contar con un alto número de grupos genéticos para elevar la precisión de la estimación.

El último, con la regresión del promedio de progenie (machos y hembras) sobre el promedio de los progenitores (padres y madre) (opción C), con esta opción, las heredabilidades del PN y del PD, resultaron en valores menores (heredabilidades bajas) manteniendo errores estándares altos (ver Tabla 7), además el resultado de la correlación también fue bajo, con un error estándar bastante alto. Esto porque el número de grupos genéticos fue bajo (13 grupos).

Tabla 7. Estimación de heredabilidad y correlación genética de peso al nacimiento y peso al destete de cuyes usando el método de regresión de progenie sobre progenitores (opción C).

Carácter	Grupos genéticos	Promedio de hijos \pm DS	$h^2 \pm$ ES	Correlación genética \pm ES
PN	13	14.69 \pm 10.26	0.05 \pm 0.16	0.16 \pm 1.65
PD	13	14.69 \pm 10.26	0.09 \pm 0.23	

Leyenda: PN = peso al nacimiento, PD = peso al destete, h^2 = heredabilidad, ES = error estándar: DS = Desviación estándar.

Se hizo, además, una evaluación comparativa entre las tres opciones de regresión (A, B y C). La comparación de resultados de heredabilidad y correlación genética, fueron comparado con una prueba de T, los resultados se muestran en la Tabla 8.

Producto de la comparación efectuada de los tres tipos de regresiones no se observaron diferencias significativas ($p > 0.05$), lo que implica que la estimación de heredabilidades para PN y PD, además de la correlación genética entre PN y PD obtenida usando regresiones sea de individuos machos (hijos en padres) y hembras (hijas en madres) o del conjunto (progenie en progenitor), son iguales, a pesar de tener diferentes valores hallados, también puede observarse un elevado error estándar (ES), en los resultados de estas tres tipos de regresiones.

Tabla 8. Comparación de heredabilidades y correlación genética del peso al nacimiento y peso al destete en cuyes del centro Agronómico K'ayra – Cusco, usando tres tipos de regresiones

Regresiones comparadas	B	h ² PN		h ² PD		r _g PN, PD	
		Valor ± ES	p-valor	Valor ± ES	p-valor	Valor ± ES	P-valor
A con B	A	0.24±0.18	0.8968	0.22±0.23	0.5902	---	
	B	0.24±0.29		0.33±0.31			
A con C	A	0.24±0.18	0.3555	0.22±0.23	0.6439	---	
	C	0.05 ± 0.16		0.09±0.23			
B con C	B	0.24 ± 0.29	0.3688	0.33±0.31	0.3575	0.77±0.17	0.6328
	C	0.05 ± 0.16		0.09±0.23		0.16±1.65	

Leyenda: h² = Heredabilidad, b= regresión, r_g = correlación genética, A = regresión de hijas sobre madres, B = regresión hijos sobre padres, C = regresión de progenie sobre progenitores, PN = peso al nacimiento, PD= peso al destete, ES = error estándar, p-valor = valor de probabilidad usando prueba de T.

El método de correlación de efectos genéticos aleatorios, ofrece la probabilidad de compartir genes en función de su relación familiar (Lee *et al.*, 2011). Además, el método de regresión considerando el promedio de hijos sobre padres o el promedio de hijas sobre madres, se usa para eliminar el efecto del sexo en tal sentido este método fue usado para estimar la heredabilidad del PN en cuyes usando regresiones de hijos en padres (0.09 ± 0.02) y de hijas en madres (0.12 ± 0.03) además de las heredabilidades para el PD (Quijandria *et al.*, 1983).

Un aspecto a considerar es que también se deben considerar el efecto de factores ambientales, como el tamaño de camada, el número de parto de la madre o el efecto de estación del año, mismos que pueden tener efectos significativos en los resultados (Cardellino y Rovira, 1987). Como se vio, los valores de heredabilidad estimados con las diferentes opciones de regresión y los valores del error estandar en cada caso, son altos. Estos errores pueden también ser el resultado de la no inclusión de los factores antes indicados, mismos que pueden tener impacto en los resultados productivos y por tanto esto puede sobre estimar o sub estimar los valores de heredabilidad y de las correlaciones genéticas estimadas (Villeméreuil *et al.*, 2013) al no considerar su efecto en la varianza de los registros productivos evaluados.

Por otro lado, la regresión de progenie sobre progenitores es una buena fuente para estimar la heredabilidad, aunque existe un problema ya que analiza de forma conjunta ambos sexos, este es un problema dado que algunos animales tienen más crías hembras, mientras que otros tienen más crías machos, pero, la ganancia de peso como se sabe, es influenciada por el sexo de animal, por lo tanto, los resultados pueden ser viciados y menos confiables (Cardellino y Rovira, 1987); además y como se indicó anteriormente, fueron menos los grupos genéticos evaluados con opción C (regresión de progenie en progenitores) (17 grupos). Considerando que para tener un resultado con precisión aceptable se necesita 100 grupos genéticos para tener errores estándares 0.22 y 1,000 grupos genéticos para tener errores estándares 0.021 (Cardellino y Rovira, 1987), hace necesario contar con mayor cantidad de información fenotípica, esta necesidad abre la posibilidad de emplear otros métodos de estimación de parámetros genéticos.

6.2. ESTIMACIÓN DE HEREDABILIDAD Y CORRELACIÓN GENÉTICA POR EL MÉTODO DE MÍNIMOS CUADRADOS (MC)

En primer lugar, se obtuvieron datos descriptivos de la línea comercial roja, en referencia a los datos para PN y PD, los cuales se presentan en la siguiente tabla.

Tabla 9. Estadística descriptiva de los cuyes de la línea comercial roja, criados en el centro Agronómico K'ayra - Cusco

Rasgos productivos	Registros	Promedio (g) ± DS	Min.	Max.
PN	1,072	145.31 ± 31.24	58.80	270
PD	1,072	277.37 ± 64.49	128.13	528

Leyenda: PN: pesos de nacimiento, PD: peso de destete, D.S: desviación estándar, Min: mínimo, Max: máxima.

El peso promedio al nacimiento de la línea comercial roja fue de 145.31 g ± 31.24, fue similar al promedio reportado por Ramos-Espinoza *et al.*, (2023) en cuyes de raza Perú criados en Huancavelica (148.6 g), además se asemeja al promedio obtenido por Cruz *et al.* (2022), quienes reportaron pesos al nacimiento de 153.3 ± 1.0 y 150.1 ± 1.0, para las líneas Saño y Mantaro, respectivamente; por otra parte, los resultados obtenidos son ligeramente superiores a los valores que obtuvieron Yamada *et al.*, (2018) (140.1 ± 32.5 g) y Rodríguez *et al.* (2013) (146.9 ± 33.5 g).

Respecto al peso al destete (14 días), este fue de 277.37 g ± 64.49, algo inferior a los promedios reportados por Ramos-Espinoza *et al.*, (2023) en cuyes de raza Perú criados en Huancavelica (290.9 g) y Cruz *et al.* (2022) en cuyes de líneas Saño y Mantaro (289.1 ± 2.0 y 291.8 ± 2.1 g, respectivamente) y ligeramente superior reportado por Yamada *et al.* (2018) (248.0 ± 62.3 g), mientras que en cuyes de raza Andina, Muscari *et al.* (2004) reportaron 202 g, en cuyes de raza Inti se tuvieron pesos al destete de 245.6 ± 57.4 g y así también para cuyes mejorados Rodríguez *et al.* (2013) y Chauca (1997) y reportaron pesos al destete de 310 g.

Tabla 10. Estructura de datos para peso de nacimiento y destete de cuyes de la línea comercial roja, criados en el centro Agronómico K'ayra - Cusco

Característica	Datos	Media	Rango	Camada	Efectos fijos			
		fenotípica (g)	fenotípico (g)		Sexo	NParto	Meses	Tcam
PN	1,072	145.31	58.80-270	587	2	5	24	4
PD	1,072	277.37	128.13- 528	587	2	5	24	4

Leyenda: PN: pesos de nacimiento, PD: peso de destete, NParto: número de parto, Tcam: Tamaño de camada.

Se mencionó en la parte de metodológica, referida a que los datos recopilados de la población de cuyes del centro agronómico de K'ayra, fueron analizados con dos modelos lineales, se hizo la comparación entre los dos modelos lineales, se observaron diferencias significativas ($p > 0.05$) (ver Anexo 3 y 4), luego de este análisis, se escogió al modelo 2 (considerando efecto de interacciones ambientales) dado que tuvo un mayor coeficiente de determinación ($r^2 = 0.61$). Con este modelo 2, se estimaron los valores de heredabilidad y correlación que se muestran en la Tabla 11.

Tabla 11. Heredabilidades y correlación genética del peso al nacimiento y peso al destete de cuyes de la línea comercial roja, estimada por el método de los mínimos cuadrados

Características	Datos	$h^2 \pm ES$	Correlación genética $\pm ES$
Peso de nacimiento	1,072	0.58 ± 0.12	0.64 ± 0.42
Peso al destete	1,072	0.64 ± 0.13	

Leyenda: h^2 = heredabilidad, ES = error estándar

La heredabilidad para los pesos al nacimiento (PN) fue alta (0.58 ± 0.12) y la heredabilidad peso al destete (PD) fue muy alta (0.64 ± 0.13), así también para la correlación genética (r_g) entre PN y PD se obtuvo un valor estimado muy alto (0.642 ± 0.423).

El valor de heredabilidad para el PN fue similar al reportados por Dillard *et al.* (1972) con cuyes que en su momento se denominó como línea 2 (Arequipa) (0.51 ± 0.26), sin embargo, también en dicha investigación se determinó una heredabilidad de 0.15 ± 0.12 para el mismo carácter en la denominada línea 1 (Cajamarca). Cabe precisar que estas heredabilidades fueron estimadas por el método de mínimo cuadrados usando medio hermanos paternos, considerando los efectos del sexo, padre, madre anidada dentro del padre, regresión parcial del número de gazapos nacidos o destetados y aleatorio (Dillard *et al.*, 1972). Otra investigación efectuada por Quijandria *et al.*, (1983) con el método de mínimo cuadrados permitió obtener una heredabilidad de 0.02 ± 0.04 , la cual fue bastante baja, considerando líneas pesadas y prolíficas de cuyes del INIA (INIPA en ese entonces) para esta evaluación, los autores señalaron haber usado dos modelos aditivos lineales, que incluían factores

como el generación de la línea, el padre, el número de parto, además del sexo y la covariable del número de crías nacidos vivos para caracteres de peso.

Para el caso del peso al destete (PD), la heredabilidad estimada con el método de MC es, es considerada como alta (0.64 ± 0.13), dicha heredabilidad se encontraría dentro de rango de las heredabilidades para el mismo carácter, reportado por Dillard *et al.*, (1972) en las líneas comerciales 1 (0.41 ± 0.15) y 2 (0.75 ± 0.31) de ese entonces y superior a la heredabilidad para PD reportado por Quijandria *et al.*, (1983), usando estos el mismo método.

Por último, en lo que respecta a la correlación genética entre PN y PD, estimada en el presente estudio (0.64 ± 0.23) fue menor a lo reportado por Dillard *et al.*, (1972) (0.90 ± 0.05) el cual, además, tuvo un error estándar bastante menor; pero fue mayor al estimado reportado por Quijandria *et al.*, (1983) quienes obtuvieron un estimado de 0.51, no indicando el error estándar del mismo.

Hay que considerar que las variaciones en los resultados, así como en las precisiones se puedan deber a factores como el modelo lineal empleado (factores incluidos en estos), el número de datos evaluados, además también es sabido que el proceso de selección genética, ocasiona un cambio en las frecuencias alélicas de genes favorables en la población, haciendo estas poblaciones también más homogéneas, lo que también tiene efecto sobre el valor de la heredabilidad, ya que esta al final resulta de dividir la varianza aditiva sobre la varianza fenotípica del carácter (Visscher, *et al.*, 2008), con lo cual el cociente resultante puede modificarse si cambian los datos, tanto del numerador como del denominador.

Por último, no se han encontrado estudios actuales que hagan uso del método de mínimo cuadrados a fin de poder hacer una comparación usando poblaciones de cuyes actuales, ya que en la actualidad el uso de método REML está siendo cada vez más empleado para este fin, además existen también métodos bayesianos, estos métodos actuales se caracterizan por ser más precisos, pero necesitan capacidades de cómputo mayores, que también son más accesibles en la actualidad.

6.3. ESTIMACIÓN DE HEREDABILIDAD Y CORRELACIÓN GENÉTICA CON EL MÉTODO DE MÁXIMA VEROSIMILITUD RESTRINGIDA (REML)

El peso de nacimiento y destete con su respectiva media y rango fenotípico, el efecto aleatorio y los efectos fijos con los niveles respectivamente, se observan en la Tabla 12.

Tabla 12. Estructura de datos para peso de nacimiento y destete de cuyes de línea de comercial roja

Característica	Datos	Media fenotípica	Rango fenotípico	Camada	Efectos fijos			
					Sexo	NParto	Meses	Tcam
PN	1,072	145.31	58.80 - 270	587	2	5	24	4
PD	1,072	277.37	128.13 - 528	587	2	5	24	4

Leyenda: PN: pesos de nacimiento, PD: peso de destete, NParto: número parto, Tcam: Tamaño camada.

Para la estimación con REML se empleó un modelo animal unicaracter para estimar las heredabilidades para el PN y PD que incluyo el sexo, año estación, tamaño de camada, numero de parto y como factores aleatorios el efecto del animal y el efecto materno; y para la correlación genética se empleó un modelo multicaracter que incluía los mismos factores, los resultados se muestran en la siguiente tabla.

Tabla 13. Estimación de heredabilidades y correlación genética del peso al nacimiento y peso al destete de cuyes de la línea roja, usando un modelo animal unicaracter y multicaracter

Características	Datos	h ² ± ES		Correlación genética
		Unicaracter	Multicaracter	
PN	1,072	0.11 ± 0.07	0.10 ± 0.06	0.84 ± 0.24
PD	1072	0.20 ± 0.09	0.24 ± 0.11	

Leyenda: PN: peso de nacimiento, PD: peso de destete h²: heredabilidad, ES: error estándar

La heredabilidad para PN y PD fueron de 0.11 ± 0.07 y 0.20 ± 0.09 respectivamente. Los resultados hallados fueron menores a los reportados por Cedano *et al.*, (2021) para el PN, de la denominada línea paterna (similar a la línea comercial roja del presente estudio y a la raza Perú del INIA) obteniendo valores de 0.21 ± 0.02 y 0.23 ± 0.03 con los métodos bivariado y multivariado y con respecto al PD, la heredabilidad

fue de 0.28 ± 0.03 , siendo también algo mayor al valor estimado para el presente estudio.

Además, los resultados del presente estudio, fueron similares a los valores reportados por Vargas et al., (2015) y Solarte *et al.* (2002) quienes estimaron heredabilidades de 0.17 ± 0.05 y 0.26 ± 0.07 para PN y de 0.12 ± 0.05 y 0.13 ± 0.05 para PD en cuyes de la línea Cieneguilla. Así también para PN y PD Rodríguez (2013) reportó heredabilidades de 0.17 ± 0.05 y 0.26 ± 0.07 en cuyes mismo genotipo (Cieneguilla). La heredabilidad para el peso de nacimiento sería baja mientras tanto para peso de destete sería moderada.

La correlación genética entre el PN y PD que fue estimada con el modelo multicausal usando el método REML, fue alta (0.844 ± 0.242) tal como se mostró en el Tabla 13. El valor mencionado en estos dos rasgos indica un alto grado de asociación entre los genes que actúan aditivamente (Solarte *et al.*, 2002). El cual fue similar reportado por Cedano, (2023) para líneas cárnicas (0.82 ± 0.04), por otro lado, fue más alta a los reportados de otros autores como Solarte *et al.*, (2002); Cruz *et al.*, (2022) y Chauca, (1997) quienes usaron también el método REML. Esta correlación es favorable, en el sentido que animales con mayor peso al nacimiento tendrán mayores pesos al destete, por tanto, seleccionar animales que tengan genéticamente mayor peso al nacimiento también serán más pesado al destete.

La variación que se puede observar en los estimados las heredabilidades de PN y PD, así como el de la correlación entre ambos caracteres, puede deberse al tipo de modelo empleado (inclusión de factores ambientales y factores aleatorios), esto puede tener efecto en la reducción de la variabilidad atribuida a los genotipos de los animales. Otro aspecto es el número de animales incluidos en la evaluación, que como en el caso de los otros métodos evaluados, reduce el error estándar de las estimaciones de los parámetros considerados.

6.4. COMPARACIÓN DE LOS RESULTADOS OBTENIDOS CON LAS TRES METODOLOGÍAS

Para poder hacer una evaluación comparativa entre los tres métodos (regresión = M1; mínimos cuadrados = M2 y modelo animal = M3) se usaron los resultados de la regresión hijas en madres por tener menor estándar y los otros dos métodos antes

indicados. Considerando tanto el valor de la heredabilidad estimada con los tres métodos, como promedio o valor central y los correspondientes errores estándares, se generaron 100 datos aleatorios, usando estos dos parámetros para cada método, mismos que fueron comparados con una prueba de T de dos en dos, los resultados se muestran en la Tabla 14.

Tabla 14. Comparación de las heredabilidades y correlaciones genéticas para el peso al nacimiento y peso al destete de cuyes de la línea comercial roja, usando los tres métodos evaluados

Métodos	Heredabilidad PN		Heredabilidad PD		Correlación genética PN, PD ($r_{g_{PN,PD}}$)	
	h_{PN}^2		h_{PD}^2			
	Valor \pm ES	p-valor	Valor \pm ES	p-valor	Valor \pm ES	p-valor
M1 con M2	0.24 \pm 0.29	0.5006	0.33 \pm 0.31	0.6429	0.77 \pm 0.18	0.8122
	0.59 \pm 0.13		0.64 \pm 0.13		0.64 \pm 0.42	
M1 con M3	0.24 \pm 0.29	0.2089	0.33 \pm 0.30	0.349	0.77 \pm 0.18	0.6131
	0.10 \pm 0.06		0.24 \pm 0.11		0.84 \pm 0.24	
M2 con M3	0.59 \pm 0.13	0.00005	0.64 \pm 0.13	0.00578	0.64 \pm 0.42	0.9304
	0.10 \pm 0.06		0.24 \pm 0.11		0.84 \pm 0.24	

Leyenda: M1 = método regresión de hijas sobre madres ($b_{h,m}$), M2 = métodos los mínimos cuadrados (MC), M3 = método REML con modelo animal, PN = peso al nacimiento, PD = peso al destete, ES = error estándar, p-valor = valor de probabilidad.

Al efectuar la comparación entre las heredabilidades de PN y PD, no se observaron diferencias significativas entre los métodos de regresión de hijas sobre madres (M1) y los mínimos cuadrados (M2) ($p > 0.05$), tampoco se observó diferencia entre las heredabilidades de PN y PD obtenidas con el M1 y el modelo animal (M3) ($p > 0.05$), pero si hubo diferencias en los valores heredabilidad estimados con M2 y M3 ($p < 0.05$).

La comparación efectuada de entre los estimados de correlación genética entre PN y PD obtenidas con los tres tipos de métodos, evidenció que no fueron diferentes ($p > 0.05$). esta situación se debe a que en general los tres métodos de estimación generaron valores con errores estándares relativamente altos, en comparación a otros estudios revisados (Cedano *et al.*, 2021; Vargas *et al.*, 2015, Quijandria *et al.*, 1983). Por ende, es probable que, al hacer una nueva evaluación con un mayor número de

registros y animales, se pudieran obtener resultados con mayor precisión en la población de cuyes que fue evaluada en el presente estudio.

También hay que considerar que el proceso de selección al que es sometida la población de animales, ocasione una variación en la composición genotípica de la población en mención, por tal sentido es coherente tener que hacer nuevas evaluaciones para estimar estos parámetros pasando unas cuantas generaciones.

Cabe señalar que el empleo del método REML con un modelo animal, tiene mejor desempeño que el método de regresiones y mínimos cuadrados en la estimación de las heredabilidades, ya que al usar esta, la relación genealógica poblacional de información de un individuo, además de incluir el efecto de los factores ambientales y los factores aleatorios (como el materno y del propio animal) permiten obtener mayores grados de precisión en los estimados.

Con el método de regresión se mostró mayor variación en los resultados ya que se utilizaron pocos grupos genéticos, al momento de realizar la limpieza de datos fueron reducidos los grupos genéticos. El error estándar alto en la estimación de las heredabilidades y correlación genética, tornaría un resultado poco fiable (Cardellino y Rovira, 1987); esto porque para estimar los componentes de varianza el método de regresiones se necesita un número bastante grande de grupos genéticos, como ya fue anteriormente comentado, si no se tiene una buena información genealógica y se tiene un número limitado de observaciones de animales, no permite alcanzar resultados confiables (Oldenbroek y Van der Waaij, 2014).

Se pensaba que los cuyes al generar un número crías (progenie) relativamente alto, por ser prolíficos, se podría lograr estimados con cierto grado de precisión usando regresiones, algo que también hubiera favorecido al efectuar estimaciones de parámetros genéticos con el método de mínimo cuadros, sin embargo, esto no se dio.

Considerando que se trabajó con la misma estructura poblacional, existe una desventaja en el método de regresión, debido a que se requiere la formación de grupos genéticos empleados para cumplir el criterio de tener grupos de hijos con respecto a padres, madres y progenitores (Villeméruil et al., 2013) y por tanto no se usan animales que no tengan progenie o que tuvieran progenie pero sin información productiva, como también progenitores que no tuvieran datos productivos, esto

ocasiona la pérdida en la posibilidad de usar un mayor número animales para nuevos grupos genéticos y por tanto la pérdida para el estudio mediante este método.

Por otro lado, tampoco se aprovecha con el empleo de la estructura poblacional general usando el método de regresión y el método de mínimos cuadrados, aunque este último se ajusta mejor los datos productivos al considerar factores ambientales que ocasionan variaciones en los PN y PD de los cuyes evaluados; al contrario de esto, el método de REML, sí aprovecha la estructura genealógica poblacional al generar una matriz de parentesco de toda la población usada para mejorar los valores estimación de estos parámetros genéticos.

Una limitante del método REML radicaría en tener que contar con un adecuado programa de colecta de datos para incluir más factores que pudieran generar variaciones fenotípicas, pero la inclusión de más factores usando el método REML puede resultar más complejo al considerar varios efectos aleatorios, pero también, el método REML es flexible en el manejo de datos en varias generaciones (Oldenbroek y Van der Waaij, 2014).

VII. CONCLUSIONES

Bajo las condiciones de la presente investigación se llegaron a las siguientes conclusiones

- Los estimados de heredabilidad y correlación genética con las tres opciones de regresión permitieron obtener resultados que en general fueron similares entre sí, sin embargo, la regresión entre el promedio de hijas y madres tuvo mayor precisión en la estimación de los tres parámetros genéticos, dada la inclusión de un mayor número de grupos genéticos.
- Las heredabilidades para PN y PD calculadas con el método de mínimos cuadrados, fueron relativamente altas (0.58 ± 0.12 y 0.64 ± 0.13) con errores estándares en general más bajos, también se pudo estimar una alta correlación genética (0.64 ± 0.42) pero con baja precisión.
- Las heredabilidades para PN calculadas con el método de máxima verosimilitud restringida (REML), aplicando un modelo animal unicaracter y multicaracter fueron 0.11 ± 0.07 y 0.10 ± 0.06 respectivamente, además las heredabilidades para PD fueron 0.20 ± 0.09 y 0.24 ± 0.11 respectivamente, en tanto que la correlación genética entre ambos caracteres fue de 0.84 ± 0.24 .
- Se determinó que la estimación de heredabilidad para ambos caracteres y la correlación genética con método la máxima verosimilitud restringida fue más preciso y exacto.

VIII. RECOMENDACIONES

- Mantener y fortalecer el proceso de colecta de datos mediante registros productivos y reproductivos en las crías de cuyes, ya que permiten hacer estudios genéticos poblacionales necesarios para los procesos de selección animal.
- Estimar las heredabilidades y correlaciones genética para otros caracteres en las líneas de cuyes existentes en el Centro Agronómico K'ayra y hacer nuevas estimaciones de forma periódica, dada la variación genética poblacional que se puede dar, con el paso de las generaciones.
- Usar el método REML para estimar los parámetros genéticos como heredabilidades y correlaciones genéticas, dado que este método, minimiza los errores de estimación de dichos parámetros.

IX. BIBLIOGRAFÍA

Aliaga, L., Moncayo, R., Rico, E., & Caycedo, A. (2009). *Producción de cuyes*. Universidad Católica Sedes Sapientiae: Lima.

Anderson, R.L.; Bancroft, T.A. (1952). *Statistical Theory in Research*. McGraw-Hill, New York, 358-366

Barrera, A.B. (2010). Evaluación de las características productivas y reproductivas de cuyes negros manejados en jaulas versus pozas. [Tesis para optar título de ingeniero Zootecnista, Escuela Superior Politécnica de Chimborazo]. Repositorio Institucional, Riobamba - Ecuador.

Blasco, A. 2021. *Mejora Genética Animal*. Ed. Síntesis, Madrid, España, 32.

Cabeza, U. (2019). Caracterización morfológica y morfométrica del espermatozoide de cuy (*Cavia porcellus*) colectado por electroeyaculación. [Tesis de Pregrado, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco]. Repositorio Institucional, Cusco.

Cadena, J. A.; Castillo, A. (2000). Una comparación de la estimación de componentes de varianza mediante simulación. *Agrociencia*, 34(3), 343-352.

Cardellino, R.; Rovira, J. (1987). *Mejoramiento genético animal*. Montevideo: Agropecuaria Hemisferio Sur S.R.L.

Cedano C, J. I., Jiménez, R., Huamán, A., Fuerst-Waltl, B., Wurzinger, M., & Gutiérrez, G. (2021). Estimation of genetic parameters for four Peruvian guinea pig lines. *Tropical animal health and production*, 53(1), 34.

Chauca, L. (1997). *Producción de cuyes (Cavia porcellus)*. Instituto Nacional de Investigación Agraria, Lima. Obtenido de <https://www.fao.org/3/W6562s/w6562s00.htm#TopOfPage>

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

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): e22902 doi:10.15381/rivep.v33i3.22902

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

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.

Dulanto, M.; Muscari, J.; Cabrera, P. (1999). Parámetros reproductivos de tres líneas de cuyes. En: Resúmenes XXII Reunión APPA. Huancavelica, Perú.

Falconer, D.S. (1981). *Introduction to Quantitative Genetics*. Edit. Longman. 2da Ed. London.

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

Galán C, J., Jiménez P, E., Cervantes M, C. (2003). Estimación por máxima verosimilitud restringida de componentes de varianza y covarianza de múltiples características bajo los diseños IY II de Carolina del Norte. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 26(1), 53-53.

Galeano Rivera, A.P. (2019). *Mejoramiento Genético Animal*. Sello Editorial. 1ra Ed. UNAD Universidad Nacional Abierta y a Distancia. Bogotá. Colombia.

Gómez, N.; López, C. (2014). Estimación de heredabilidad y correlaciones genéticas en caracteres morfológicos y fisiológicos para una población de *Zamia obliqua* A.Br. (*Zamiaceae*: *Cycadales*). *Actualidades Biológicas*, 36(101): 137-148.

Gutiérrez, J.P. (2010). *Iniciación a la valoración genética animal*. Metodología adaptada al EEES. Madrid: Editorial Complutense, S.A.

Henderson, C.R. (1984). Applications of Linear Models in Animal Breeding. Canada: Guelph.

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

Kempthorne, O.; Tandon, O.B. (1953). The estimation of heritability by regression of offspring on parent. Biometrics, 9(1): 90-100.

Lee, H.S.; Paik, M.C.; Rundek, T.; Sacco, R.L.; Dong, C.; Krischer, J.P.; (2011). Heritability Estimation using Regression Models for Correlation. J Biom Biostat. 2(119):2666. doi: 10.4172/2155-6180.1000119.

León, E. 2004. Métodos de estimación de componentes de varianza en poblaciones, una reseña histórica. Revista computadorizada de producción porcina. 11(1): 23-36.

Lynch, M.; Walsh, B. (1998). Genetics and Analysis of Quantitative Traits. Sinauer Associates.

Marques, O.G. (1995). Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos e avaliação da eficiência da seleção precoce em *Eucalyptus cloeziana* F. Muell. [Tesis para obter Maestria em Agronomia, Universidade Federal de Lavras]. Repositorio Institucional, Lavras.

Meyer, K. (1989). Estimation of Genetic Parameters. Evolution and Animal Breeding, Institute of Animal Genetics, Edinburgh University, West Mains Road, Edinburgh EH9 3JN, Scotland, 159-167.

Montes, T. (2012). Agrobanco, Servicio Financieros para el Perú Rural. Obtenido de Asistencia técnica dirigida en crianza tecnificada de cuyes: <https://www.agrobanco.com.pe/data/uploads/ctecnica/015-a-crianza-tecnificada.pdf>

Mrode, R.A. (2014). Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values. India: Gutenberg Press Ltd, Tarxien, Malta CABI.

i, J.; Chauca, L.; Higaonna, R. (2004). Caracterización de la línea de cuyes Andina. En: Resúmenes XXVII Reunión APPA. Piura, Perú.

Oldenbroek, K.; Van der Waaij, L. (2014). Textbook animal breeding: Animal breeding and genetics for BSc students. Países Bajos: Wageningen University and Research Centre.

Olesen, I.; Groen, A.F.; Gjerde, B. (2000). Definition of animal breeding goals for sustainable production systems. *Journal of Animal Science*, 78(3), 570–582. doi:10.2527/2000.783570x

Pascual, M.; Cruz, D.J.; Blasco, A. (2017). Modeling production functions and economic weights in intensive meat production of guinea pigs. *Trop Anim Health Prod.* 49(7): 1361-1367. doi:10.1007/s11250-017-1334-4

Patterson, H.; Thompson, R. (1971). Recovery of Inter-Block Information when Block Sizes are Unequal. *Biometrika*. 58(3): 545-554. doi:10.2307/2334389

Peruano, D.; Chauca, L.; Moreno, A. (1997). Evaluación de la producción de cuyes hembras (*Cavia porcellus*) en cuatro partos manejadas en empadre continuo. En: Resúmenes XX Reunión APPA. Tingo María, Perú.

Quijandría, S.; Chauca, L.; Robinson, O. (1983). Selection in guinea pigs: I. Estimation of phenotypic and genetic parameters for litter size and body weight. *J. Animal Science*. 56(4): 814-819. doi: 10.2527/jas1983.564814x.

Ramos-Espinoza, Y.; Aguilar-Jara, L.L.; Paucar-Chanca, R. 2023. Parámetros productivos y reproductivos de cuyes (*Cavia porcellus*) de la raza Perú. *Revista Científica FCV-LUZ*. 28: rcfcv-e33206: 1 – 6

Rodríguez, H.; Aliaga, L.; Borja, A.; Véliz, V. (1983). Empadre a 60, 75 y 90 días en cuyes. En: Resúmenes VI Reunión APPA. Lambayeque, Perú.

Rodríguez, H.; Palomino, M.; Hidalgo, V.; Gutiérrez, G. (2013). Efectos de factores fijos y al azar sobre el peso al nacimiento y al destete en cuyes de la costa central del Perú. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 24(1): 16 - 24.

Rosales J.C.; Guevara, V.G.; Perea, G.F.; Ayala, G.L.; Nieto, E.P. (2021). Morfometría de la gónada masculina y espermatozoides de cuyes (*Cavia porcellus*) nativos y

mejorados del sur de Ecuador. Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú, 32(2): e17988. doi:10.15381/rivep.v32i2.17988

Rubio, P.G. (2018). Estimación de parámetros fenotípicos y Genéticos para medidas de carcasa en cuyes (*Cavia porcellus*) del genotipo cieneguilla. [Tesis para optar Grado de Doctor *Doctoris Philosophiae* en Ciencia Animal, Universidad Nacional Agraria La Molina]. Repositorio Institucional, Lima.

Searle S.R. (1971). Linear Models. New York: John Wiley. 423 p

Silva, B.; Gonzalo, A.; Cañon, J. (2006). Genetic parameters of aggressiveness, ferocity and mobility in the fighting bull breed. Animal Research, 55(1): 65 - 70. doi:10.1051/animres:2005046

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.

Thompson, W. (1962). The Problem of Negative Estimates of Variance Components. Ann. Math. Statist. 33(1): 273-289. doi: 10.1214/aoms/1177704731

Van der Werf, J. (2009). Estimation of Genetic Parameters. Australia: The Australian Wool Education Trust licensee for educational activities University of New England.

Vargas, A.; Gutiérrez, G.; Mamani, G. (2015). Una Aplicación del Muestreo de Gibbs en la Estimación de Parámetros Genéticos en Cuyes Utilizando MCMCgImm. Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú, 26(2): 182-188. doi:10.15381/rivep.v26i2.11095

Vásquez, J.L.; Cheng, D.G.; Mantilla, A.A. (2016). Desarrollo del Mercado de Carne de Cuy en Lima Metropolitana. [Tesis de Pregrado, Universidad Peruana de Ciencias Aplicadas]. Repositorio institucional.

Villeméreuil, P.; Giménez, O.; Doligez, B. (2013). Comparing parent – offspring regression with frequentist and bayesian animal models to estimate heritability in wild populations: a simulation study for gaussian and binary traits. Methods in Ecology and Evolution, 4(3): 260-275.

Visscher, P.M.; Hill, W.G.; Wray, N.R. (2008). Heritability in the genomics era—concepts and misconceptions. *Nature Reviews Genetics*, 9(4): 255-266. doi: 10.1038/nrg2322.

Yamada, G., Bazán, V., and Fuentes, N., 2018. Parámetros productivos de cuyes G en la costa central del Perú. *Revista de Investigaciones Veterinarias Del Perú*, 29(3), 877–881.

Zaldívar, M.; Chauca, L.; Quijandría, B.; Poma, Z. (1986). Estudio comparativo de la producción de cuatro líneas de cuyes (*Cavia porcellus*) generación F11. En: Resúmenes IX Reunión APPA. Tingo María, Perú.

Zapata, E.; Palomino, T. (1996). Evaluación del número de crías por parto, peso al nacimiento y peso al destete de cuyes Cuzco. En: Resúmenes XIX Reunión APPA. Cuzco, Perú.

ANEXOS

Anexo 1: Análisis de varianza de modelo 1 y modelo 2 para peso al nacimiento del método de mínimo cuadrado

```
library(readxl)
datos <- read_excel("D:/Users/Usuario/Documents/MIO/TESIS/EDICION/Tesis
2/Datos/REGRESIONES/Datos minimo C/peru_MT.xlsx")
str(datos)
head(datos)
#cambiando a factores
datos$AEST<-as.factor(datos$AEST)
datos$SEXO<-as.factor(datos$SEXO)
datos$TCAM<-as.factor(datos$TCAM)
datos$NPARTO<-as.factor(datos$NPARTO)
datos$N_PADRE<-as.factor(datos$N_PADRE)
#usando un modelo de efecto fijos para calcular los componentes de varianza
#por metodo de minimos cuadrados
#modelo1<-lm(PN ~ N_PADRE + AEST + SEXO + NPARTO + TCAM, data = datos)
modelo2<-lm(PN ~ N_PADRE + (AEST + SEXO + NPARTO + TCAM)^2, data = datos)
#comparacion de modelos
#anova(modelo1,modelo2) # hay diferencias calras entre ambos modelos,
#se debe usar el que tenga mayor rsquare del modelo
#
#ver el rsquare de ambos modelos
#summary(modelo1)
#summary(modelo2)
#anova de los modelos
#anova(modelo1)
anova(modelo2)
#elementos para calcular el valor de K hijos por padre en diseño
desbalanceado
#(diferente numero de hijos por padre)
#
# PRIMERO. Calculando la cantidad de hijos (frecuencia) dentro de padres y
elevarlos al cuadrado
hijos_padre <- table(datos$N_PADRE)
d<-as.data.frame(hijos_padre)
d$square<-d$Freq^2
head(d)
#DETERMINAR LA SUMATORIA DE HIJOS POR PADRE ELEVADOS AL CUADRADO
HPP2<-sum(d$square)
HPP2
# DETERMIANR EL NUMERO TOTAL DE HIJOS de todos los padres
HT<-sum(d$Freq)
HT
# Obtener el número de padres (niveles del factor padre)
Pd <- nlevels(datos$N_PADRE)
#CALCULAR EL VALOR DE K = (1/(Pd-1))*(HT - (HPP2/HT))
K <- (1/(Pd-1))*(HT - (HPP2/HT))
K
#DETERMINAR LOS COMPONENTES DE VARIANZA
VARw <-487 # ESTE ES EL CUADRO MEDIO DE LA VARIANZA RESIDUAL DEL ANOVA
EFECTUADO
VARs <- (1908 - 487)/K # ESTE ES EL CUADRO MEDIO DE LA VARIANZA DE PADRES
MENOS CUADRADO MEDIO DEL RESIUAL SOBRE EL VALOR DE K
VARs
# AHORA SE CALCULA EL DOCEFICIENTE DE CORRELACION INTRA CLASE
t<-VARs/(VARs+VARw)
t
#
```

```
#CALCULANDO LA HEREDABILIDAD, SE DEBE MULTIPLICAR POR 4 EL VALOR t DADO QUE
LA RELACION DE LOS HIJOS DENTRO E PADRES ES DE MEDIO HERMANOS
```

```
H2a<-4*t
```

```
H2a
```

```
#ESTIMADO EL ERORR ESTANDAR DE LA HEREDABILIDAD
```

```
#PRIMERO FORMAR VALORESPARCIALES
```

```
A<-2*((1-t)^2)
```

```
A
```

```
B<-(1+(K-1)*t)^2
```

```
B
```

```
C<-K*(K-1)*(Pd-1)
```

```
C
```

```
#obtencion del error estandar"ES" de la heradabilidad "H2"
```

```
ES<-4*((A*B/C)^0.5)
```

```
ES
```

```
> Anova de los modelos
```

```
> anova(modelo1)
```

```
Analysis of Variance Table
```

```
Response: PN
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
N_PADRE	61	116407	1908	3.3083	5.431e-15	***
AEST	22	127719	5805	10.0644	< 2.2e-16	***
SEXO	1	3120	3120	5.4080	0.020249	*
NPARTO	4	9255	2314	4.0113	0.003113	**
TCAM	2	219052	109526	189.8755	< 2.2e-16	***
Residuals	974	561833	577			

```
---
```

```
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Residual standard error: 24.02 on 974 degrees of freedom
```

```
(7 observations deleted due to missingness)
```

```
Multiple R-squared: 0.4584, Adjusted R-squared: 0.4084
```

```
F-statistic: 9.16 on 90 and 974 DF, p-value: < 2.2e-16
```

```
> anova(modelo2)
```

```
Analysis of Variance Table
```

```
Response: PN
```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
N_PADRE	61	116407	1908	3.9193	< 2.2e-16	***
AEST	22	127719	5805	11.9232	< 2.2e-16	***
SEXO	1	3120	3120	6.4069	0.0115530	*
NPARTO	4	9255	2314	4.7522	0.0008544	***
TCAM	2	219052	109526	224.9446	< 2.2e-16	***
AEST:SEXO	22	9231	420	0.8617	0.6471839	
AEST:NPARTO	76	88085	1159	2.3804	3.080e-09	***
AEST:TCAM	39	57582	1476	3.0324	4.049e-09	***
SEXO:NPARTO	4	1233	308	0.6331	0.6390196	
SEXO:TCAM	2	2	1	0.0016	0.9983585	
NPARTO:TCAM	8	4980	623	1.2785	0.2511364	
Residuals	823	400720	487			

```
---
```

```
Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

```
Residual standard error: 22.07 on 823 degrees of freedom
```

```
(7 observations deleted due to missingness)
```

```
Multiple R-squared: 0.6137, Adjusted R-squared: 0.5006
```

```
F-statistic: 5.426 on 241 and 823 DF, p-value: < 2.2e-16
```

Anexo 2. análisis de varianza de modelo 1 y modelo 2 para el peso al destete de método de mínimos cuadrados.

```
library(readxl)
datos <- read_excel("D:/Users/Usuario/Documents/MIO/TESIS/EDICION/Tesis 2/Datos/REGRESIONES/Datos minimo C/peru_MT.xlsx")
str(datos)
head(datos)
#cambiando a factores
datos$AEST<-as.factor(datos$AEST)
datos$SEXO<-as.factor(datos$SEXO)
datos$TCAM<-as.factor(datos$TCAM)
datos$NPARTO<-as.factor(datos$NPARTO)
datos$N_PADRE<-as.factor(datos$N_PADRE)
#
#modelo1<-lm(PD ~ N_PADRE + AEST + SEXO + NPARTO + TCAM, data = datos)
modelo2<-lm(PD ~ N_PADRE + (AEST + SEXO + NPARTO + TCAM)^2, data = datos)
#comparacion de modelos
#anova(modelo1,modelo2) # hay diferencias calras entre ambos modelos,
#se debe usar el que tenga mayor rsquare del modelo
#ver el rsquare de ambos modelos
#summary(modelo1)
#summary(modelo2)
#anova de los modelos
#anova(modelo1)
anova(modelo2)
#elementos para calcular el valor de K hijos por padre en diseño desbalanceado
#(diferente numero de hijos por padre)
# PRIMERO. Calculando la cantidad de hijos (frecuencia) dentro de padres y elevarlos al cuadrado
hijos_padre <- table(datos$N_PADRE)
d<-as.data.frame(hijos_padre)
d$square<-d$Freq^2
head(d)
#DETERMINAR LA SUMATORIA DE HIJOS POR PADRE ELEVADOS AL CUADRADO
HPP2<-sum(d$square)
HPP2
# DETERMIANR EL NUMERO TOTAL DE HIJOS de todos los padres
HT<-sum(d$Freq)
HT
# Obtener el número de padres (niveles del factor padre)
Pd <- nlevels(datos$N_PADRE)
#CALCULAR EL VALOR DE K = (1/(Pd-1))*(HT - (HPP2/HT))
K <- (1/(Pd-1))*(HT - (HPP2/HT))
K
#DETERMINAR LOS COMPONENTES DE VARIANZA
VARw <-2126 # ESTE ES EL CUADRO MEDIO DE LA VARIANZA RESIDUAL DEL ANOVA EFECTUADO
VARs <- (9065 - 2126)/K
#
# AHORA SE CALCULA EL COEFICIENTE DE CORRELACION INTRA CLASE
t<-VARs/(VARs+VARw)
t
#
#CALCULANDO LA HEREDABILIDAD, SE DEBE MULTIPLICAR POR 4 EL VALOR t DADO QUE LA RELACION DE LOS HIJOS DENTRO E PADRES ES DE MEDIO HERMANOS
H2a<-4*t
H2a
```

```

#TAMBIEN PUEDE SER
H2 <- (4*VARs)/(VARs + VARw)
H2
#ESTIMADO EL ERORR ESTANDAR DE LA HEREDABILIDAD
#PRIMERO FORMAR VALORESPARCIALES
A<-2*((1-t)^2)
A
B<-(1+(K-1)*t)^2
B
C<-K*(K-1)*(Pd-1)
C
#obtencion del error estandar"ES" de la heradabilidad "H2"
ES<-4*((A*B/C)^0.5)
ES
> #anova de los modelos
> anova(modelo1)
Analysis of Variance Table
Response: PD

```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
N_PADRE	61	552973	9065	3.7374	< 2.2e-16	***
AEST	22	670668	30485	12.5686	< 2.2e-16	***
SEXO	1	2068	2068	0.8528	0.356	
NPARTO	4	70837	17709	7.3013	8.563e-06	***
TCAM	2	753547	376773	155.3393	< 2.2e-16	***
Residuals	974	2362424	2425			

```

---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 49.25 on 974 degrees of freedom
(7 observations deleted due to missingness)
Multiple R-squared:  0.4646, Adjusted R-squared:  0.4151
F-statistic: 9.391 on 90 and 974 DF, p-value: < 2.2e-16

> anova(modelo2)
Analysis of Variance Table
Response: PD

```

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
N_PADRE	61	552973	9065	4.2638	< 2.2e-16	***
AEST	22	670668	30485	14.3387	< 2.2e-16	***
SEXO	1	2068	2068	0.9729	0.3242461	
NPARTO	4	70837	17709	8.3296	1.375e-06	***
TCAM	2	753547	376773	177.2171	< 2.2e-16	***
AEST:SEXO	22	38274	1740	0.8183	0.7045903	
AEST:NPARTO	76	352948	4644	2.1844	1.111e-07	***
AEST:TCAM	39	175545	4501	2.1171	0.0001062	***
SEXO:NPARTO	4	6444	1611	0.7577	0.5529868	
SEXO:TCAM	2	1279	640	0.3008	0.7402786	
NPARTO:TCAM	8	38191	4774	2.2454	0.0225008	*
Residuals	823	1749743	2126			

```

---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Residual standard error: 46.11 on 823 degrees of freedom
(7 observations deleted due to missingness)
Multiple R-squared:  0.6035, Adjusted R-squared:  0.4873
F-statistic: 5.197 on 241 and 823 DF, p-value: < 2.2e-16

```

Anexo 3. Comparación de modelo 1 y modelo 2 para peso al nacimiento de método de mínimos cuadrados.

```
> #comparacion de modelos
> anova(modelo1,modelo2)
Analysis of Variance Table

Model 1: PN ~ N_PADRE + AEST + SEXO + NPARTO + TCAM
Model 2: PN ~ N_PADRE + (AEST + SEXO + NPARTO + TCAM)^2
  Res.Df    RSS   Df Sum of Sq      F    Pr(>F)
1     974 561833
2     823 400720 151    161113 2.1913 3.654e-12 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> #se debe usar el que tenga mayor rsquare del modelo
```

Anexo 4. Comparación de modelo 1 y modelo 2 para peso al destete de método de mínimo cuadrado.

```
> anova(modelo1,modelo2) # hay diferencias calras entre ambos modelos,
Analysis of Variance Table

Model 1: PD ~ N_PADRE + AEST + SEXO + NPARTO + TCAM
Model 2: PD ~ N_PADRE + (AEST + SEXO + NPARTO + TCAM)^2
  Res.Df    RSS   Df Sum of Sq      F    Pr(>F)
1     974 2362424
2     823 1749743 151    612681 1.9085 1.275e-08 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
> #se debe usar el que tenga mayor rsquare del modelo
```

Anexo 5. Modelo de datos usado en software VCE

Co_madr	MADRE_FID	RECO_ID	ID	F_NAC	POZA_NAN	MADRI	MES	AÑO	AEST	AEST_REC	SEXO	SEXO_REC	T_CAM	N_PARTO	P_NAC	P_2SEM	
1	62	230	21102	44378	G1_14	13B		7	2021	2021_7	1	M	1	4	4	108	220
1	62	231	21103	44378	G1_14	13B		7	2021	2021_7	1	F	2	4	4	150	281
1	62	232	21104	44378	G1_14	13B		7	2021	2021_7	1	F	2	4	4	140	245
2	67	233	2116	44383	G1_6	14A		7	2021	2021_7	1	M	1	3	5	122	221.75
3	50	234	2119	44383	G1_8	02A		7	2021	2021_7	1	F	2	2	5	164	310.125
3	50	235	21110	44383	G1_8	02A		7	2021	2021_7	1	F	2	2	5	151	290.125
4	201	236	21111	44383	G1_12	B59		7	2021	2021_7	1	M	1	3	3	154	276.5
4	201	237	21112	44383	G1_12	B59		7	2021	2021_7	1	M	1	3	3	112	218.75
4	201	238	21113	44383	G1_12	B59		7	2021	2021_7	1	M	1	3	3	138	298.125
5	57	240	21115	44383	G1_14	105B		7	2021	2021_7	1	M	1	3	3	129	297
6	54	241	MRL601	44381	G1_4	07B		7	2021	2021_7	1	M	1	3	4	171	202.8889
6	54	242	21116	44381	G1_4	07B		7	2021	2021_7	1	M	1	3	4	194	267.1111
6	54	243	21117	44381	G1_4	07B		7	2021	2021_7	1	M	1	3	4	180	376
7	83	244	21118	44383	G2_2	17C		7	2021	2021_7	1	M	1	3	1	136	284.75
7	83	245	21119	44383	G2_2	17C		7	2021	2021_7	1	M	1	3	1	137	298
7	83	246	21122	44383	G2_2	17C		7	2021	2021_7	1	F	2	3	1	145	313
8	170	247	21121	44381	G2_2	43C		7	2021	2021_7	1	F	2	2	1	173	335.5556
8	170	248	21120	44381	G2_2	43C		7	2021	2021_7	1	F	2	2	1	179	347
9	61	249	21123	44383	G2_2	12C		7	2021	2021_7	1	M	1	2	1	175	304.5
9	61	250	21124	44383	G2_2	12C		7	2021	2021_7	1	M	1	2	1	181	310.5
10	162	251	21128	44384	G1_13	367B		7	2021	2021_7	1	F	2	3	5	117	226.2
10	162	252	21129	44384	G1_13	367B		7	2021	2021_7	1	M	1	3	5	169	305.2667
10	162	253	21130	44384	G1_13	367B		7	2021	2021_7	1	F	2	3	5	139	285.5333
11	70	254	21138	44384	G2_10	153B		7	2021	2021_7	1	F	2	1	1	182	371.4667
12	199	256	21140	44385	G1_8	B56		7	2021	2021_7	1	M	1	3	1	159	335
12	199	257	21141	44385	G1_8	B56		7	2021	2021_7	1	F	2	3	1	139	297
13	59	258	21142	44385	G1_9	107B		7	2021	2021_7	1	M	1	3	2	125	223.9333
13	59	259	21143	44385	G1_9	107B		7	2021	2021_7	1	F	2	3	2	132	246.8
14	163	260	21144	44385	G1_9	368B		7	2021	2021_7	1	M	1	3	4	104	205.7333
14	163	261	21145	44385	G1_9	368B		7	2021	2021_7	1	M	1	3	4	136	249.8667
14	163	262	21146	44385	G1_9	368B		7	2021	2021_7	1	F	2	3	4	128	250.2667
16	176	269	21162	44386	G2_1	61A		7	2021	2021_7	1	M	1	2	1	170	315
16	176	270	21163	44386	G2_1	61A		7	2021	2021_7	1	M	1	2	1	174	309
17	63	271	21164	44386	G2_2	13C		7	2021	2021_7	1	M	1	2	1	190	213
17	63	272	21165	44386	G2_2	13C		7	2021	2021_7	1	M	1	2	1	183	309
18	156	273	21169	44387	G1_15	25B		7	2021	2021_7	1	M	1	2	2	169	354.5
18	156	274	21170	44387	G1_15	25B		7	2021	2021_7	1	M	1	2	2	156	336.25
19	159	275	21171	44387	G2_1	32A		7	2021	2021_7	1	F	2	1	1	180	257.875
20	173	276	21174	44389	G1_27	55A		7	2021	2021_7	1	M	1	2	2	182	348
20	173	277	21175	44389	G1_27	55A		7	2021	2021_7	1	M	1	2	2	201	367
21	154	278	21176	44389	G1_27	23A		7	2021	2021_7	1	M	1	3	3	159	303
21	154	279	21177	44389	G1_27	23A		7	2021	2021_7	1	F	2	3	3	178	326
21	154	280	21178	44389	G1_27	23A		7	2021	2021_7	1	F	2	3	3	188	297
22	53	281	21183	44389	G2_8	05A		7	2021	2021_7	1	F	2	1	4	176	521
23	185	283	21185	44390	G1_6	74B		7	2021	2021_7	1	F	2	3	5	146	270
23	185	284	21186	44390	G1_6	74B		7	2021	2021_7	1	F	2	3	5	147	271
24	55	285	21187	44390	G1_8	08A		7	2021	2021_7	1	F	2	1	2	196	364
25	193	286	21188	44391	G2_8	89A		7	2021	2021_7	1	F	2	4	2	148	220.1538
25	193	287	21189	44391	G2_8	89A		7	2021	2021_7	1	F	2	4	2	127	207.7692
25	193	288	21190	44391	G2_8	89A		7	2021	2021_7	1	F	2	4	2	135	200.6923
25	193	289	21191	44391	G2_8	89A		7	2021	2021_7	1	F	2	4	2	116	180.6154
26	197	290	21192	44392	G1_8	95B		7	2021	2021_7	1	M	1	2	2	175	327
26	197	291	21193	44392	G1_8	95B		7	2021	2021_7	1	F	2	2	2	156	271
27	157	292	21194	44392	G1_25	29A		7	2021	2021_7	1	M	1	3	5	122	255
27	157	293	21195	44392	G1_25	29A		7	2021	2021_7	1	M	1	3	5	155	306
27	157	294	21196	44392	G1_25	29A		7	2021	2021_7	1	F	2	3	5	140	295
28	189	295	21109	44393	G4_1	81A		7	2021	2021_7	1	F	2	4	5	132	270
28	189	296	21110	44393	G4_1	81A		7	2021	2021_7	1	M	1	4	5	113	229
28	189	297	21111	44393	G4_1	81A		7	2021	2021_7	1	M	1	4	5	105	227

Anexo 6. Salida de datos de software VCE correspondiente al análisis usando de modelo animal para el peso al nacimiento (PN)

```

*****
*           C O E F F I C I E N T M A T R I X   I N F O R M A T I O N           *
*****
Setting up mixed model equations

-----
Machine precision (tolerance)      : 0.222045E-15
Warning theshold on inv. (A-1A)-I : 0.100000E-06
Traits transformed. See option     : all
Number of equations                :          3709
Rank of the system                 :          3709
Equations set to zero              :
    sexo                           :          2
    aest                            :         10
    nparto                          :          3
    tcam                            :          3
    mateg                           : 1331133213331334133513361337133813391340134113421343
:1344134513471348134913501351135313541355135613571359
:1360136113621363136413651366136713681369137013711372
: 137313741375137613771378
# of nonzero coefficients (HS)     :          15573
Fill of coefficient matrix         :          0.113
# of NZE in factor                :          18989
Total storage required             :          126960
Total storage defined (total)     :          4000000
CPU-time for solving (per rnd)    :          0:00:00
CPU-time for inverting (per rnd)  :          0:00:00
MFLOPs during factorization       :          4711.00

*****
*           E S T I M A T E S   I N F O R M A T I O N           *
*****

Tue Nov 28 09:32:54 2023                      CPU time used:      0:00:00

AG Log likelihood :      1240.6335  status : 1  at iteration:      23 / 23

----- Matrices: NATURAL -----
Type: A Level: 1 animal                      No.:      1708 Pattern: T
      60.9215
Type: R Level: 1 camada                      No.:      587 Pattern: T
      191.003
Type: R Level: 1 mateg                      No.:     1379 Pattern: T
      101.660
Type: E Level: 1 residual                    No.:     1072 Pattern: T
      205.299
----- Matrices: Phenotypic -----
      558.883

----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg                      No.:
      0.18190
Type: R Level: 1 camada                      No.:
      0.34176
Type: A Level: 1 animal                      No.:
      0.10901
Type: E Level: 1 residual                    No.:
      0.36734

----- Matrices: STD_ERR of components -----
Type: A Level: 1 animal                      No.:
      41.1835
Type: R Level: 1 camada                      No.:
      28.5796
Type: R Level: 1 mateg                      No.:
      23.8258
Type: E Level: 1 residual                    No.:
      25.7012

```

```
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
      0.039549
Type: R Level: 1 camada
      0.043346
Type: A Level: 1 animal
      0.072291

Type: E Level: 1 residual
      0.054197
```

```
----- Matrices: Phenotypic correlations -----
```

```
----- VCE 6.0.2 -----
28.11.2023 09:32:54 peru_PN.txt page 5
```

```
*****
* Optimization finished with status : 1 *
*****
Terminated with gradient small, components are probably optimal.
*****
* Thank you, for choosing VCE! *
*****
```

Anexo 7. Salida de datos de software VCE correspondiente al análisis usando de modelo animal para el peso al destete (PD)

```

*****
*           C O E F F I C I E N T   M A T R I X   I N F O R M A T I O N           *
*****

Setting up mixed model equations

-----

Machine precision (tolerance)      : 0.222045E-15
Warning theshold on inv. (A-1A)-I : 0.100000E-06
Traits transformed. See option     : all
Number of equations                :          3709
Rank of the system                 :          3709
Equations set to zero
  sexo                             :           2
  aest                             :          10
  nparto                           :           3
  tcam                             :           3
  mateg                            : 1331133213331334133513361337133813391340134113421343
                                   : 1344134513471348134913501351135313541355135613571359
                                   : 1360136113621363136413651366136713681369137013711372
                                   : 137313741375137613771378
# of nonzero coefficients (HS)     :          15573
Fill of coefficient matrix         :           0.113
# of NZE in factor                 :          18989
Total storage required             :          126960
Total storage defined (total)     :          4000000
CPU-time for solving (per rnd)    :           0:00:00
CPU-time for inverting (per rnd)  :           0:00:00
MFLOPs during factorization       :          4711.00

*****
*           E S T I M A T E S   I N F O R M A T I O N           *
*****

Tue Nov 28 09:50:24 2023                      CPU time used:      0:00:00

AG Log likelihood :      1191.9294  status : 1  at iteration:      24 / 24

----- Matrices: NATURAL -----
Type: A Level: 1 animal                      No.:      1708 Pattern: T
      457.594
Type: R Level: 1 camada                      No.:      587 Pattern: T
      854.612
Type: R Level: 1 mateg                      No.:     1379 Pattern: T
      175.070
Type: E Level: 1 residual                   No.:     1072 Pattern: T
      765.987

----- Matrices: Phenotypic -----
      2253.26

----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
      0.077696
Type: R Level: 1 camada
      0.37928
Type: A Level: 1 animal
      0.20308
Type: E Level: 1 residual
      0.33995

----- Matrices: STD_ERR of components -----
Type: A Level: 1 animal
      228.255
Type: R Level: 1 camada
      116.309
Type: R Level: 1 mateg

```

83.5544
Type: E Level: 1 residual
121.724

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

Type: R Level: 1 mateg
0.036982
Type: R Level: 1 camada
0.043300
Type: A Level: 1 animal
0.096782
Type: E Level: 1 residual
0.063432

----- Matrices: Phenotypic correlations -----

----- VCE 6.0.2 -----

28.11.2023 09:50:24 peru_PD.txt page 5

* Optimization finished with status : 1 *

Terminated with gradient small, components are probably optimal.

* Thank you, for choosing VCE! *

Anexo 8. Salida de datos de software VCE correspondiente al análisis multivariado de modelo animal para el peso al nacimiento modelo multivariado

```

*****
*           C O E F F I C I E N T M A T R I X I N F O R M A T I O N           *
*****
Setting up mixed model equations
-----
Machine precision (tolerance)      : 0.222045E-15
Warning theshold on inv. (A-1A)-I : 0.100000E-06
Traits transformed. See option     : all all
Covariates transformed. See options: avg
Number of equations                :      7419
Rank of the system                 :      7419
Equations set to zero              :
    sexo                           :      4
    aest                            :     19 20 23
    tcam                            :      3  4
    nparto                          :      3  4
    mateg                           : 2661266226632664266526662667266826692670267126722673
: 2674267526762677267826792680268126822683268426852686
: 2687268826892690269326942695269626972698269927002701
: 2702270527062707270827092710271127122713271427172718
: 2719272027212722272327242725272627272728272927302731
: 2732273327342735273627372738273927402741274227432744
: 274527462747274827492750275127522753275427552756
    pn                              :      1
# of nonzero coefficients (HS)     :      61439
Fill of coefficient matrix         :      0.112
# of NZE in factor                 :      84143
Total storage required             :      460758
Total storage defined (total)     :      4000000
CPU-time for solving (per rnd)    :      0:00:00
CPU-time for inverting (per rnd)  :      0:00:02
MFLOPs during factorization       :      4711.00
*****
*           E S T I M A T E S I N F O R M A T I O N           *
*****
Tue Nov 28 09:51:40 2023          CPU time used:      0:00:02
AG Log likelihood :      2006.5324 status : 1 at iteration: 44 / 44
----- Matrices: NATURAL -----
Type: A Level: 1 animal          No.:      1708 Pattern: T T
    57.705      149.389
    542.284
Type: R Level: 1 camada          No.:      587 Pattern: T T
    191.565      248.745
    831.967
Type: R Level: 1 mateg          No.:      1379 Pattern: T T
    102.298      129.700
    169.946
Type: E Level: 1 residual        No.:      1072 Pattern: T T
    207.356      162.786
    729.265
----- Matrices: Phenotypic -----
    558.92      690.62
    2273.46
----- Matrices: RATIOS -----
Type: R Level: 1 mateg
    0.18303      0.98368
    0.07475
Type: R Level: 1 camada
    0.34274      0.62308
    0.36595
Type: A Level: 1 animal
    0.10324      0.84450
    0.23853
Type: E Level: 1 residual

```

```

0.37099      0.41862
              0.32077
----- Matrices: STD_ERR of components -----
Type: A Level: 1 animal
              36.801      87.565
                      253.841
Type: R Level: 1 camada
              27.180      41.687
                      112.885
Type: R Level: 1 mateg
              21.7223     33.5486
                      78.2913
Type: E Level: 1 residual
              24.023     47.458
                      130.239
----- Matrices: STD_ERR of ratios -----
Type: R Level: 1 mateg
              0.03648     0.12823
                      0.03501
Type: R Level: 1 camada
              0.041089    0.068085
                      0.042939
Type: A Level: 1 animal
              0.06434     0.24206
                      0.10522
Type: E Level: 1 residual
              0.050777    0.081361
                      0.066833
----- Matrices: Phenotypic correlations -----
              ---      0.61266
----- VCE 6.0.2 -----
28.11.2023  09:51:40      peru_MT.txt      page 5
*****
*              Optimization finished with status : 1              *
*****
Terminated with gradient small, components are probably optimal.
*****
*              Thank you, for choosing VCE!              *
*****

```